

ものは2菌株であったが、残りの16菌株は両品種のいずれか一方に偏って強い病原性を示した。また、両品種での発病の程度は、菌株によって様々に異なったことから、キク半身萎凋病分離株の病原性は多様であることが示唆された。なお、用いた菌株のナス、トマト及びピーマンに対する病原性を調査したところ、いずれの菌株もナスにのみ病原性を示したため、A群（ナス系）と判断された。

（フラワーセアおもり・*東北農研）

(165) 杉浦知克・堀之内勇人*・田口義広**・百町満朗
特異的プライマーを用いたPCRによる *Pyrenochaeta lycopersici* Type 1 及び Type 2 の検出 Sugiura, T., Horinouchi, H., Taguchi, Y. and Hyakumachi, M.: PCR Detection of *Pyrenochaeta lycopersici* Type 1 and Type 2 Using Specific Primers トマト褐色根腐病菌 *Pyrenochaeta lycopersici* には大別して Type 1 と Type 2 の2つのタイプが存在し、岐阜県においてはその分布に偏りがあることは既に報告した。従来の方法では、土壌や罹病植物からこの菌を分離するには多くの時間と労力を必要とする。また両タイプの形態が類似していることから、タイプの査定は困難である。それぞれのタイプを迅速かつ簡便に検出する方法として、特異的プライマーを用いたPCR検出を試みた。Type 1 と Type 2 の間で rDNA-ITS 領域の塩基配列の相同性が低いことから、この領域よりそれぞれのタイプに特異的な塩基配列を選び、特異的プライマーを作成した。これらのプライマーを用いて、岐阜県内の Type 1 と Type 2 が混在している地域より採取した罹病根からの検出を試みたところ、それらの全てから Type 1 か Type 2 のいずれか、もしくはその両方が検出された。北海道、青森県、群馬県及び栃木県から採取した罹病根においても同様の結果となった。なお、それらの分布には道県の違いによる大きな偏りは見られなかった。

（岐阜大農・*岐阜農技研・**岐阜専技）

(166) 中村 仁*,**,†・池田健一*,**,††・赤平知也***・松本直幸** 紫紋羽病菌の1種 *Helicobasidium brebissonii* の病原性 Nakamura, H., Ikeda, K., Akahira, T. and Matsumoto, N.: Pathogenicity of a Violet Root Rot Fungus, *Helicobasidium brebissonii* 従来日本で報告されている紫紋羽病菌 *Helicobasidium mompa* とは別種の紫紋羽病菌 *H. brebissonii* が見出され、本菌はニンジンに対し若干の病原性を有することを報告した（日本植物病理学会大会, 2002）。そこで、本菌の病原性および病原力について詳細に調べるため、ニンジン、サツマイモおよびリンゴ台木苗を用いて接種試験を行った。青森県黒石市の林木上で採集された子実体より分離した16菌株を供試した。ニン

ジンおよびサツマイモを用いた接種結果では、それぞれ7菌株および4菌株が感染座を形成し、それらに対する病原性を示したが、その病原力は弱かった。また、罹病部について、通常 *H. mompa* の場合は軟腐するのに対し、本菌の場合は乾腐症状を示した。雪田および赤平（2000）の方法に従って休眠リンゴ台木苗に接種した結果、根表面での菌糸生長は観察されたが、接種後2ヶ月を経ても全菌株とも感染座形成は認められなかった。以上より、*H. brebissonii* がリンゴに対して被害を与える可能性は低く、また草本作物においても本菌による被害程度は小さいものと推察された。

（*生研機構・**農環研・***青森りんご試・

†現果樹研・††現生物研）

(167) 池田健一*,**,***・中村 仁*,**,****・松本直幸** 紫紋羽病菌で検出された二本鎖 RNA の病原力低下作用 Ikeda, K., Nakamura, H. and Matsumoto, N.: Double-stranded RNA in an Isolate of the Violet Root Rot Fungus, *Helicobasidium mompa*, as a Hypovirulence Factor 病原力低下作用のある二本鎖 (ds)RNA を保有する紫紋羽病菌 (*Helicobasidium mompa*) を探索するため、dsRNA を保有し病原力の弱い菌株を用いて、単菌糸分離により dsRNA のフリー化を試みた。供試14菌株について完全な dsRNA フリー化系統は得られなかった。岩手県盛岡市のハシバミ由来の v670 株は、ニンジンに対して病原力が弱く、10 kb 以上の dsRNA 断片 2 本 (L1, L2 dsRNA) と約 2.0 kb の dsRNA 断片 1 本 (S1 dsRNA) を保有していた。この菌株からは最もサイズの大きい L1 dsRNA のみが脱落した派生系統が得られ、その病原力は増強した。派生系統を v670 と対峙培養し、L1 dsRNA を再導入したところ、再び病原力が低下した。以上の結果から、v670 に存在する L1 dsRNA は病原力低下因子であることが示された。これら3つの dsRNA 断片の相同性をノーザン解析によって調査したところ、それぞれの dsRNA 断片は異なる遺伝子構成をとっていることが明らかとなった。

（*生研機構・**農環研・***現生物研・****現果樹研）

(168) 池田健一*,**,***・中村 仁*,**,****・松本直幸** 紫紋羽病菌 MCG の分布域の拡大に伴う二本鎖 RNA の多様化 Ikeda, K., Nakamura, H. and Matsumoto, N.: Diversification of dsRNAs in *Helicobasidium mompa* with the Expansion of Mycelial Compatibility Groups 岩手県滝沢村のユリノキ植栽林において紫紋羽病菌 (*Helicobasidium mompa*) の4年間にわたる継続的なサンプリングを行い、MCG (Mycelial Compatibility Group) の分布域の拡大に伴って保有する dsRNA の変化を調査した。分子量の大きな dsRNA 断片が MCG 内外で共通して