



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Studies on ecology and population genetics of <i>Microdochium nivale</i> and <i>M. majus</i> , causal agents of <i>Fusarium</i> head blight on wheat [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	林, 優作
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	甲第12254号
Issue Date	2016-03-24
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/61919
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Yusaku_Hayashi_review.pdf, 審査の要旨



学 位 論 文 審 査 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士（農学）

氏 名 林 優 作

審査担当者 主 査 教 授

近 藤 則 夫

副 査 特任教授

増 田 清

副 査 講 師

秋 野 聖 之

学 位 論 文 題 名

Studies on ecology and population genetics of *Microdochium nivale* and *M. majus*, causal agents of Fusarium head blight on wheat

（コムギ赤かび病菌 *Microdochium nivale* と *M. majus* の生態学および集団遺伝学的研究）

本論文は図 20、表 26 を含む 7 章、156 頁からなり、別に参考論文 2 編が添えられている。

コムギ赤かび病は穂に発生する病害であり、多発により収量の低下や穀粒の品質低下を引き起こす。本病には複数種の病原菌が関与するが、そのひとつ *Microdochium* 属菌は、融雪直後に紅色雪腐病を引き起こすほか、止め葉や葉鞘を腐敗させる葉枯症の原因菌でもある。

本研究は、遺伝的相違から別種に分類される *M. nivale* および *M. majus* の北海道のコムギ栽培地域における生態、遺伝的集団構造さらに生殖様式の特性を明らかにすることを目的に行われた。その詳細は、次のようにまとめられる。

1. 孢子トラップ用選択培地の開発

一次感染源である子のう孢子を捕捉するための LATTs 培地が開発され、生育形態より *Microdochium* 属菌 2 種の子のう孢子の識別が可能となった。圃場での孢子密度モニタリングの結果、赤かび病の重要病原菌、*Fusarium graminearum* と比べ孢子飛散の時期は早くから認められ、さらに飛散量も多いことが明らかになった。

2. 遺伝的集団構造の解析

北海道の 7 地域 36 市町村 66 圃場から採集した赤かび罹病粒、紅色雪腐罹病葉あるいは孢子トラップにより分離した計 361 株の内訳は、*M. majus* が 344 株（95.3%）および *M. nivale* が 17 株（4.7%）であり、北海道で発生する赤かび病および紅色雪腐病の主な原因菌として *M. majus* が優占することを明らかにした。

さらに、2011 年の北海道 5 地域 24 市町村 26 圃場から採集した赤かび罹病粒由来の 165 株の *M. majus* の単純反復配列間（ISSR）マーカーを用いた集団構造解析の結果、遺伝子多様度が極めて低かったことから、*M. majus* の高い遺伝的均一性が認められた。また、遺伝子分化係数および分子分散分析により、全遺伝的変異の大部分が集団内変異に起因していたことから、地域間での遺伝的分化は起こっていないことが示唆された。この結果は、遺伝子多様度に基づき算出した遺伝子流動によっても支持され、地域間での遺伝的な交流が起こったものと考えられた。

3. QoI 剤耐性菌の系統解析

農薬の一種 QoI 剤に対する *Microdochium* 属菌の耐性は、大部分が薬剤標的的部位となるミトコンドリア DNA のシトクロム b（CYTB）領域に生じるアミノ酸変異に起因することが示された。十勝および網走地方から分離した 84 株（2011 年分離株 60 株、2013 年分離株 12 株、1991 年分離株 12 株、QoI 感受性菌 39 株、耐性菌 45 株）の CYTB 塩基配列および ISSR 多型解析から、QoI 剤耐性菌は、

両地域でそれぞれ同時期に独立して出現したものと考えられた。また、菌糸生育、孢子発芽、孢子形成量について耐性株と感受性株間で有意な差が認められなかったことから、QoI 剤耐性菌は適応コストを持たないことが示唆された。さらに、QoI 剤を含まない培地で5回の継代培養（1回あたり7日間培養）を行った後でも、継代培養以前と同等の耐性を示した。以上より、本菌におけるQoI 剤耐性菌は本薬剤の使用を中断した場合においても同等の耐性を維持すると考察した。

4. 有性生殖様式

*M. majus*では18株中12株、*M. nivale*では16株中5株が単独で子のう殻を形成した（ホモタリック株）。一方、ヘテロタリック株をそれぞれの種内間で対峙培養すると、*M. majus*では93.3%、*M. nivale*では23.6%の組合せで子のう殻を形成したことから、単独あるいは対峙培養のいずれの条件でも、*M. majus*において有性生殖の機会が多いと考えられた。また、対峙培養の組合せの菌株は、それぞれ交配型遺伝子*MAT1-2-1*のみを保持するにも拘らず子のう殻の形成が見られたことから、いわゆる“unbalanced heterothallism”とされる例外的な有性生殖様式を有する可能性が示唆された。さらに、2菌種のヘテロタリック株の対峙培養により、87.9%の組合せで子のう殻を形成したことから、種間交雑を示唆するものとされた。しかし、2菌種の間で得られた子のう殻の中には、子のう孢子あるいはその後の発芽が見られないものが多く観察されたことから、自然界において種間交雑後代の生存頻度は低いものと考察した。

以上より、コムギ赤かび病の原因糸状菌 *Microdochium* 属菌2種の生態、遺伝的集団構造および有性生殖に関する知見は、病原糸状菌の農業生態系における適応進化の理解に寄与し、赤かび病の効果的な防除体系の構築に利用できる成果であり、これらは学術上および応用上高く評価できる。よって審査員一同は、林 優作が博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認めた。