

学位論文審査の結果の要旨

氏名	折原 貴道
審査委員	<p>主査 前川二太郎 (印)</p> <p>副査 荒瀬 榮 (印)</p> <p>副査 中桐 昭 (印)</p> <p>副査 伊藤 真一 (印)</p> <p>副査 霜村 典宏 (印)</p>
題目	Systematics of the <i>Leccinum</i> -related sequestrate fungi (<i>Boletaceae</i> , <i>Boletales</i>) with emphasis on Japanese taxa (日本産分類群を主とする、ヤマイグチ属(イグチ目イグチ科)に近縁なシクエストレート菌の系統分類)
<p>審査結果の要旨 (2,000字以内)</p> <p>シクエストレート菌(sequestrate fungi)は、菌類のうち、子実層が外皮に部分的もしくは完全に被われた大型の子実体を形成する菌群であり、樹木と菌根共生を行ない、樹木の生育および森林生態系の維持に重要な役割を果たしている菌群である。本菌群は子囊菌門、担子菌門を問わず様々な系統で見られことから、収斂的進化に起因していると推察されている。すなわち、菌類の普遍的な形態の一つと考えられ、菌類の形態進化を考える上で重要なグループである。日本におけるシクエストレート菌の報告はごく散発的であり、多様性の実態等はまだ明らかになっていない。</p> <p>本論文は、イグチ科の<i>Leccinum</i>(ヤマイグチ属)および<i>Leccinellum</i>属に近縁とされるシクエストレート菌の2属(<i>Octaviania</i> および<i>Chamonixia</i> 属)に着目し、特に日本産の分類群に重点を置き、それらの分子系統、分類、生物地理および進化に関する研究をとおして、日本における当該シクエストレート菌の多様性を明らかにした研究である。</p> <p>日本産<i>Octaviania</i>属菌の系統分類学的再検討</p> <p>日本産<i>Octaviania</i>属菌はこれまで3種が知られていたが、そのうち<i>O. columellifera</i>(日本固有種)と<i>O. asterosperma sensu Yoshimi & Doi</i>は形態的識別点が不明確であり、長らく混同されてきた。本研究では、分子系統解析および比較形態学的検討を行い、<i>O. asterosperma sensu Yoshimi & Doi</i>が真の<i>O. asterosperma</i>ではなく、<i>O. columellifera</i>の誤同定であったと結論づけた。同時に、<i>O. columellifera</i>のレクタイプ指定を行った。さらに、分子系統解析の結果、本種はイグチ科内において、<i>Xerocomus chrysenteron species complex</i>とごく近縁であることを明らかし、本種に対して新属<i>Heliogaster</i>および新組み合わせ<i>H. columellifer</i>(Kobayasi) Orihara & Iwaseを提案した。さらに、核rDNA LSU および翻訳伸長因子<i>EF-1α</i>遺伝子を用いた系統解析の結果、日本産標本は12の種レベルの系統に分かれ、それらは形態的にいずれの既知種にも合致しなかった。そのうちの4系統は形態的・生態的に識別が極めて困難であったが、LSUと<i>EF-1α</i>の結合データセット系統樹とITS領域データセットの系統ネットワーク解析のいずれにおいても、各系統の単系統性は強く支持された。これらの結果に基づき、2新亜属の設立し、日本産11新種を新たに記載した。また、北米産<i>O. nigrescens sensu Singer & A.H. Smith</i>に対して置換名<i>O. zelleri</i>を提案した。</p>	

Chamonixia属、Rossbeevera 属および近縁分類群の分子系統解析

アジアおよびオーストラレーシアの地域に産する本属菌は、タイプ種を含む欧米の種と担子孢子や子実体の形態が異なり、系統学的な検討が期待されていた。核rDNA ITSおよびLSUデータセットを用いた系統解析の結果、これらは欧米産*Chamonixia* spp.と同様に*Leccinum*, *Leccinellum* および*Octaviania* と近縁であったものの、後者とは単系統クレードを形成せず、新規の系統群であることが明らかになった。そこで、当該地域産の種に対して新属*Rossbeevera*、日本産2新種および1新組み合わせを発表した。さらに、*Rossbeevera* 属および近縁分類群の多数の標本および5つのDNA領域を用いた分子系統解析と形態学的検討を行った結果、新たに日本産・中国産標本からなる3系統の*Rossbeevera* 属菌の発見および本属の姉妹系統の存在が明らかになった。姉妹系統の菌は担子孢子等の形態において前者と明確に異なり、これらは祖先形質推定によっても支持された。このことから、本系統に対し新属*Turmalinea*と日本産3新種1新亜種を提案した。新たに確認された*Rossbeevera* 属菌3系統についてもそれぞれ新種記載を行った。

シクエストレート菌類(ヤマイグチ類クレード)の包括的系統解析

核およびミトコンドリア6領域のマルチジーン・データセットに基づく、*Leccinum*, *Leccinum* およびこれらに近縁なシクエストレート菌からなるクレードの包括的な系統解析を行うとともに、形態的に極めて多様であるこれらの菌を関連付ける特徴として、ヤマイグチ類クレード内の複数のグループにおいて確認されたITS領域内のミニサテライト様挿入配列に着目し、比較検討を行った。その結果、挿入配列の存在位置は属または亜属によって多様であったにもかかわらず、繰り返し配列の中に共通配列が存在していた。このことから、これらの挿入配列は共通の起源を有しており、クレード内の種多様化の過程において5.8S領域を挟んで転移したトランスポゾンに由来するものであると考えられ、これらの多様化がヤマイグチ類クレードの系統分化に影響を与えているものと推察した。

これらの一連の研究によって、新たに3新属、2新亜属、19新種、1新亜種、2新組み合わせおよび1新置換名が提案されるとともに、東アジアにおけるヤマイグチ属に近縁なシクエストレート菌の分子系統を基盤とした多面的な評価基準に基づく分類体系が構築されたことは高く評価できる。併せて、シクエストレート菌の著しい多様性と特異的な進化が示されたことは今後のシクエストレート菌を含むイグチ類の分類学的研究の進展に大いに寄与するものである。よって、本論文は学位論文として十分な価値を有すると判定した。