

(様式第3号)

学 位 論 文 要 旨

氏名: 吉村 侑子

題目: ナシ園におけるアーバスキュラー菌根菌の群集構造と活用に関する研究

(Study on the community structure and utilization of arbuscular mycorrhizal fungi in pear orchard)

果樹園では毎年繰り返される施肥のため土壤中に過度のリン酸蓄積がみられることが多い。作物を含む陸上植物の多くはアーバスキュラー菌根 (AM) 菌と共生し、リン吸収の促進などの様々な効果を得ているが、リン酸が蓄積した土壌条件下では AM の形成が抑制されることが知られている。そこで本研究では、AM 菌共生の観点を取り入れた果樹栽培法について検討することを目的として、鳥取県のナシ (*Pyrus pyrifolia* var. *culta*) 園を対象として、AM 菌共生に関する調査を行った。

まず、鳥取県内における 13 ヶ所のナシ園を対象として、施肥が AM 菌に及ぼす影響について調査した。土壌分析の結果、土壌サンプル中の可給態リンは $75.7-1,200 \text{ mg P kg}^{-1}$ であり、多くの土壌サンプルにおいて過剰な可給態リンが蓄積していることが明らかとなった。また、ナシ細根における AM 形成率は、土壌可給態リンの増加に伴い有意に減少した ($P < 0.01$)。細根内 AM 菌の系統解析は AM 菌特異的プライマーにより増幅した部分塩基配列 (SSU rDNA) に基づいて実施した。この結果、得られた AM 菌塩基配列は 14 の系統タイプに区分された。相関分析の結果、土壌可給態リンと検出された土壌可給態リンの間にも有意な負の相関がみられ ($P < 0.05$)、土壌可給態リンの増加に伴いナシ細根における AM 菌の多様性も低下することが明らかとなった。また、土壌可給態リンが過剰に蓄積した環境では特定の AM 菌系統タイプが優占することも示された。さらに、多変量解析により、土壌の化学的特性およびナシ葉内リン含量と AM 菌群集との関係を調査した結果、多くの AM 菌群集は土壌可給態リンの低い環境を好んで分布すること、および土壌可給態リン等の土壌化学的特性が AM 菌の分布に有意に影響を与えることが明らかとなった。以上の結果から、ナシと共生している AM 菌は施肥によりナシ園土壌中に過剰に蓄積した可給態リンによる影響を受けていることが示唆された。過度の施肥を伴う農業は、AM 菌のもつ宿主植物の生長促進効果を低下させる可能性が示唆されており、今後、果樹園において AM 菌との共生効果を有効活用するためには、AM 菌との共生を考慮した適切な施肥量の検討を行う必要があると考えられた。

次に鳥取県内 3 ヶ所のナシ園を調査地として、ナシおよび果樹園に広く分布する樹下草本植物の一種であるオオバコ (*Plantago asiatica*) を対象とした AM 菌の群集構造解析を実施し、ナシと草本植物による AM 菌群集の共有性について調査を行った。系統解析の結果、両宿主植物における AM 菌は 23 の系統タイプに区分された。これらのうち、12 の系統タイプは両宿主植物種に由来する AM 菌塩基配列を含んでおり、その数は得られた総塩基配列数の 85% (689/811) を占めていた。多変量解析により、環境要因 (土壌の化学的特性と調査地) および宿主植物種と AM 菌群集との関係を調査した結果、宿主植物が AM 菌の分布に与える影響は環境要因による影響より小さいことが明らかとなった。また、同一土壌コアサンプルから得られた 12 組のナシおよびオオバコにおける AM 菌群集の重複について調べ

たところ、実測データによる平均値 (27.1%) はプログラムのランダムモデルによる平均値 (14.2%) よりも有意に高いことが示された。さらに、上記 12 組のうち 8 組 (66.7%) において、他方の宿主植物の AM 菌と 100% の塩基配列相同性を示す AM 菌が検出された。以上の結果より、ナシとオオバコは AM 菌群集を共有していることが明らかとなり、ナシと周辺草本植物が AM 菌によるネットワークを介して相互につながっていること、およびオオバコが新生したナシ細根への AM 菌供給源となりうる可能性が示唆された。

さらに、ナシ園で採取した土壌サンプルから AM 菌の菌株を作出し、ナシ栽培において台木として使用されるマメナシ (*Pyrus calleryana* Decne.) に接種して栽培試験を行ったところ、AM 菌接種個体の生育は非接種個体よりも促進され、マメナシ実生苗の栽培における AM 菌の有用性が示唆された。また、栽培試験に供試した AM 菌の胞子を用いて分子生物学的手法による系統解析を実施した結果、得られた菌株は *Funneliformis mosseae* であることが明らかとなった。

近年、限りあるリン資源の枯渇対策として、作物栽培におけるリン酸施肥の削減および作物によるリン酸利用効率を向上させる農業技術の開発が求められている。本研究における成果は、鳥取県の主要な園芸作物の一つであるナシの栽培において AM 菌を活用するための技術確立に貢献することが期待される。