

なぜ、きのこの仲間は多様なのか？

—白亜紀の被子植物との出会いが生んだ多様性—

概要

マツタケやシイタケといったきのこの仲間は、食卓に並ぶ種類は限られていますが、自然界には数えきれないほど多種多様な種類が存在します。それでは、なぜ、きのこの仲間は地球上でこれほど高い種多様性をもつようになったのでしょうか？この疑問は、これまでの研究では十分に解明されていませんでした。京都大学大学院人間・環境学研究科 佐藤博俊助教は、きのこの仲間の大半が含まれるハラタケ綱菌類を対象として、分子系統学の方法からその種多様性の起原を解明する研究を行いました。この研究から、ハラタケ綱菌類は、白亜紀後期（7000 万年前～9000 万年前）に被子植物と出会い、地下で共生関係を結んだことがきっかけとなって、急速な種多様化を果たした可能性が示されました。この成果は、菌類がどのようにして地球上でも有数の種多様性をもつに至ったのか、菌類と植物が進化の過程でどのように関わってきたのかを解明する上で重要な鍵になります。本研究成果は、2023 年 6 月 9 日に英科学誌「*New Phytologist*」に掲載されました。



ハラタケ綱の多種多様なきのこの仲間

際立った種多様化が検出された分類群は黄色で示しています。

(撮影者：佐藤博俊)

1. 背景

マツタケやシイタケといったきのこの仲間は、日本人にとっては食卓に並ぶ食材としてなじみが深い一方で、自然生態系になくってはならない存在でもあります。たとえば、シイタケやエノキタケなどは腐生菌と呼ばれるグループに大別され、生物の遺体や排せつ物を分解する生態系の中の掃除屋として知られています。また、マツタケやトリュフといった菌根菌と呼ばれるグループは、地下に菌糸と植物根の共生体である菌根を作ります。菌根菌は生きている植物と互いに不足する影響のやり取りをするので、両者は互いになくってはならない共生関係（菌根共生）にあります。このように、きのこの仲間は生態系の中で重要な役割を担っています。

きのこの仲間は、未報告種があまりに多く種多様性の実態はよく分かっていませんが、全世界で少なくとも数万種が存在するとされています。このように、きのこの仲間は地球上に広く繁栄し、多様化した生物として知られていますが、どのようなきっかけできのこの仲間が現在のような高い種多様化をもつに至ったのかは、精度の高い解析が難しく、これまでの研究では十分に解明されていませんでした。

2. 研究手法・成果

この研究では、我々がきのこと呼ぶものの大半が含まれるハラタケ綱菌類を対象として、その多様性の起源を進化的に解明する研究を行いました。

ハラタケ綱菌類の多様化速度(*1)は、2種類の手法で推定しました。1つは分子系統樹(*2)の形から推定する方法です。この手法は、急速な種多様化が進むと分子系統樹上にその痕跡（短期間に枝分かれを繰り返す）が残ることを利用しています。もう1つの手法は、分類群ごとの起源した年代と現存する種数から推定する方法です。この手法は、急速な多様化を果たした分類群は、起源が新しい割に現存種数が多くなることを利用した手法です。分子系統樹を構築は、ハラタケ綱菌類から解読した89個の遺伝子配列を利用して行いました。この際、菌類の化石情報を校正情報として用いることで、年代情報を分子系統樹に加えました。ハラタケ綱に属する全分類群（目・科・属）の現存種数は、国際塩基配列データベースに登録されたハラタケ綱の配列情報を利用して推定しました。その後、上述した2つの方法を用いて、ハラタケ綱菌類の多様化速度を調べました。

研究の結果、ハラタケ綱が急速な種多様化を果たしたきっかけは、白亜紀後期（9000万年前から7000万年前ごろ）の被子植物との出会いにあったことが分かってきました。ハラタケ綱で菌根共生の進化は、約2億5000年前から現在にかけて、様々な分類群で独立に何回も起こりました。その中でも、白亜紀後期に5つの分類群（フウセンタケ属・アセタケ属・イグチ科・ベニタケ科・イボタケ科）で独立に起こった菌根共生の進化は、いずれも急速な種多様化を伴っていたことが示されました。この結果は、ハラタケ綱の種多様化には被子植物の存在が重要であったことを示しています。というのも、白亜紀後期はきのこの仲間と菌根共生をする被子植物（ブナ目）が起源し、急速な種多様化を果たしたとされる時期でもあるからです。つまり、この時期にハラタケ綱と被子植物との間で密接な関わりがあったと考えられます。この研究結果から、ハラタケ綱は、白亜紀後期に被子植物と出会って菌根共生を始めたことがイノベーションとなり、新たな広大な土地へと進出し、急速な多様化を果たしたという可能性が見えてきました。

3. 波及効果、今後の予定

この研究は、「なぜ、地球上にこれほど多様な菌類、きのこの仲間が存在するのか？」という長年解明されてこなかった疑問に答える研究として波及効果が高いと考えられます。一方で、今回の研究で分子系統樹に組み込んだ菌類の種数は全体のごく一部だったので、解析の精度や信頼性を高めるために、より大規模な解析を

行う予定にしています。また、ハラタケ綱菌類が進化の過程でどのように共生する植物を変えてきたのかについても解析を進めたいと考えています。

4. 研究プロジェクトについて

この研究は、公益財団法人発酵研究所・一般研究助成 (G-2019-1-029)、科学研究費補助金 (20K06796)、および地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム (JPMJSA1902)による研究資金を基に実施されました。

<用語解説>

※1 多様化速度：新たな種が生まれる速度（種分化速度）から、既存の種が絶滅する速度（絶滅速度）を引いたものを指します。要するに、どの程度、速く種数が増えていく（または減っていく）かを指します。

※2 分子系統樹：個々の生物種の遺伝子情報を調べることで現存する生物種がどのように分岐してきたのかを推定した図を指します。

<研究者のコメント>

今回の成果は、『なぜ、地球にこれほど多種多様なきのこの仲間が生まれたのか？』という疑問の解明につながるものと考えています。この研究を行う上では様々な障害がありました。例えば、限られた期間に発生するきのこをたくさん収集するのが大変なことや、未報告種があまりにも多いといった問題です。一方で、きのこは未知の領域の宝庫でもあります。今後も、きのこの未知の領域に踏み込む研究を続けたいと思います。

<論文タイトルと著者>

タイトル： The evolution of ectomycorrhizal symbiosis in the Late Cretaceous is a key driver of explosive diversification in Agaricomycetes

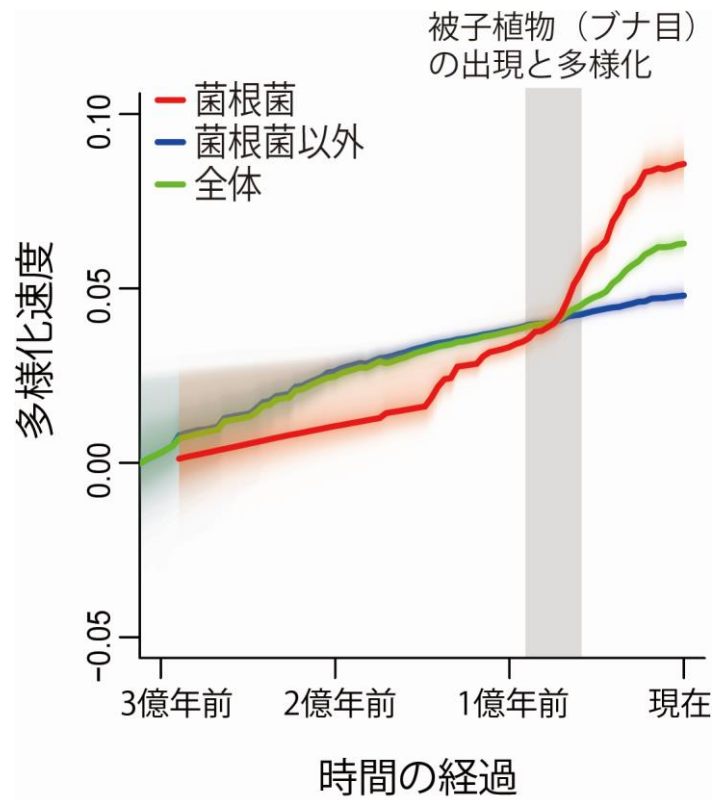
(白亜紀後期の外生菌根共生の進化はハラタケ綱菌類の急速な種多様化のきっかけとなった)

著者： Hirotooshi Sato

掲載誌： *New Phytologist*

DOI： 10.1111/nph.19055

< 参考図表 >



ハラタケ綱菌類の多様化速度の時間的な変遷

被子植物（ブナ目）が出現し多様化した白亜紀後期（7000 万年前～9000 万年前）に菌根菌が急速に種多様化しているパターンが検出されました