

| | |
|----------|--|
| 氏名 | 津 田 かく 格 |
| 学位(専攻分野) | 博 士 (農 学) |
| 学位記番号 | 農 博 第 1189 号 |
| 学位授与の日付 | 平成 13 年 3 月 23 日 |
| 学位授与の要件 | 学位規則第 4 条第 1 項該当 |
| 研究科・専攻 | 農学研究科農林生物学専攻 |
| 学位論文題目 | Studies on <i>Iotonchium</i> nematodes associating with mycetophilid gnats and basidiomycetous fungi (キノコバエ科昆虫と担子菌類を利用する <i>Iotonchium</i> 属線虫に関する研究) |
| 論文調査委員 | (主 査) 教授 泉 井 桂 教授 津 田 盛 也 教授 高 藤 晃 雄 |

論 文 内 容 の 要 旨

森林生態系における物質循環のなかで、菌類は分解者、共生者、あるいは病原体として存在し重要な役割を担っている。物質循環に主要に関わっているのは菌類の栄養菌糸であるが、担子菌類や子囊菌類の一部は、一般に「きのこ」とよばれる大型子実体を形成し、それら子実体は様々な動物の食餌源となっている。

本論文はきのこに棲息する線虫の一群である *Iotonchium* 属の線虫について、ヒラタケ白こぶ病をめぐる生物間相互関係の解明を中心に研究を行ったものである。ヒラタケ白こぶ病は野外に発生するヒラタケ子実体のひだに「こぶ」が生じる病気である。ヒラタケ子実体に生じたこぶの内部には、体長 2~3mm の線虫が棲息している。この線虫(ヒラタケシラコブセンチュウ)は *Iotonchium* 属に属し、こぶ内部に棲息する菌食態雌線虫とその次世代の感染態雌線虫、及び雄線虫については既に記載がなされているが、これまでこの線虫のベクター(媒介者)が明らかでなかったため、生活環全体についても未解明のままであった。

第 1 章では、ヒラタケ白こぶ病の野外における発生状況について調査を行った。その結果、この病気は最初に報告された九州・中国地方から中部・北陸地方にまで発生地域が広がっていることが明らかになった。また野外において、ヒラタケ子実体上でこぶが急速に増加・生長するのが観察された。

第 2 章ではヒラタケシラコブセンチュウのベクターとなっている宿主昆虫について明らかにした。病害子実体からの羽化昆虫のうち、キノコバエ科の一種ナミトモナガキノコバエ *Rhymosia domestica* の血体腔内に昆虫寄生態雌線虫が棲息しているのを確認した。寄生態雌線虫は宿主キノコバエの血体腔内で産卵し、さらに孵化した幼線虫が宿主の卵巣に侵入していた。それらの幼線虫を取り出してヒラタケ子実体に接種するとヒラタケ白こぶ病に特有のこぶの形成が認められ、こぶ内部からは菌食態雌線虫が得られた。このことから卵巣に侵入した幼線虫は宿主キノコバエの産卵時に子実体に産み付けられると考えられた。また菌食態雌線虫について詳細に観察したところ、同じ亜目に属する自活性菌食線虫 *Hexatylus viviparus* と共通した形態的特徴が見られた。この事実から *Iotonchium* 属のように生活環に 2 つのステージ(菌食態・昆虫寄生態)を持つ線虫群は、*Hexatylus* 属のような自活性の菌食性線虫から分化してきたものと考えられた。

第 3 章において、ナミトモナガキノコバエの幼虫・蛹に対して感染態雌線虫の接種実験を行った結果、宿主キノコバエの繁殖能力・成虫寿命への影響が認められた。しかしながら野外におけるナミトモナガキノコバエ個体群においてはヒラタケシラコブセンチュウは限られた数の個体に集中分布しており、個体群レベルでは影響はないものと考えられた。

第 4 章ではヒラタケシラコブセンチュウ以外の *Iotonchium* 属線虫の探索を行った。京都近郊においてヒラタケ以外のきのこについて線虫分離を行った結果、3 種の *Iotonchium* 属線虫を発見した。いずれも未記載種であり、特定の分類群のきのこそれぞれ別種のキノコバエ科昆虫を宿主としていることが判明した。これらの線虫について新種記載を行い、*Iotonchium* 属線虫の系統関係について形態学的、及び分子生物学的手法を用いて解析した。宿主キノコバエについても系統解析を行った結果、線虫の系統樹の形状と一致がみられた。このことから *Iotonchium* 属線虫は宿主であるキノコバエと相互

に関連しながら分化してきた可能性が示唆された。

以上、本研究において、*Iotonchium* 属線虫を取りあげるることにより線虫によるきのこの利用様式の一例が示された。複雑な生活環をとっているこの線虫群について、宿主昆虫を解明し、特にヒラタケシラコブセンチュウについては宿主昆虫への影響について明らかにした。さらに形態形質及び分子生物学的形質を用いた系統解析の結果、この線虫群の進化過程についての一仮説が示された。

論文審査の結果の要旨

一般に「きのこ」とよばれる菌類の大型子実体は昆虫をはじめとする様々な動物の食餌源となっている。これまで分解者、共生者、あるいは病原体としての菌類の役割については多くの研究がなされてきたが、食餌源としての菌類の子実体についての研究は昆虫以外では非常に少なく、特に線虫を含めた小型無脊椎動物によるきのこの利用については、肉眼での観察がほぼ不可能なこともあり研究は皆無に近い状態である。

このような現状において、本論文ではきのこに棲息することが知られている線虫の一群である *Iotonchium* 属の線虫について、生態学的・系統学的な研究を行っている。その中で特に評価すべき点は以下の通りである。

1) *Iotonchium* 属線虫の一種ヒラタケシラコブセンチュウが病原体となっているヒラタケ白こぶ病の発生様態を明らかにした。これまでヒラタケシラコブセンチュウのベクターとなっている宿主昆虫については未解明のままであったが、病害子実体から羽化してくる昆虫を解剖することによりこの宿主昆虫がキノコバエ科の一種であることを明らかにした。

2) ヒラタケシラコブセンチュウについては、これまでこぶの内部に棲息する菌食態雌線虫とその次世代である感染態雌線虫及び雄線虫についてしか記載がなされていなかったが、本論文において宿主キノコバエ体内に寄生する昆虫寄生態雌線虫の詳細な記載を行うことにより、この線虫の全生活環を解明した。

3) ヒラタケシラコブセンチュウの菌食態雌線虫について詳細に観察し、近縁属の線虫と比較することで分類学的、系統学的な考察を行った。

4) キノコバエの幼虫・蛹に対して感染態雌線虫の接種を行うことで、ヒラタケシラコブセンチュウの寄生による宿主キノコバエの繁殖能力・成虫寿命への影響を明らかにした。

5) 様々な野生きのこについての詳細な調査から、3種の *Iotonchium* 属線虫を発見し新種記載を行った。更にそれらの線虫はそれぞれ別種のキノコバエ科昆虫を宿主としていることを明らかにした。*Iotonchium* 属線虫の系統関係について形態学的、および分子生物学的手法を用いて解析し、さらに宿主キノコバエについても分子生物学的系統解析を行い、*Iotonchium* 属線虫とキノコバエ科昆虫の相互に関連しあった種分化の可能性について考察した。

以上のように、本論文は、きのこを利用する線虫類に関する初めての生態学的・系統学的な研究であり、線虫学、微生物生態学、寄生虫学、系統分類学、及びきのこの栽培学などに対して寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成13年2月15日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。