

学位論文審査の結果の要旨

Summary of Doctoral Dissertation Examination

氏名/Name	LAM PHAN TUNG ANH
審査委員 Examining Committee	Chief Examiner 主 査 高橋 肇 (signature) (署名)
	Assistant Examiner 副 査 児玉 基一郎 (signature) (署名)
	Assistant Examiner 副 査 上野 誠 (signature) (署名)
	Assistant Examiner 副 査 柳 由貴子 (signature) (署名)
	Assistant Examiner 副 査 伊藤 真一 (signature) (署名)
題目 Title	Characteristics of <i>Plasmodiophora brassicae</i> causing clubroot disease on the cruciferous weed <i>Cardamine occulta</i> in post-harvest paddy fields in Japan
審査結果の要旨 (2,000字以内) /Summary of Doctoral Dissertation Examination (Within 1200 words)	
<p>アブラナ科野菜に大きな被害をもたらしている根こぶ病は、絶対寄生性の原生動物 <i>Plasmodiophora brassicae</i> によって引き起こされる土壌伝染病である。日本では、イネ収穫後の水田に自生するアブラナ科雑草のタネツケバナ <i>Cardamine occulta</i> にも根こぶ病が高頻度で発生している。タネツケバナは、越冬性のアブラナ科の多年草で、そのライフサイクルはイネの栽培と密接な関係がある。また、タネツケバナは、8倍体のゲノムを持ち、遺伝的変異に富むことが知られている。このような特徴は、この雑草が新しい生態的ニッチ、特に水田や植物苗の生産ハウスなどの人為的な生息環境にうまく適応するのに役立っている。同時に、宿主-病原体相互作用を介したタネツケバナの遺伝的変異は、<i>P. brassicae</i> 個体群の遺伝的多様化を促進させている可能性がある。本研究では、タネツケバナ根こぶ病の病理学的特徴を明らかにするとともに、タネツケバナに根こぶ病を引き起こす <i>P. brassicae</i> (<i>P. brassicae</i> <i>Cardamine</i> グループ) の分子生物学的性状を解析した。</p> <p>まず、タネツケバナ根こぶ病の形態学および病理組織学的特徴について、アブラナ科野菜根こぶ病と比較した。タネツケバナ根こぶ病の形態学的特徴として、茎に大きな肥大(茎こぶ)が観察されることや、組織内に多くの <i>P. brassicae</i> (一次変形体および休眠孢子) が観察されていても組織が肥大しない場合もあることがわかった。また、顕微鏡観察では、維管束や髄組織、さらには葉柄などの葉面構造に一次変形体が検出された。これらは、アブラナ科野菜根こぶ病では見られない形態学的特徴である。</p> <p>次に、<i>P. brassicae</i> <i>Cardamine</i> グループの遺伝的同一性の検証を試みた。検証には、<i>P. brassicae</i> <i>Cardamine</i> グループおよび海外で分離された <i>P. brassicae</i> を含む野菜根こぶ病由来の <i>P. brassicae</i> のアクチン遺伝子および rDNA の ITS 領域の塩基配列を用いた。アクチン遺伝子の解析の結果、<i>P. brassicae</i> <i>Cardamine</i> グループは、野菜由来の <i>P. brassicae</i> のアクチン遺伝子と比較して、7つの点変異(3つのサイレントと4つのミスセンス)を蓄積していることが判明した。ITS 領域の解析の結果、<i>P. brassicae</i> <i>Cardamine</i> グループは ITS1 および ITS2 領域ともに多くの変異を獲得していることが示された。とくに、ITS2 領域では、ITS1 領域よりも多くの変異(一塩基多型、オリゴヌクレオチド</p>	

多型、および挿入・欠失)が見られ、これらの変異は野菜由来の *P. brassicae* よりも多かった。アクチンと ITS の両配列を連結して系統解析を行った結果、*P. brassicae* Cardamine グループは、野菜由来の *P. brassicae* とは別の遺伝グループに属することが判明した。さらに、ITS2 領域の塩基配列に基づいて構造解析を行った結果、*P. brassicae* Cardamine グループの ITS2 は、塩基環、バルジとループからなる 4 つのヘリックスの大きさが野菜由来の *P. brassicae* とは大きく異なっていた。

さらに、rDNA 小サブユニット (18S) および大サブユニット (28S) 遺伝子のイントロンの配列について、*P. brassicae* Cardamine グループと野菜由来の *P. brassicae* とで比較した。その結果、*P. brassicae* Cardamine グループは、野菜由来の *P. brassicae* で知られている基本的な rDNA のイントロンのパターンと構造を有していたが、Cardamine グループの rDNA のイントロンは、小サブユニットおよび大サブユニットで複数のイントロンが失われていた。また、Cardamine グループは、保存された部分は野菜由来の *P. brassicae* とほぼ共通であったが、イントロンに多数の新規構造を含んでいた。これらの構造は、イントロンプライミング部位に関わる部位で起こるトランスバージョン点変異や結合部位での挿入・欠失などの複雑な多型から成っていた。このように、rDNA 小サブユニットおよび大サブユニット遺伝子のイントロンの塩基配列の差異からも、*P. brassicae* Cardamine グループと野菜由来の *P. brassicae* は遺伝的に大きく異なることがわかった。

本研究により、タネツケバナに根こぶ病を引き起こす *P. brassicae* は、野菜に根こぶ病を引き起こす *P. brassicae* とは遺伝的に異なることが強く示唆された。また、*P. brassicae* とタネツケバナの間の共進化が *P. brassicae* の病原性や遺伝的多様性の動態に関連してきたことが推察された。

これらの成果は、*P. brassicae* の生態や野菜根こぶ病の防除に関する新知見であり、高く評価することができる。よって本論文を鳥取大学大学院連合農学研究科の博士論文としてふさわしい内容であると判断した。