

野生きのこの分類

根田 仁

はじめに 日本産のきのこの種は何種あるのか未だに不明である。外国の例では、ドイツのザール州から既知種だけで400属2183種報告されている。南北に長く、さまざまな植生がある日本列島全体では、おそらくその数倍の種数があることが推察される。しかし調査は進んでいない。以前、千葉の清澄山できのこの発生調査を行ったことがあった。約1年の調査で157種の発生を確認したが、そのうち4割は種名を同定することができなかった。野生きのこの生態研究は、種の同定の時点ですまづいて、日本では分類研究を行うことが先決であると痛感した。

分類研究は、未知の種に名前をつける同定と、系統間の類縁関係の解明の2点が主な内容となるが、いずれも実際は容易ではない。日本から未報告の種が、「日本新産種」であるか「新種」であるか判断するためには、過去に世界中から報告された近縁と思われるすべての種と照合する必要がある。古い外国の文献を探し、命名の基準となった標本を調べるのは、日本人には非常に困難であった。またきのこの場合、分類の足がかりとなる形態的特徴があまり無いので、類縁関係の把握は難しく、分類体系はかなり人為的なものとなっていた。しかし問題点は緩和しつつあるので、今後は新たな発展も望める。

以下、研究例をいくつか紹介しよう。

○ハツタケの学名は？○

ハツタケは、マツ林に普通に発生するきのこで、優秀な食用菌として古くから利用されてきた。ただしこのきのこは菌根性なので、マツタケ同様に人工栽培は難しい。明治23年に菌学者の田中延次郎は、ハツタケを新種として報告した(*Lactarius hatsudake* Tanaka)。そして現在に至るまで、田中の命名した学名が通用している。ところで、幕末の1854～1855年にアメリカの調査隊が日本に来航し、動植物や菌類を採集した。この時のきのこの標本は、アメリカのハーバード大学とイギリスのキュー植物園に保存されている。ハーバード大学に保存されている標本を調べていたところ、ハツタケの標本が出てきた。黒く変色した乾燥標本だが、外観からハツタケとわかり、顕微鏡的特徴にも違いは無かった。この標本は、奄美大島で採集され、1860年に新種として発表された種(*Lactarius lividatus* Berk. & Curt.)の基準標本である。しかし後世の研究者達に再検討されることもないまま、忘れられていたのだ。

植物命名規約では、同じ種に複数の学名がつけられた場合、先に発表された名前が優先される。田中が命名する30年前に、ハツタケには学名がつけられており、残念ながら "hatsudake" の名前は異名として扱われる。

○栽培きのこ「ヒマラヤヒラタケ」の正体は何か？○

日本におけるきのこ栽培は2800億円の規模に成長したが、ここしばらくは停滞気味である。生産者単価は下がる一方で、コストは上昇しており、栽培者は常により良いきのこを探している。そして最近ヒマラヤヒラタケという名前のきのこが栽培されるようになった。

ヒマラヤヒラタケは、1982年に*Pleurotus sajor-caju*(Fr.)Sing.の和名としてつけられた。1970年代のインドで、この学名で呼んでいるきのこは優秀な食用きのこととして知られていた。栽培が簡単で、高温でも発生することから、やがて世界中にこのきのこの栽培が広まった。

ところが、このきのこは*P. sajor-caju*とは、まったく別のきのこだった。学名が誤って使用されている点については、分類学者の間では周知のことだったが、一般の場で指摘しなかったため、この菌株はアメリカの権威ある菌株保存機関ATCCにも、誤った学名のまま登録され

てしまった。眞の *P. sajor-caju* は、現在別属のカワキタケ属として扱われることが多く、形態的に明らかに異なる。それでは、このきのこ（和名「ヒマラヤヒラタケ」）の正体は何か？

ヒマラヤヒラタケは、形態的には明らかにヒラタケ属 (*Pleurotus*) のきのこである。そこで現在までに報告されている種との異同を検討して、正しい種名を同定すれば良い（未報告なら新種である）。しかしひラタケ属のきのこは、特徴が少ない上に、同種の中でも変異が大きく、形態的特徴をもとにした同定は難しいことがある。そこで交配試験をしてみた。種の定義として、「遺伝的に隔離されている集団」を種とする考えが一般的である。例外もあるだろうが、既知種と交配可能かどうか調べることが、この場合は種名を同定する上で適当である。

形態的特徴からヒマラヤヒラタケは、ヒラタケまたはウスヒラタケによく似ている。そこでヒマラヤヒラタケはマレーシア、タイ、長野県、静岡県でそれぞれ栽培されている菌株と ATCC の保存菌株を用い、それぞれをヒラタケおよびウスヒラタケと交配試験してみた。結果は、供試したヒマラヤヒラタケの菌株はすべてウスヒラタケと和合性を示し、ヒラタケとは交配しなかった。

○ DNA 解析技術の利用 ○

DNA 解析技術は、簡易になり、コストも安くなった。もはや専門家の特殊技術ではなくなり、あらゆる分野で用いられて、革新的な成果があがっている。もちろん、系統分類の分野でも盛んに利用されている。従来の形態を基にした分類と比較して、より客観的な結論が得られるとされるため、重要な研究手法である。ただし遺伝子の系統と種の系統は、厳密には違う可能性もあるので、注意が必要ではある。解析技術の手法として、以前は RFLP（制限酵素断片長多型）がよく用いられたが、最近は千塩基程度なら配列を直接決定してしまうことが普通で、この方が桁違いに多くの信頼性の高いデータが得られる。

ヒラタケ属は、これまで他属との類縁関係および属内の種間の類縁関係が不明であった。これは属としての際だった特徴が少なく、近縁とされるマツオウジ属、カワキタケ属などと、わずかの点でしか区別することができなかったためである。また研究者により重要とする特徴が異なるため、その分類体系として統一した見解が無く、客観的な基準による類縁関係の解明が求められていた。

そこで変異の少ない 18S リボソーム RNA 遺伝子 (18S rDNA) で属間の関係を解析し、変異の多い ITS-1 領域で属内の種間の関係を解析した。塩基配列の比較の結果、ヒラタケ属および近縁属を明瞭に区別することができた。また従来カワキタケ属とされていたナンヨウブクリョウがヒラタケ属であることが示唆された。

さらに遠縁と思われていたタマチョレイタケ属がカワキタケ属ときわめて近縁であることも判明した。ヒラタケ属内の種間の類縁関係では、ヒラタケおよびウスヒラタケの間で塩基配列に違いが非常に少なく、両種は分歧してからの時間が短いことが推測された。

但し 1 遺伝子の結果から判断するのは危険もある。現在は、複数の遺伝子、それも核、ミトコンドリアに別々に存在する遺伝子の塩基配列を調べ、比較している。

* * * * *

おわりに 分類研究は二百年以上前からの研究報告を土台にして成り立っているため、ある意味で博覧強記を要求される分野である。さらに近年は今までの手法に加え、DNA 解析技術などの新しい研究手法を入れる時代になってきた。しかし、それらの基礎となるのは、野外調査によって集められた試料と培われた目であることに変わりはない。

* 本文は、森林総合研究所 No.89' 96-2 p.6-7 に掲載されたものに、著者自身が手を加え、著者の許可を得て転載しました。