

タイ産のカニクサ属植物を宿主とするサビキン *Uredo* sp. の分類学的帰属の解明

大町 桂 (筑波大学 生物学類)

指導教員：岡根 泉 (筑波大学 生命環境系)

【背景と目的】

サビキンは担子菌門のブクキニア目を構成する生体栄養性の植物絶対寄生菌であり、これまでに 7000 種以上が報告されている。シダ類を含む多数の維管束植物を宿主としており、一般的に宿主特異性が高い。また、形態や機能が異なる複数の孢子世代を持つことが知られている。

タイにおいてカニクサ科カニクサ属のシダ植物 *Lygodium flexuosum* に発生しているサビキン (夏孢子世代) が発見され、*Uredo* 属の一種として *Uredo* sp. とされた。本菌は、これまでにカニクサ属の植物を宿主とするサビキンとして唯一報告されていた *Puccinia lygodii* とは分布域と夏孢子の形態に違いがあり、また、東南アジア地域からのシダ植物に寄生するサビキンの正式な報告例がないことから未知のサビキンであると考えられた。

そこで本研究では、*Uredo* sp. の分類学的帰属を解明することを目的として、rDNA の ITS2 領域を用いた分子系統解析と、光学顕微鏡と走査型電子顕微鏡を用いた形態観察を行い、シダ植物を宿主とする既知種のサビキンとの系統関係の推定と形態の比較を行った。

【材料と方法】

(1) 供試標本

2002 年から 2018 年にタイで採集された *Uredo* sp. の 5 標本、筑波大学植物寄生菌学研究室標本庫 (TSH) と茨城大学教育学部菌学標本庫 (IBAR) の所蔵標本、および 2018 年に日本国内で採集したシダ上のサビキンの乾燥標本の 24 標本、計 29 標本を供試した。

(2) 分子系統解析

上記標本の孢子から DNA を抽出し、rDNA の ITS2 領域を PCR 増幅した。系統解析には *Uredo* sp. の 1 標本を含む 17 標本の配列を使用した。これらに先行研究で得られた塩基配列と GenBank のデータを加え、近隣接合法 (NJ 法) により系統解析した。

(3) 形態観察

上記の 29 標本について、光学顕微鏡下での夏孢子および両性孢子長の測定、壁厚の測定、発芽孔の観察、夏孢子堆および両性孢子堆の切片の観察を行った。また、走査型電子顕微鏡 (SEM) を用いて夏孢子および両性孢子的表面構造の観察を行った。*Uredo* sp. の 5 標本と *Milesina* 属の 6 種 12 標本の夏孢子的長径、短径、壁厚の測定値については一元配置分散分析とポストホック検定として Dunnett 検定を行い、測定値の有意差を検証した。

【結果および考察】

(1) 分子系統解析

Uredo sp. はシダ植物を宿主とする *Uredinopsis* 属と *Milesina* 属のクレードに含まれ、側系統になった *Milesina* 属の集団に含まれた (図 1)。

(2) 形態観察

Uredo sp. の夏孢子堆の形態は、護膜を有し、孢子が単独で柄生する *Milesia* タイプであった。夏孢子は楕円形から倒卵形で、表面は刺に覆われており、孢子の大きさには標本間で変異があった。発芽孔は不明瞭だった。供試したシダ植物を宿主とするサビキンの既知種の中では、*Milesina* 属の一部の種と夏孢子的形状と表面構造が類似していた (図 2)。

【まとめ】

Uredo sp. は分子系統解析と形態観察の双方から、*Milesina* 属と近縁か、もしくは *Milesina* 属に属するサビキンであることが強く示唆された。今後は、分子系統解析に用いる遺伝子領域を増やすことや、多数の *Milesina* 属の種を供試して分子系統解析や形態観察を行うことにより、*Uredo* sp. と *Milesina* 属菌とのより詳細な系統関係を検討する必要がある。

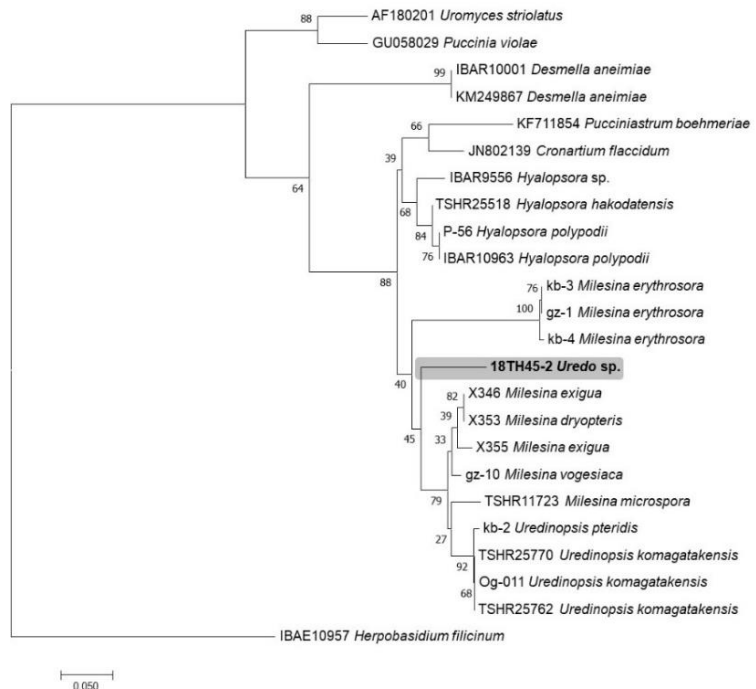


図 1 ITS2 領域に基づき NJ 法で構築した系統樹

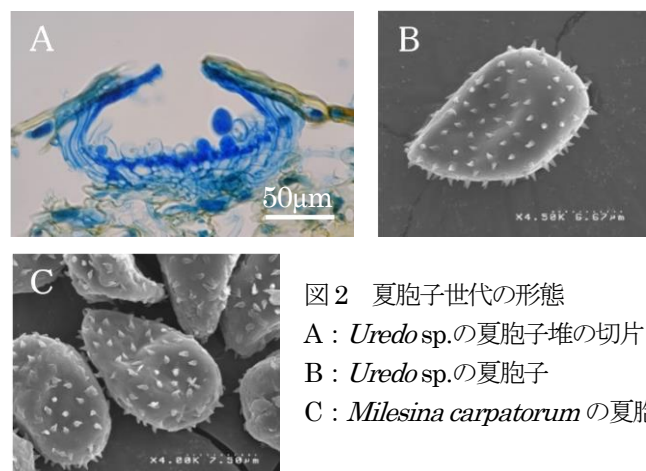


図 2 夏孢子世代の形態

A : *Uredo* sp. の夏孢子堆の切片

B : *Uredo* sp. の夏孢子

C : *Milesina carpatorum* の夏孢子