

©oso

Bulletin of the Japanese Association for Truffle Science

Volume 9, Issue 1, March 2026

Truffology

(日本地下生菌研究会会報)

第9卷1号(2026年3月)

Contents

(Volume 9, Issue 1, March 2026)

Original peer-reviewed articles

- Keisuke Obase: Ectomycorrhizal fungal flora in Japan revealed by the International Nucleotide Sequence Database: Tuberaceae (the lineage tuber-helvella), Pezizales, Ascomycota (in Japanese with English abstract) 1
- Takamichi Orihara: *Rossbeevera subalbida* (Boletaceae, Boletales), a new, rare truffle-like species from Japan (in English) 17

Observations

- Taiga Kasuya, Shuichi Kurogi, Shohei Wada, Miyu Ii, Kentaro Hosaka: New localities of *Gastrosporium gossypinum* in Japan (in Japanese) 25
- Taiji Shiraishi: First report of Koishi-take (*Russula* sp.) from Oki Islands (in Japanese) 29
- Taku Shimazaki, Yousuke Degawa: A possible trace of mycophagy on a truffle fruitbody of *Russula* sp. observed in Nagano Prefecture, Japan (in Japanese) 31

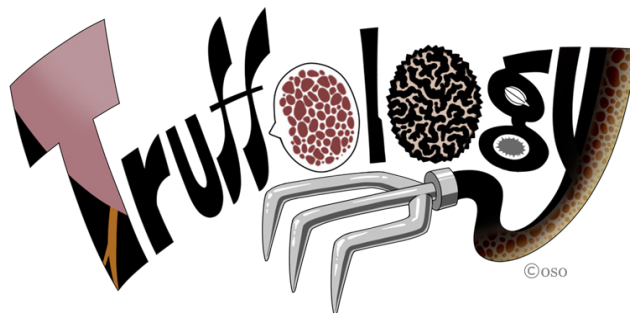
Specimen lists

- Haruhiko Sakuraba, Mie Sakuraba: Truffles and truffle-like fungi collected in Kagawa Prefecture in 2025 (in Japanese) 35
- Takamichi Orihara, Hiromi Sasaki, Tomoya Hirao: Truffle-like fungi collected in the 8th JATS Foray (in Japanese) 41

Essays and other articles

- Akira Ishikawa: Introduction to "Three new species of *Alpova* from Japan: new insights into biogeography in *Alpova*" (in Japanese) 45

The effective publication date of each article is shown in the first page of the article.



原著論文（査読有）(Original peer-reviewed article)

国際塩基配列データベースから見る日本の外生菌根菌相：子囊菌門 チャワンタケ目 tuber-helvella 系統セイヨウショウロ科

Ectomycorrhizal fungal flora in Japan revealed by the International Nucleotide Sequence Database: Tuberaceae (the lineage tuber-helvella), Pezizales, Ascomycota

小長谷 啓介

Keisuke Obase

森林総合研究所 北海道支所 森林生物研究グループ, 〒062-8516 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘7番地
Hokkaido Research Center, Forestry and Forest Products Research Institute, 7 Hitsujigaoka, Toyohira,
Sapporo, Hokkaido 062-8516, Japan

E-mail: obase_keisuke090@ffpri.go.jp

要旨

日本におけるセイヨウショウロ科菌（チャワンタケ目、子囊菌門）のフロラの解明状況を把握するため、国際塩基配列データベースに登録された塩基配列（ITS領域）を収集した。得られた433配列は、配列の相同性によるグループ分けと最尤系統解析の結果に基づき、セイヨウショウロ属の7クレード（/puberulum、/latisporum、/maculatum、/turmericum-japonicum、/rufum、/melanosporum、/macrosporum）に属する計29サブクレードに分類された。サブクレード数は、/puberulum（8）および/latisporum（8）が、他のクレード（2~3）よりも高かった。配列の約半分の由来は子実果、残りの大部分は外生菌根であった。17サブクレードは既知種を含み、そのうち6種は日本産標本に基づいて記載された新種であった。しかし、その他は既知種を含まず、特に種が豊富な/puberulumおよび/latisporumの多くの分類群は種レベルの分類属性が不明であった。多様なセイヨウショウロ属菌が生息する日本では、子実果標本に基づく記載報告が着々と進められているものの、多様な種で構成される/puberulumおよび/latisporumについては、子実体が未発見または未記載・未解析の状態では保管されたままの分類群が多数存在することが示唆された。

Abstract

To understand the status of research on ectomycorrhizal fungal flora in Japan, sequence data (ITS region) for fungi belonging to Tuberaceae, Pezizales, Ascomycota, registered in the International Nucleotide Sequence Database were compiled. In total, 433 sequences were obtained and classified into 29 subclades in seven clades (/puberulum, /latisporum, /maculatum, /turmericum-japonicum, /rufum, /melanosporum, and /macrosporum) in the genus *Tuber* by the maximum likelihood phylogenetic analysis. The number of subclades was higher in clades /puberulum (8) and /latisporum (8) than those in the others (2–3). Approximately half of the sequences originated from ascocarps, while most of remaining were from ectomycorrhizal roots. Seventeen subclades included described species, six of which were originated from Japanese specimens (/turmericum-japonicum; *T. japonicum*, *T. flavidosporum* and *T. torulosum*, /melanosporum; *T. longispinosum*, /macrosporum; *T. iryudaens* and *T. tomentosum*), but the other subclades did not, remaining the species-level taxonomic attribute unclear, especially those in species-rich clades /puberulum and /latisporum. Japan is home to a diverse range of *Tuber* species, and a relatively large number of ascocarps have been collected, leading to descriptive reports based on

these specimens. However, it was indicated that for the species-diverse clades *puberulum* and *latisporum*, there are several taxa for which ascocarps have not been discovered or described.

Article Info: Submitted: 17 February 2026 Accepted: 4 March 2026 Published: 31 March 2026

序論

子囊菌門チャワソウ目には、樹木の根に共生して外生菌根を作る菌類を含む系統が多数存在する (Tedersoo et al., 2010, 2013; Tedersoo & Smith, 2017)。その中の 1 系統である *tuber-helvella* 系統は、現在、セイヨウショウロ科 (Tuberaceae Bercht. & J. Presl)、Geomoriaceae Kraisit., Pfister & M.E. Sm. (Kraisitudomsook et al., 2020)、ノボリリュウタケ科 (Helvellaceae Fr.) の 3 科の多様な種で構成される単系統群である (Hansen & Pfister, 2006; Kraisitudomsook et al., 2020; O'Donnel et al., 1997; Tedersoo et al., 2006)。胞子の形成組織が外皮に覆われた地下生の子嚢果、いわゆるトリュフを作るセイヨウショウロ科の菌類は、子嚢果の高い食用価値に注目が集まりがちであるが、その高い種多様性、子嚢果の希少性、そして未だ多くが明かされていない生態は、多くの菌類研究者および愛好家の関心を惹きつけて止まない。

分子系統解析を用いて日本のセイヨウショウロ科菌の多様性を調査した研究は、日本各地で採取されたセイヨウショウロ属 (*Tuber P. Micheli ex F.H. Wigg.*) の子嚢果標本を解析した木下らが初めてである (Kinoshita et al., 2011)。その研究では日本には約 20 種のセイヨウショウロ属菌が確認されており、潜在的には 40 種程度存在する可能性も示されている。そして、当該研究で解析された 5 種とその後に見つかった 1 種については新種記載報告がなされるなど、分類の整理が進められている (Kinoshita et al., 2016, 2018a, 2021, 2022)。一方で、近年、野外の外生菌根を対象とした DNA 解析に基づく菌類の多様性調査により、子嚢果として確認されていない、または確認されてはいても記載・分子系統解析に供されていない可能性のあるセイヨウショウロ属菌が、日本の様々な森林生態系において複数存在することが明らかになってきた (e.g., Janowski & Nara, 2024; Miyamoto et al., 2018; Obase et al., 2021, 2022)。また、中国などアジアにおけるセイヨウショウロ科菌の新種記載も多数報告され続けている (e.g., Fan et al., 2022)。このように、日本におけるセイヨウショウロ科菌の多様性に関する DNA 情報は、子嚢果または外生菌根などの別の素材を対象とした研究から新たに集積されつつあるが、これらの情報を集約して日本における本菌の多様性や分布・生態解明の状況把握を試みた研究は未だ見られない。

そこで本研究では、全世界の塩基配列情報が集約されている国際塩基配列データベース (International Nucleotide Sequence Database; INSD) に登録されている日本由来のセイヨウショウロ科菌の配列情報を収集し、系統解析を行うことによって、日本に

おけるセイヨウショウロ科菌のフロラおよび生態解明の実態把握を試みた。

材料および手法

配列の取得および分子系統解析

日本産の配列の取得と分子系統解析の方法は小長谷 (2026) に倣った。セイヨウショウロ科は主に北半球に分布するセイヨウショウロ属および *Choiromyces* Vittad. と南半球に分布する *Dingleya* Trappe, *Labyrinthomyces* Boedijn, *Nothojafnea* Rifai, *Reddellomyces* Trappe, Castellano & Malajczuk で構成される (Bonito et al., 2013)。セイヨウショウロ属は複数のクレードで構成されるため (Bonito et al., 2013; Cseh et al., 2024; Fan et al., 2016)、各クレードの代表的な既知種の ITS (Internal transcribed spacer) 配列を INSD から取得した (表 1)。さらに Kinoshita et al. (2011) で示された日本産の 20 種から各 1 配列を取得した。セイヨウショウロ属以外の属については、代表的な既知種や未記載種の ITS 領域の塩基配列を取得した。各配列に対して NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) の BLAST 検索 (データベース: Core nucleotide BLAST database、アルゴリズム: blastn) を行い、登録情報中に "Japan" が含まれ、検索に供試した配列 (クエリ配列) と相同性 80% 以上、カバー率 50% 以上の配列を取得した。得られた配列と既知種の配列を MAFFT version 7 (Katoh & Standley, 2013) でアライメントし、MEGA version 12.0.11 (Kumar et al., 2024) を用いて最尤法による分子系統樹を作成した。外群は *Geomorium australianum* (B.C. Zhang & Minter) Kraisit., Pfister & M.E. Sm. および *G. singeri* (Gamundi & E. Horak) Kraisit., Pfister, Kuhar & M.E. Sm. とした。置換モデルは改良された赤池情報量規準 (AICc) の値が低かった GTR+G+I を用いた。ブートストラップ解析には標準誤差の閾値を 5% 以下とした Adaptive bootstrap 法を用いた。Mothur (Schloss et al., 2009) を用いて相同性が 95% 以上の配列を操作的分類単位 (OTU: Operational Taxonomic Unit) にグループ分けし、最尤系統樹の結果と照らし合わせた。基本的に、同じ OTU に含まれ、高いブートストラップ値 (概ね 80% 以上) で単系統が支持される分類群をサブクレードと定義した。サブクレードに既知種が 1 種のみ含まれた場合は、その既知種をサブクレードの分類属性とした。2 種以上の既知種が含まれていた場合は、それらの種複合体 (species complex) とみなした。学名と区別するため、クレード名は初めにスラッシュを付し、小文字および直立体で表記した。なお、ホンセイヨウショウロ *T. japonicum* Hir. Sasaki, A. Kinosh. & Nara を

表 1. BLAST 検索および分子系統解析に供した参照配列

Table 1. Reference sequences for BLAST search and/or phylogenetic analysis

Taxon	Clade in <i>Tuber</i>	Collection (ID) number	Country	ITS_Genbank
<i>Tuber aestivum</i>	/aestivum	AQUI 10150***	Italy	MZ423173
<i>Tuber magnatum</i>	/aestivum	TO HG3458****	Italy	MZ423175
<i>Tuber mesentericum</i>	/aestivum	AQUI 9717***	Italy	OL711593
<i>Tuber pulchrosporium</i>	/aestivum	VN091*	Greece	MK113975
<i>Tuber sinoaestivum</i>	/aestivum	BJTC FAN487	China	OM256773
<i>Tuber suave</i>	/aestivum	AQUI 7131*	Italy	OL711623
<i>Tuber excavatum</i>	/excavatum	BM100	Spain	FJ748899
<i>Tuber fulgens</i>	/excavatum	M2435	Italy	HM485358
<i>Tuber pseudofulgens</i>	/excavatum	BJTC FAN399*	China	NR 182567
<i>Tuber verrucosivolvum</i>	/excavatum	HKAS 88863*	China	NR 154956
<i>Tuber gennadii</i>	/gennadii	JT9627**	Spain	HM485360
<i>Tuber lacunosum</i>	/gennadii	M1904	Italy	HM485361
<i>Tuber bellisporum</i>	/gibbosum	JT11679*	USA	FJ809855
<i>Tuber gibbosum</i>	/gibbosum	JT26632	USA	FJ809862
<i>Tuber oregonense</i>	/gibbosum	GB284*	USA	FJ809874
<i>Tuber conditum</i>	/latisporum	YAAS L3385*	China	ON454665
<i>Tuber elevatireticulatum</i>	/latisporum	XTAM3*	Taiwan	MF540618
<i>Tuber latisporum</i>	/latisporum	HKAS 44315	China	DQ898183
<i>Tuber luyashanense</i>	/latisporum	BJTC FAN1031*	China	OM256769
<i>Tuber luyashanense</i>	/latisporum	BJTC FAN803**	China	OM256771
<i>Tuber parvomurphium</i>	/latisporum	BJTC FAN323	China	KP276185
<i>Tuber parvomurphium</i>	/latisporum	BJTC FAN298*	China	KP276186
<i>Tuber pseudosphaerosporum</i>	/latisporum	BJTC FAN250*	China	KF744063
<i>Tuber qujingense</i>	/latisporum	HKAS 95823*	China	NR 199203
<i>Tuber songlu</i>	/latisporum	HKAS 95771*	China	KX904883
<i>Tuber songlu</i>	/latisporum	HKAS 95851	China	KX904886
<i>Tuber thailandicum</i>	/latisporum	SDBR-CMU-MTUF002	Thailand	KP196329
<i>Tuber thailandicum</i>	/latisporum	SDBR-CMU-MTUF001*	Thailand	KP196328
<i>Tuber calosporum</i>	/macrosporium	HKAS 88790*	China	KT444598
<i>Tuber glabrum</i>	/macrosporium	BJTC FAN228*	China	KF002731
<i>Tuber macrosporium</i>	/macrosporium	Macro1	Italy	AF106885
<i>Tuber monosporium</i>	/macrosporium	ACAMTub455	Greece	PP918907
<i>Tuber sinomonosporium</i>	/macrosporium	BJTCFan150*	China	KF002729
<i>Tuber beyeleri</i>	/maculatum	JT32597*	USA	HM485408
<i>Tuber brennemanii</i>	/maculatum	FLAS-F-61235*	USA	MF611779
<i>Tuber castilloi</i>	/maculatum	ITCV 149	Mexico	HM485403
<i>Tuber excelsum-reticulatum</i>	/maculatum	BJTC FAN863*	China	OM265272
<i>Tuber foetidum</i>	/maculatum	HMJAU65128	China	OQ750212
<i>Tuber foetidum</i>	/maculatum	B-2452	Hungary	AJ557543
<i>Tuber leptoderum</i>	/maculatum	ACAMTub475*	Greece	PQ877422
<i>Tuber maculatum</i>	/maculatum	A15	Italy	AM406673
<i>Tuber pseudomagnatum</i>	/maculatum	BJTC FAN163*	China	JQ771192
<i>Tuber shearii</i>	/maculatum	JT12498	USA	GQ221450
<i>Tuber whetstonense</i>	/maculatum	JT25783**	USA	HM485392
<i>Tuber wumengense</i>	/maculatum	BJTC FAN218A*	China	NR 147441
<i>Tuber brumale</i>	/melanosporium	GB52	Italy	HM485345
<i>Tuber formosanum</i>	/melanosporium	HKAS 62628*	Taiwan	JN655530
<i>Tuber himalayense</i>	/melanosporium	HKAS 25689	China	AY773356
<i>Tuber melanosporium</i>	/melanosporium	GB200	Italy	FJ748904
<i>Tuber pseudobrumale</i>	/melanosporium	BJTC FAN322	China	OM287839
<i>Tuber pseudohimalayaense</i>	/melanosporium	BJTC FAN122	China	MF627983
<i>Tuber sinense</i>	/melanosporium	BJTC FAN110	China	MF627970
<i>Tuber variabilisporium</i>	/melanosporium	BJTC FAN 362*	China	OM287845
<i>Tuber yigongense</i>	/melanosporium	BJTC FAN731*	China	MF663714
<i>Tuber multimaculatum</i>	/multimaculatum	OSC62169**	Spain	HM485377
<i>Tuber anniae</i>	/puberulum	JT13209*	USA	HM485338
<i>Tuber anniae</i>	/puberulum	JT22695	USA	HM485339
<i>Tuber anniae</i>	/puberulum	BJTC FAN644	China	OM286869
<i>Tuber borchii</i>	/puberulum	GB1	Italy	FJ809852
<i>Tuber californicum</i>	/puberulum	JT28058	USA	HM485346

表 1. (続き)

Table 1. (continued)

Taxon	Clade in <i>Tuber</i>	Collection (ID) number	Country	ITS_Genbank
<i>Tuber cistophilum</i>	/puberulum	AH 39275	Spain	JN392231
<i>Tuber dryophilum</i>	/puberulum	GB35	Italy	JQ925644
<i>Tuber koreanum</i>	/puberulum	GB20004*	Republic of Korea	OK275104
<i>Tuber lijiangense</i>	/puberulum	BJTC FAN307	China	KP276188
<i>Tuber microsphaerosporum</i>	/puberulum	BJTC Fan152	China	KF805726
<i>Tuber oligospermum</i>	/puberulum	M1828	Italy	HM485341
<i>Tuber pacificum</i>	/puberulum	OSC 62159	USA	EU837241
<i>Tuber sphaerosporum</i>	/puberulum	JT12487	USA	FJ809853
<i>Tuber xuanhuaense</i>	/puberulum	BJTC FAN618	China	MK045627
<i>Tuber bernardinii</i>	/regianum	2172	Italy	KY420104
<i>Tuber magentipunctatum</i>	/regianum	ZB4293*	Hungary	JQ288909
<i>Tuber regianum</i>	/regianum	ZB3081	Slovakia	KY420098
<i>Tuber huidongense</i>	/rufum	BJTC FAN103	China	MH115294
<i>Tuber huidongense</i>	/rufum	BJTC FAN101	China	OM311172
<i>Tuber lannaense</i>	/rufum	SDBR-CMU-MTUF006*	Thailand	KT758730
<i>Tuber liaotongense</i>	/rufum	BJTC FAN550	China	MH115302
<i>Tuber lyonii</i>	/rufum	GB108	USA	FJ748910
<i>Tuber malacodermum</i>	/rufum	JT32319	Spain	FJ809889
<i>Tuber microspermum</i>	/rufum	BJTC FAN149*	China	OM311180
<i>Tuber microspiculatum</i>	/rufum	BJTC FAN138*	China	MH115317
<i>Tuber nitidum</i>	/rufum	BM105	Spain	FJ809885
<i>Tuber sinoalbidum</i>	/rufum	BJTC FAN105*	China	JF921164
<i>Tuber cf. sinoalbidum</i>	/rufum	BJTC FAN167	China	OM311183
<i>Tuber subglobosum</i>	/rufum	BJTC FAN153*	China	JX267043
<i>Tuber subglobosum</i>	/rufum	BJTC FAN432	China	MH115323
<i>Tuber taiyuanense</i>	/rufum	T42 HM75888	China	GU979033
<i>Tuber taiyuanense</i>	/rufum	BJTC FAN133	China	OM311175
<i>Tuber umbilicatum</i>	/rufum	T2 HKAS 44316	China	GU979031
<i>Tuber umbilicatum</i>	/rufum	BJTC FAN225	China	MH115325
<i>Tuber turmericum</i>	/turmericum-japonicum	BJTC FAN475	China	KT758839
<i>Geomorium australiana</i>	-	OSC-130601	Australia	JQ925629
<i>Geomorium singeri</i>	-	MES-2266	Chile	MK430931
<i>Choioomyces alveolatus</i>	-	MES97	USA	HM485332
<i>Choioomyces cerebriformis</i>	-	YAAS 8890*	China	MW209701
<i>Choioomyces helanshanensis</i>	-	KUN-HKAS 80634*	China	KP019346
<i>Choioomyces magnusii</i>	-	AH19770	Spain	JF300143
<i>Choioomyces meandriformis</i>	-	RH691	USA	HM485330
<i>Choioomyces sichuanensis</i>	-	YNAU003*	China	MW380902
<i>Choioomyces venosus</i>	-	AH38935	United Kingdom	JF300145
<i>Dingleya sp.</i>	-	JT31036	Australia	JQ925628
<i>Dingleya sp.</i>	-	JT27686	Australia	JQ925627
<i>Dingleya sp.</i>	-	JT20122	Australia	JQ925626
<i>Labyrinthomyces varius</i>	-	AWC5466	Australia	JF300129
<i>Labyrinthomyces sp.</i>	-	JT25359	Australia	JQ925633
<i>Labyrinthomyces sp.</i>	-	JT28801	Australia	JQ925634
<i>Labyrinthomyces sp.</i>	-	JT28821	Australia	JQ925635
<i>Nothojafnea thaxterii</i>	-	FLAS-F-65961	Chile	MT366731
<i>Reddellomyces donkii</i>	-	AH7156	Spain	JF300140
<i>Reddellomyces westraliensis</i>	-	OSC JT31993	Australia	PX136885
<i>Reddellomyces sp.</i>	-	JT27723	Australia	JQ925641
<i>Reddellomyces sp.</i>	-	JT27724	Australia	HM485336
<i>Reddellomyces sp.</i>	-	JT4985	Australia	JQ925642
<i>Reddellomyces sp.</i>	-	JT6873	Australia	HM485337

*Holotype, **Paratype, ***Epitype, ****Neotype.

含むクレードは、初め「japonicum」と命名されたが (Kinoshita et al., 2011)、本クレードで初めて記載報告された中国産の種の種小名「turmericum」もクレード名に提案されている (Fan et al., 2015)。近年では両名を合わせた「turmericum-japonicum」も使用されていることから、本稿では同名を採用した。

各種情報の取得

NCBI の GenBank に登録されている各配列の由来 (子嚢果、外生菌根など)、宿主植物、採取地に関する情報を抽出した。各配列を引用している文献が閲覧できる場合は、文献を精査し、より詳細な情報 (標本番号、宿主植物、調査地の植生など) に置き換えた。

菌の分布

日本に生息する菌類の世界的な分布を推定するため、得られた日本の各配列の参照番号 (Accession No.) を UNITE (<https://unite.ut.ee/index.php>) で検索した。INSD および UNITE 独自で保有する配列を用いて定期的に生成されている種レベルの操作分類群 Species hypothesis (SH) のいずれに検索配列が属するのかが明らかになった。最も近縁な SH 間の最小距離 (配列の変

異) を 0.5% から 3.0% まで 0.5% 刻みで変更して設定した時の、検索配列を含む SH に含まれる他の配列の採取地を記録した。

結果

分子系統解析

予備的に行った分子系統解析 (近隣接合法およびブートストラップの回数を 10 回に減らした最尤法) によって、得られた全配列はセイヨウショウロ属菌のクレードに属することが分かった。そのため、セイヨウショウロ属以外のセイヨウショウロ科菌を除いて分子系統解析を行った。得られた計 433 配列 (表 S1) は、セイヨウショウロ属の 7 クレード (*/puberulum*、*/latisporum*、*/maculatum*、*/turmericum-japonicum*、*/rufum*、*/melanosporum*、*/macrosporum*) (図 1) に属した。各クレードは概ね高いブートストラップ値 (93–100%) で支持されていたが、*/latisporum* の値は比較的低かった (83%)。また、*/regianum* の菌類は多系統であった。

95% 閾値で区分された各 OTU は、少数の分岐群を除き統計的に強く支持される単系統群を形成していた。*/puberulum* の 2 分岐群 */tuber-JP3* および */tuber-JP4* は同じ OTU に区分される単系統であったが、ブートストラップによる支持はやや低かった (74%)。Kinoshita et al. (2011) では、両分岐群をそれぞれ「*Tuber*

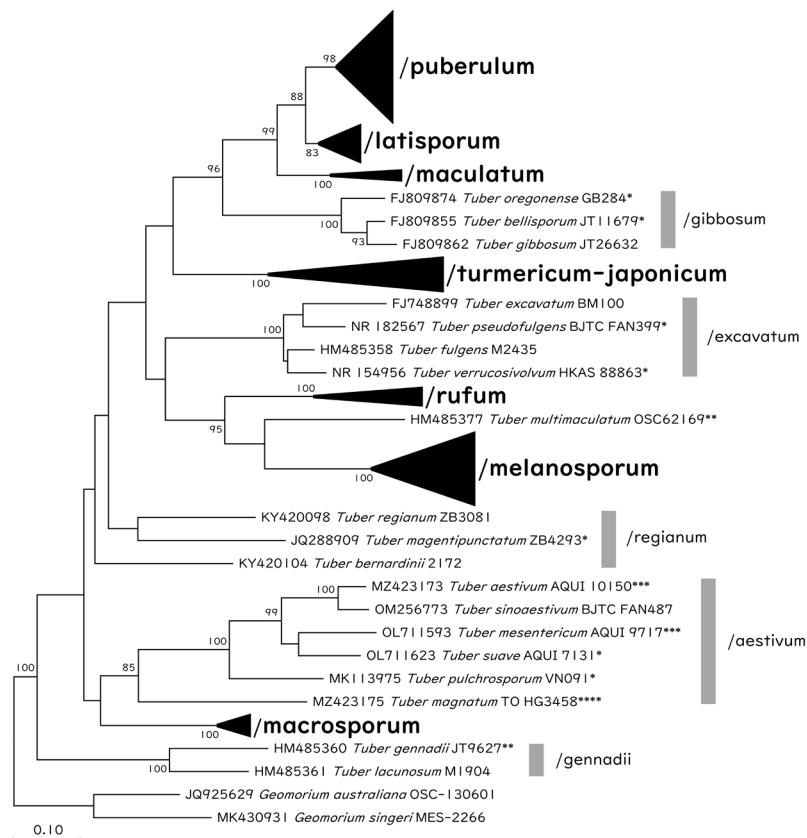


図 1. 日本のセイヨウショウロ属菌および近縁種の系統関係。系統関係は rDNA-ITS 配列に基づく最尤法を用いて推定した。80% 以上のブートストラップ値を分岐上に示した。日本の配列を含むクレード名は太字で示した。各クレードのサブツリーは図 2–8 に示した。* ホロタイプ、** パラタイプ、*** エピタイプ、**** ネオタイプ。

Fig. 1. Phylogenetic relationships of fungi belonging to the genus *Tuber* in Japan and their allied species. Phylogenetic relationships were inferred with the use of the maximum likelihood method based on rDNA-ITS sequences. Bootstrap values greater than 80% are designated at the nodes. Clades including sequences derived from Japan are indicated in bold. Subtrees for each clade are indicated in Figs. 2–8. * holotype, ** paratype, *** epitype, **** neotype.

sp. 20」および「*Tuber* sp. 19」と異なる分類群に分けていたことを踏まえて、本稿においても両分岐群はそれぞれ異なるサブクレードとみなした。*/tuber-JP6* は2つの OTU の配列を含んでいたが、配列間の変異は比較的小さかったため（最大 5.4%）、一つのサブクレードとみなした。*/latisporum* の */tuber-JP9* は、複数配列で構成される OTU に 1 配列で構成される複数の OTU

(LC711450、LC364214、LC667206) と既知種 (KF744063) の 1 配列が混在していた。これらの配列間の変異は最大で 9.9% と高かったが OTU 間の境界が分子系統樹上で明確でなかったため、本研究では複数種を含むサブクレードとして一つにまとめた。これらの結果、本研究で得られた日本産の全配列は計 29 サブクレードに分類されると判断した (図 2-8)。各クレードの配

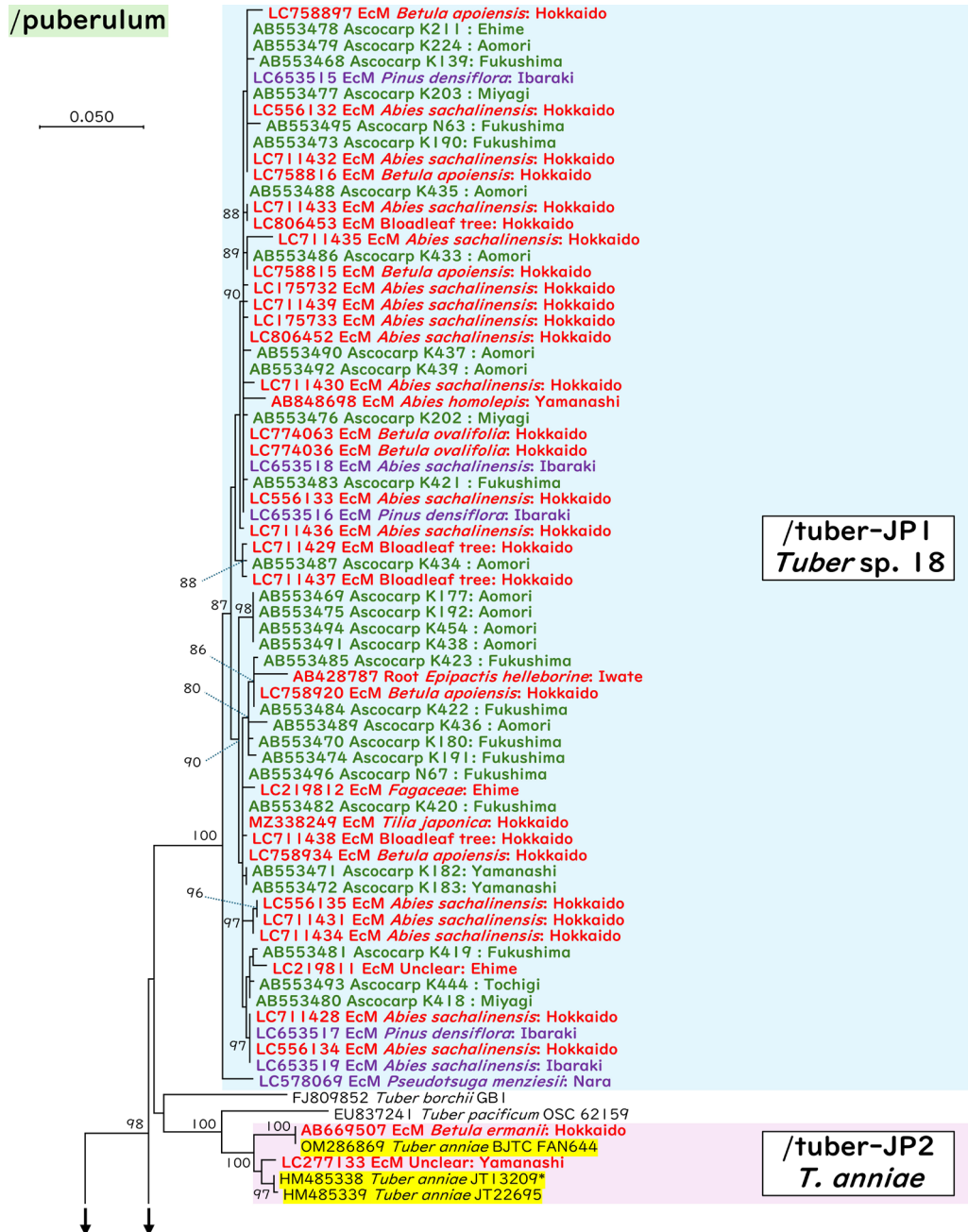


図 2. 図 1 における */puberulum* の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した (赤:野外から採集した根、紫:実験条件下 (外生菌根合成など) で採取した根、緑:子嚢果)。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。各サブクレードの分類属性として、本研究で付与したサブクレード名 (*/tuber-JPxx*)、Kinoshita et al. (2011) で使用した系統分類名 (*Tuber* sp. xx)、および既知種名を記載した。* ホロタイプ。

Fig. 2. Sub-tree showing phylogenetic relationships within */puberulum* in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from roots in fields are shown in red, those from experimental conditions (ectomycorrhization etc.) are in purple, and those from ascocarps are in green. Described species that included in subclades are highlighted. For classification attributes, subclade names assigned in this study (*/tuber-JPxx*) are described, along with the phylogenetic names used in Kinoshita et al. (2011) (*Tuber* sp. xx) and the described species names. * holotype.

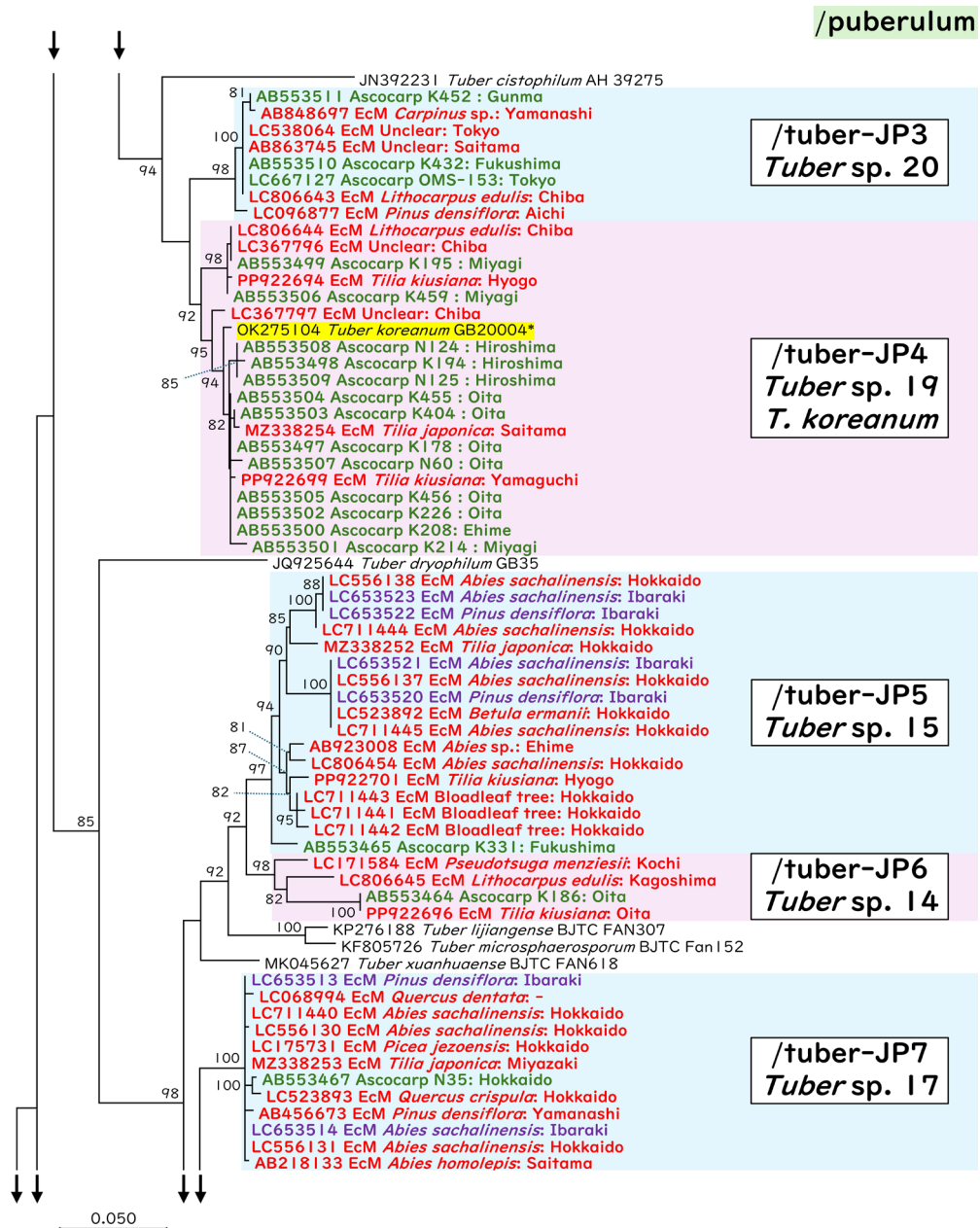


図 2. (続き).
Fig. 2. (continued).

列数およびサブクレード数は以下の通りである：/puberulum；183 配列 8 サブクレード、/latisporum；33 配列 8 サブクレード、/maculatum；6 配列 2 サブクレード、/turmericum-japonicum；56 配列 3 サブクレード、/rufum；13 配列 3 サブクレード、/melanosporum；110 配列 3 サブクレード、/macrosporum；32 配列 2 サブクレード。

このうち 18 サブクレードは既知種を含んでいた (表 S1)：/puberulum；/tuber-JP2 (*T. anniae* W. Colgan & Trappe)、/tuber-JP4 (*T. koreanum* H. Park & A.H. Eom)、/latisporum；/tuber-JP9 (*T. pseudosphaerosporum* L. Fan)、/tuber-JP10 (*T. thailandicum* Suwannar., Kumla & Lumyong)、/tuber-JP12 (*T. parvomurphium*

L. Fan)、/tuber-JP13 (*T. songlu* S.P. Wan)、/maculatum；/tuber-JP17 (*T. excelsumreticulatum* L. Fan & Ting Li)、/tuber-JP19 (*T. foetidum* Vittad.)、/turmericum-japonicum；/tuber-JP19 (ジュズダマセイヨウシヨウロ *T. torulosum* A. Kinosh., Koh. Yamam. & A. Yamada)、/tuber-JP20 (ウスキシヨウシヨウロ *T. flavidosporum* Hir. Sasaki, A. Kinosh. & Nara)、/tuber-JP21 (ホンセイヨウシヨウロ *T. japonicum* Hir. Sasaki, A. Kinosh. & Nara)、/rufum；/tuber-JP22 (*T. huidongense* 他数種)、/tuber-JP23 (*T. sinoalbidum*, *T. subglobosum*)、/tuber-JP24 (*T. taiyuanense* Y. Wang 他数種)、/melanosporum；/tuber-JP26 (アジアクロセイヨウシヨウロ *T. himalayense* B.C. Zhang & Minter)、/tuber-JP27 (イボセイヨ

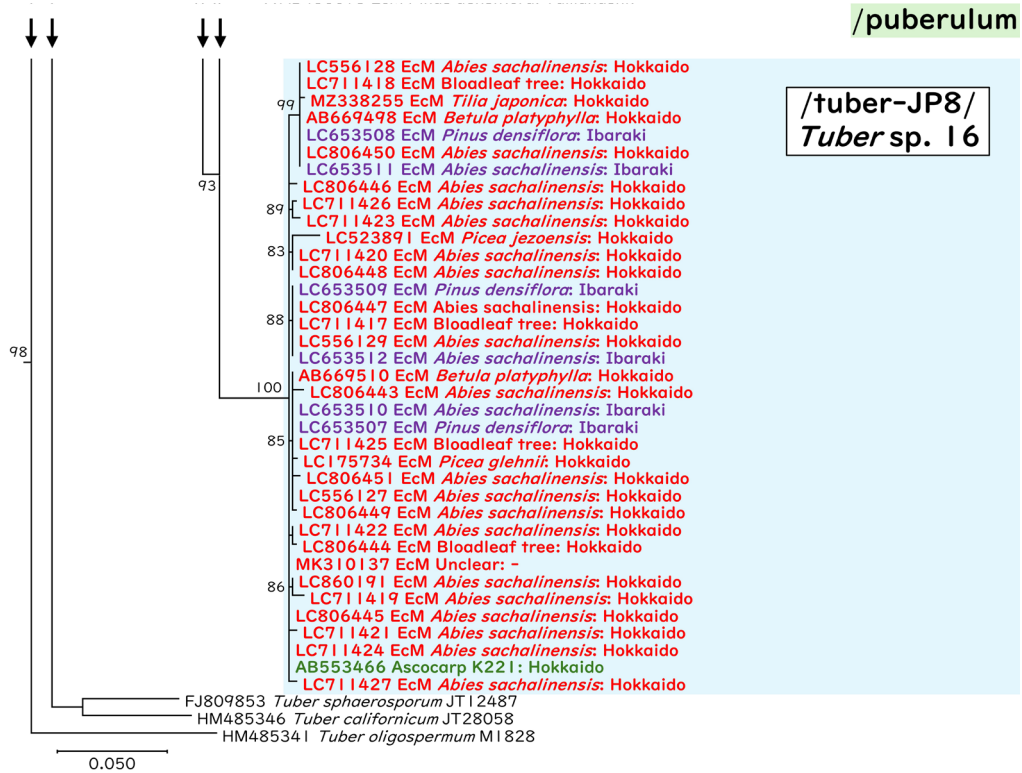


図 2. (続き).
Fig. 2. (continued).

ウシヨウロ *T. longispinosum* A. Kinosh.)、/macrosporum ; /tuber-JP28 (キチャセイヨウシヨウロ *T. iryudaense* Hir. Sasaki, A. Kinosh., Min. Nakaj., Orihara & Nara)、/tuber-JP29 (チャセイヨウシヨウロ *T. tomentosum* Hir. Sasaki, A. Kinosh. & Nara)。その他のサブクレードは未記載種の子嚢果または子嚢果以外の由来（主に外生菌根）の配列で構成されていた (/puberulum : 6 サブクレード、/latisporum : 4 サブクレード、/melanosporum : 1 サブクレード)。

配列の由来

配列の由来は、不明なもの 1 つを除くと多い順から子嚢果 (235 配列)、外生菌根 (191)、外生菌根以外の根 (5)、土壌 (1) であった。由来別の配列の比率はクレード毎に異なっていた (図 9)。/puberulum では外生菌根由来の占める配列の比率 (73%) が子嚢果由来よりも高かったが、/turmericum-japonicum、/rufum、/melanosporum では子嚢果由来の配列の比率 (それぞれ 82%、85%、73%) が外生菌根由来の比率よりも高かった。ちなみに /turmericum-japonicum、/melanosporum の外生菌根由来の配列のほとんどは人工的に苗木に菌を共生させて形成した外生菌根であり、野外の森林の外生菌根由来の配列は 1 つのみと少ない。/latisporum では約半数を子嚢果由来の配列が占めていた (52%)。/maculatum では子嚢果由来の配列が無かったのに対し、/macrosporum では外生菌根由来の配列が無かった。

宿主植物

日本のセイヨウシヨウロ属の菌類と菌根共生していた樹木は、針葉樹のモミ属 (ウラジロモミ、トマツ)、カラマツ属 (カラマツ)、トウヒ属 (エゾマツ、アカエゾマツ)、マツ属 (ヤクタネゴヨウ、アカマツ、クロマツ)、トガサワラ属 (ペイマツ) と、広葉樹のカバノキ属 (アポイカンバ、ダケカンバ、ヤチカンバ、シラカンバ)、クマシデ属、マテバシイ属 (マテバシイ)、コナラ属 (クヌギ、ミズナラ、カシワ、ウバメガシ、コナラ)、ブナ属、シナノキ属 (シナノキ、ヘラノキ、オオバボダイジュ) であった (表 S1)。その他にラン科草本植物のササバギシラン (/latisporum; /tuber-JP9)、ムヨウラン (/latisporum; /tuber-JP9)、エゾスズラン (/puberulum; /tuber-JP1、/maculatum; /tuber-JP18、/rufum; /tuber-JP24) の根からも本菌は検出されていた。各クレードの宿主樹種の種数は /puberulum が計 19 (針葉樹 8 種、広葉樹 11 種) と最も高かった (図 10)。続いて /latisporum の 9 種 (針葉樹 3 種、広葉樹 6 種)、/turmericum-japonicum および /melanosporum の 4 種 (各針葉樹 1 種、広葉樹 3 種) と続いた。/rufum は広葉樹 1 種のみであった。/macrosporum は外生菌根由来の配列が無かったため、正確な宿主植物は不明であった。

配列数の少ないクレード (/maculatum、/rufum、/macrosporum) を除くと、いずれのクレードも針葉樹および広葉樹の外生菌根からの検出例があった (図 10)。樹種の科別に見ると、カバノキ属樹種の外生菌根から検出されたセイヨウシヨウロ属菌は全て

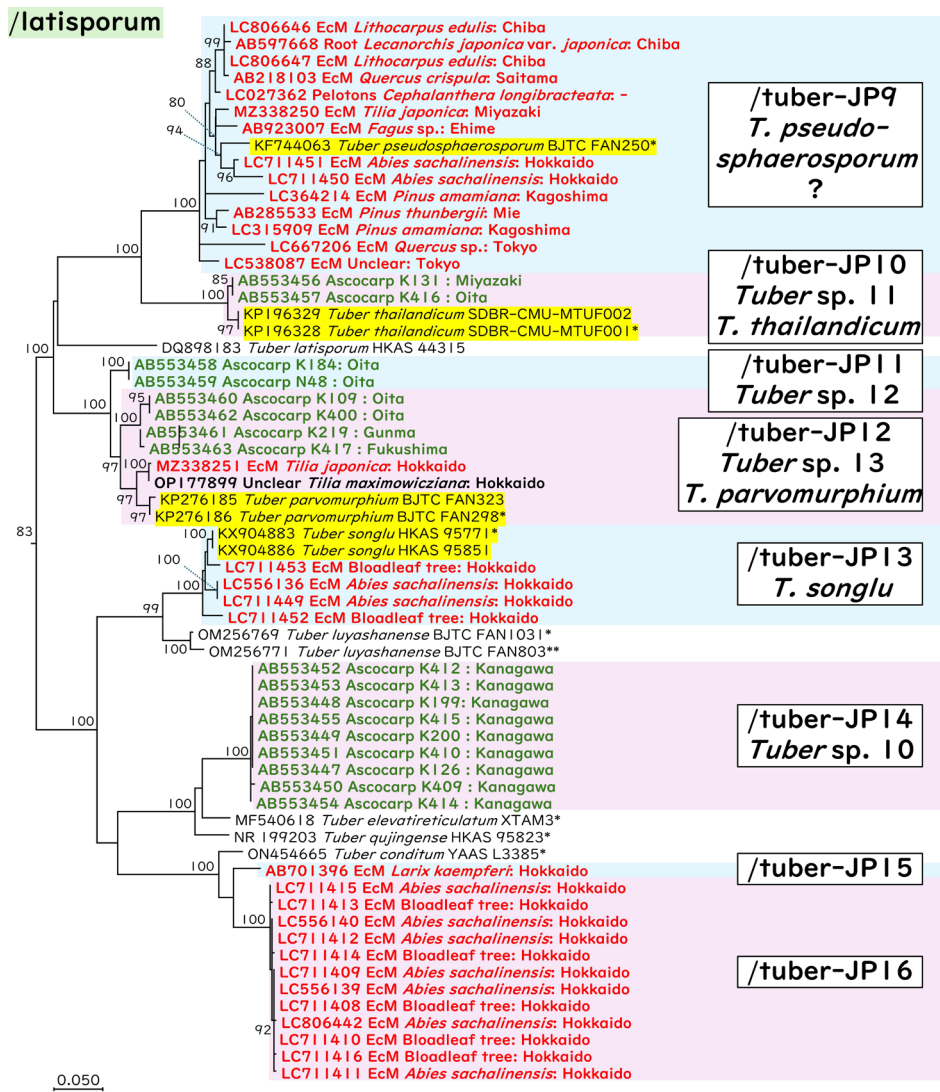


図 3. 図 1 における /latisporum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した（赤：野外から採集した根、緑：子嚢果）。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。* ホロタイプ、** パラタイプ。

Fig. 3. Sub-trees showing phylogenetic relationships within /latisporum in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from roots in fields are shown in red and those from ascocarps are in green. Described species included in subclades are highlighted. * holotype, ** paratype.

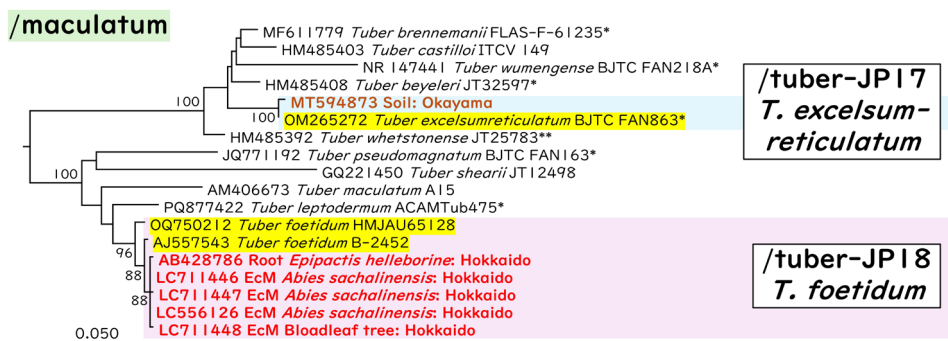


図 4. 図 1 における /maculatum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した（赤：野外から採集した根、茶：土壌）。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。* ホロタイプ、** パラタイプ。

Fig. 4. Sub-trees showing phylogenetic relationships within /maculatum in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from roots in fields are shown in red and those from soil are in brown. Described species included in subclades are highlighted. * holotype, ** paratype.

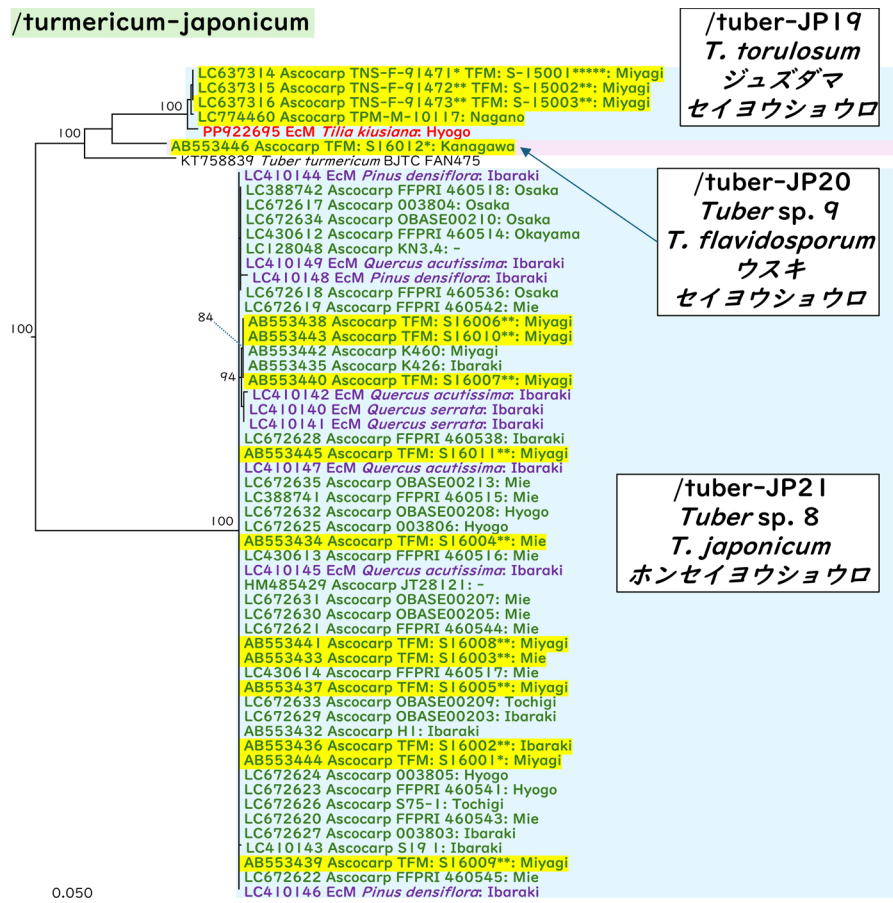


図 5. 図 1 における /turmericum-japonicum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した（赤：野外から採集した根、紫：実験条件下で採取した根、緑：子嚢果）。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。* ホロタイプ、** パラタイプ、***** アイソタイプ。

Fig. 5. Sub-trees showing phylogenetic relationships within /turmericum-japonicum in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from roots in fields are shown in red, those from experimental conditions (ectomycorrhization etc.) are in purple, and those from ascocarps are in green. Described species that included in subclades are highlighted. * holotype, ** paratype, ***** isotype.

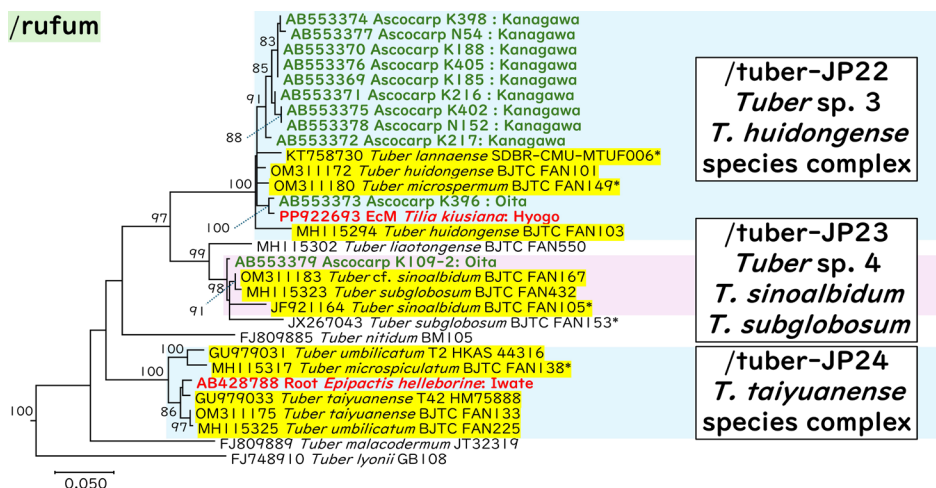


図 6. 図 1 における /rufum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した（赤：野外から採集した根、緑：子嚢果）。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。* ホロタイプ。

Fig. 6. Sub-trees showing phylogenetic relationships within /rufum in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from roots in fields are shown in red and those from ascocarps are in green. Described species that included in subclades are highlighted. * holotype.

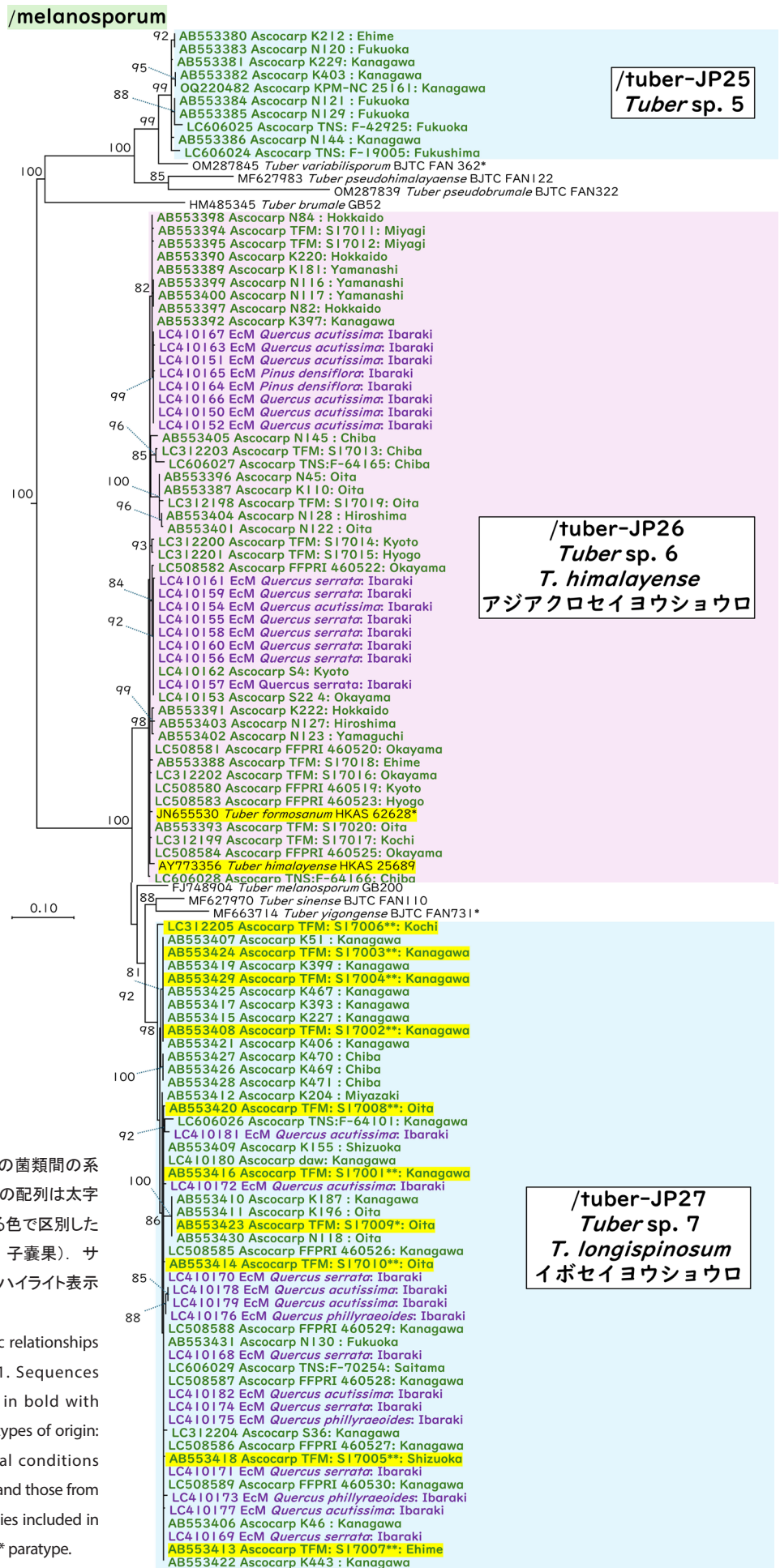


図 7. 図 1 における /melanosporum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹。日本由来の配列は太字で示し、起源の種類に対応する異なる色で区別した(紫: 実験条件下で採取した根, 緑: 子嚢果)。サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した。* ホロタイプ, ** パラタイプ。

Fig. 7. Sub-tree showing phylogenetic relationships within /melanosporum in Figure 1. Sequences derived from Japan are indicated in bold with different colors corresponding to the types of origin: those originated from experimental conditions (ectomycorrhization etc.) are in purple and those from ascocarps are in green. Described species included in subclades are highlighted. * holotype, ** paratype.

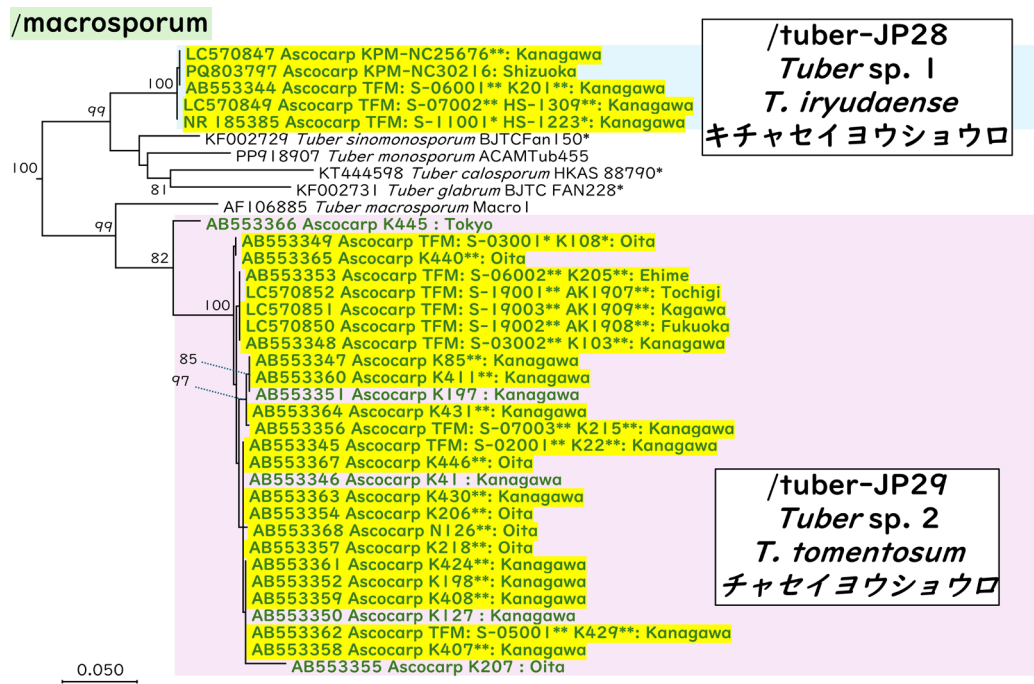


図 8. 図 1 における /macrosporum の菌類間の系統関係を示す部分系統樹. 日本由来の全配列は子実体由来であり、太字で緑色で示した. サブクレードに含まれる既知種は黄色でハイライト表示した. * ホロタイプ, ** パラタイプ.

Fig. 8. Sub-tree showing phylogenetic relationships within /macrosporum in Figure 1. All sequences derived from Japan are originated from ascocarps and indicated in bold with green color. Described species included in subclades are highlighted. * holotype, ** paratype.

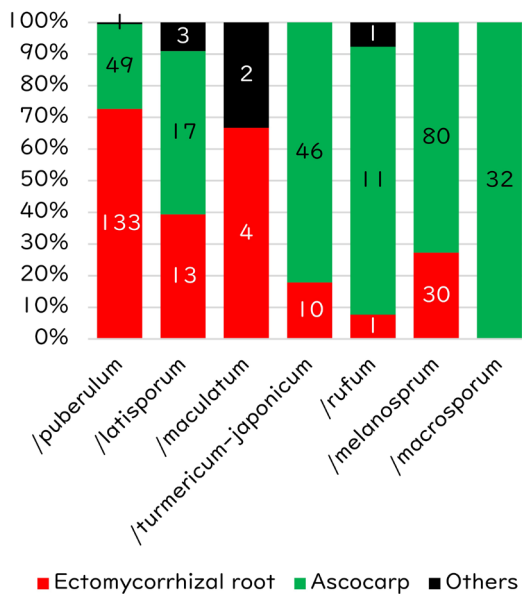


図 9. 日本のセイヨウシヨウロ属菌の各クレードにおける、異なる起源 [外生菌根, 子嚢果, その他 (ランの根, 土壌, 不明を含む)] に由来する配列数の割合.

Fig. 9. Ratio of the numbers of sequences originated from different origins in Japan for each clade of the genus *Truber*: ectomycorrhizal roots, ascocarps and others (including orchid roots, soil and those of unknown origin).

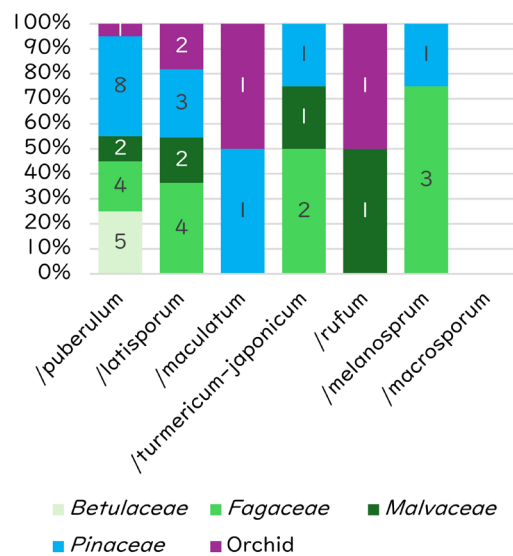


図 10. 日本のセイヨウシヨウロ属菌の各クレードにおける、宿主植物の分類群別に見た種数の割合.

Fig. 10. Ratio of the numbers of host plant species of the different plant taxa in Japan for each clade of the genus *Truber*.

/puberulum に属していた。マツ科、ブナ科樹種は配列数の少ない3クレード以外の全てのクレードの菌類が検出された。アオイ科は配列数の少ない3クレードと/melanosprum 以外のクレードの菌類が検出された。

菌の分布

セイヨウシヨウロ属菌は北海道から鹿児島県に至る31都道府県で検出された。総じて、外生菌根菌と共生する樹木で構成される山間部の針広混交林や、針葉樹または広葉樹の優占する天然林・二次林、そして針葉樹人工林から検出されていた。/puberulum、/latisporum、/melanosporum の菌類が検出された国内の範囲は北海道～九州地方であった。/turmericum-japonicum は東北～中国地方、/macrosporum は関東～九州地方、/rufum は東北～九州地方であった。/maculatum は北海道と岡山の2道県であった。

UNITE における配列検索では、15のサブクレード (/puberulum; /tuber-JP1, 3, 5, 6, 8, /latisporum; /tuber-JP9, 11, 14, 15, 16, /turmericum-japonicum, /tuber-JP20 [ウスキシヨウシヨウロ], 21 [ホンセイヨウシヨウロ], /melanosporum; /tuber-JP25, /macrosporum; /tuber-JP28 [キチャセイヨウシヨウロ], 29 [チャセイヨウシヨウロ]) の配列は、SH 間の最小変異が3.0%と高い時においても日本のみの配列を含む SH に含まれた。そのため、これらの系統群は日本にのみ分布する可能性が高いと判断された (図 11)。2 サブクレード (/puberulum; /tuber-JP7, /melanosporum; /tuber-JP27 [イボセイヨウシヨウロ]) の配列は、SH 間の最小変異が3.0%の時に日本以外の東アジアや欧州または北米の配列を含み、SH 間の変異が2.5%以下の時は、日本のみの配列を含む SH に含まれた。これらの系統群は海外にも分布する種である可能性はあるが、日本の種は海外のもの

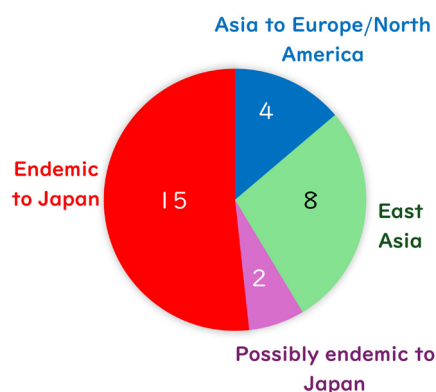


図 11. 日本のセイヨウシヨウロ属菌の異なる分布パターン別に見たサブクレード数の割合。

Fig. 11. Ratio of the numbers of *Tuber* subclades in Japan by different distributional patterns.

分子系統学的に区別できる可能性があるため、本稿ではおそらく日本にのみ分布すると判断した。8 サブクレードの配列 (/puberulum; /tuber-JP4 [*T. koreanum*], /latisporum; /tuber-JP10 [*T. thailandicum*], 12 [*T. parvomorphium*], 13 [*T. songlu*], /turmericum-japonicum; /tuber-JP19 [ジズダマセイヨウシヨウロ], /rufum, /tuber-JP22 [*T. huidongense* 種複合体], 23 [*T. sinoalbidum-T. subglobosum* 種複合体], 24 [*T. taiyuanense* 種複合体]) は、SH 間の変異が高くても1.5% およびそれ以下の時に中国や韓国、タイなどの配列を含む SH に含まれた。そのためこれらの系統群は日本を含む東アジアに分布すると判断した。4 サブクレード (/puberulum; /tuber-JP2 [*T. anniae*], /maculatum; /tuber-JP17 [*T. excelsumreticulatum*], 18 [*T. foetidum*], /melanosporum; /tuber-JP26 [アジアクロセイヨウシヨウロ]) の配列は、SH 間の変異が高くても1.5% およびそれ以下の時に、東アジア、欧州、北米または南米・ニュージーランド (/tuber-JP2) の配列を含む SH に含まれた。これらの系統群は主に北半球に広く分布すると判断された。

考察

本研究から、日本にはこれまでに子嚢果として確認されていた21種に、外生菌根や根、土壌から検出された種を加えた計29種類の多様なセイヨウシヨウロ属菌が生息することが明らかとなった。その中には、これまで日本において子嚢果が発見されていない/maculatum の2サブクレードも含まれている。そして、日本または海外の子嚢果標本に基づく記載や系統分析が着々と進められ、日本に生息するセイヨウシヨウロ属菌の約6割の系統群は種レベルまたはそれに相当する分類属性の推定が可能である現状が分かった。しかし一方で、子嚢果が未発見または未記載・未解析の状態のままの分類群がまだ多数存在すること、特にそれは種が豊富な/puberulum および/latisporum の菌類群に集中していることも明らかとなった。Kinoshita et al. (2011) によると、/puberulum の種のごく一部は他種と明確に区別できる形態的特徴を有しているが、その他の種は明確な形態差に乏しく区別が難しいとされている (注：当時は/latisporum は/puberulum の一部と認識されていたので、上記内容は/latisporum にも当てはまるとされる)。また併せて、各種の利用可能な標本が限られていることも指摘している。本研究結果は、これらの課題解決が今後の日本におけるセイヨウシヨウロ属の分類の整理を進める上で特に重要であることを示唆している。

/puberulum の菌類は宿主範囲が広く、様々な森林から外生菌根として多く検出されていることから、同クレードの菌類は日本で一般的とされる弱酸性 (pH5 ~ 6) の土壌の森林環境に適応して広範囲に分布する分類群と考えられる。これに対し、子嚢果由来の配列数は比較的多いにもかかわらず、野外の自然環境の外生菌根からの検出例が未だ全く無い/turmericum-japonicum、

/melanosporum、/macrosporum については、一般的な日本の森林内とは異なる環境の立地に局所的に生息している可能性がある。その代表的なものが /melanosporum のアジアクロセイヨウショウロ (/tuber-JP26) およびイボセイヨウショウロ (/tuber-JP27) であり、これらの種は弱酸性から弱アルカリ性（土壌 pH6 ~ 8）の、日本では比較的 pH の高い土壌の森林で子嚢果の発生が確認されている（古澤ら 2020）。/macrosporum の海外産の *Tuber macrosporum* Vittad. や *Tuber mesentericum* Vittad. についても、中性から弱アルカリ性の石灰質の土壌を好むという報告がある（Benucci et al., 2016）。林地や林縁で子嚢果が見つかる /turmericum-japonicum のホンセイヨウショウロは、カルシウムなどの養分が乏しい土壌を好む可能性が指摘されている（古澤ら 2020）。セイヨウショウロ属の子嚢果は、林縁（e.g., Kinoshita et al., 2021）や定期的に落ち葉掻きされる公園内で発見されることも多いことから、そのようなマイクロハビタットに依存している種も多く存在すると思われる。日本において石灰質土壌などアルカリ性の土壌上に成立する森林や、林縁などの微地形において外生菌根菌の多様性を調べた研究例は少ない。今後、こうした様々な立地環境を対象とした外生菌根の調査が日本で増えていくことで、これまで外生菌根から検出例の少ない、または未だ検出例の無いセイヨウショウロ属の分類群が新たに発見される可能性がある。

日本におけるセイヨウショウロ属の宿主範囲は、子嚢果の発生の樹種構成から、針葉樹～広葉樹まで広範であると類推されている（Kinoshita et al., 2011, 2018b）。本研究結果はその推定を支持するものであった。本調査で新たに見出されたセイヨウショウロ属菌の宿主は、トウヒ属、カラマツ属の樹種であり、前者は /puberulum の /tuber-JP7 および 8 と、後者は /latisporum の /tuber-JP15 と共生していた。一方、少ないながらラン科草本植物の根からもセイヨウショウロ属菌の検出例があった。海外でもセイヨウショウロ属を含む外生菌根菌がランの根から検出される報告例は多数ある（e.g., Gryndler, 2016）。今回ラン科植物から検出された 4 サブクレードのうち 3 は日本で子嚢果としては確認されていない分類群であったことから、樹木の外生菌根に並んで、ランの根（ラン菌根）の解析も日本におけるセイヨウショウロ属菌のフロラ解明に部分的に寄与する可能性がある。

日本の 29 のサブクレードのうち 12 ~ 14 は国外にも分布している可能性が高いと考えられた。その多く（8 サブクレード）は主に中国と、台湾、韓国やタイから検出されていることから、主に東アジアに分布していると考えられる。また、由来が子嚢果以外の配列を解析に加えたことにより、欧州（*T. foetidum*、アジアクロセイヨウショウロ）や北米（*T. excelsumreticulatum*）、南米・ニュージーランド（*T. anniae*）にまで広域分布する系統も、少数ながら日本に存在することも確認された。主に中国におけるセイヨウショウロ属の分類研究の進展（e.g., Fan et al., 2022）と配列情報の蓄

積により、これまで考えられていたよりも、海外、特に中国を含む東アジアに分布する種の占める割合が日本において高いことが明らかとなった。しかし、残りの 15 のサブクレード、すなわち日本全体の約半数の種は現状、日本のみに分布する固有種と思われ、その生物多様性の保全価値は依然として高いことが再認識された。

本研究では、セイヨウショウロ属以外のセイヨウショウロ科菌は検出されなかった。またセイヨウショウロ属の複数のクレードの菌類も検出されなかった。*Dingleya*、*Labyrinthomyces*、*Nothojafnea*、*Reddellomyces* は主に南半球に、セイヨウショウロ属の /gibossum は北米、/regianum、/gennadii は欧州に分布し、中国を含む東アジアでは発見例がないことから、日本に生息する可能性は低いと思われる。一方で、*Choiromyces* については北米や欧州に広く分布し、隣国の中国でも数種確認されている（e.g., Chen et al., 2016）。セイヨウショウロ属の /aestivum は種は少ないながらも、中国（*T. sinoaestivum* J.P. Zhang & P.G. Liu; Fan et al., 2022）やタイ（*T. magnatum* Picco; Suwannarach et al., 2017）など東アジア～東南アジアで報告例がある。また、/excavatum は中国では 7 種が報告されている（Fan et al., 2022）。これらの分類群は日本にも分布する可能性はあるが、子嚢果や菌根などからの発見例は知る限り報告されていない。

本研究では、近年利用が増加している次世代シーケンス解析で得られる大量の塩基配列情報は検索対象としていない。そのため本研究が提示する日本のセイヨウショウロ科の外生菌根菌相は、当フロラの実態を過小評価したものであることは間違いないだろう。しかし、本研究成果は日本の外生菌根菌相の理解状況を評価する上で貴重な一視点を提供すると思われる。それが、日本における外生菌根菌の分類・多様性研究の進展を促す契機に繋がることを願う。

補足資料

以下の補足資料は Truffology 9 巻 1 号のウェブページからダウンロードできる：表 S1。

Supplementary files

The following supplementary file can be downloaded from the Truffology Volume 9, Issue 1 website: Table S1.

引用文献

Benucci G.M.N., Csorbai A.G., Falini L.B., Marozzi G., Suriano E., Sitta N., Donnini D. (2016) Taxonomy, biology and ecology of *Tuber macrosporum* Vittad. and *Tuber mesentericum* Vittad. In: Zambonelli A., Iotti M., Murat C. (eds), True Truffle (*Tuber* spp.) in the world: soil ecology, systematics and biochemistry. Springer International Publishing, Cham, pp. 69–86.

- Bonito G., Smith M.E., Nowak M., Healy R.A., Guevara G., Cázares E., Kinoshita A., Nouhra E.R., Domínguez L.S., Tedersoo L., Murat C., Wang Y., Moreno B.A., Pfister D.H., Nara K., Zambonelli A., Trappe J.M., Vilgalys R. (2013) Historical biogeography and diversification of truffles in the Tuberales and their newly identified southern hemisphere sister lineage. *PLOS ONE* 8: e52765.
- Chen J., Sun L.H., Su Y., Zhao W.Q., Liu P.G. (2016) *Choiromyces helanshanensis* sp. nov., a new species of subterranean truffle from China. *Mycoscience* 57: 279–286.
- Cseh P., Merényi Z., Bóna L., Varga T., Bóka K., Nagy I., Kaounas V., Vidal J.M., Paz A., Bratek Z. (2024) Taxonomic characterisation of the Regianum clade (genus *Tuber*) and the trait evolution of spore size among true truffles. *Mycological Progress* 23: 11.
- Fan L., Han L., Zhang P.R., Yan X.Y. (2016) Molecular analysis of Chinese truffles resembling *Tuber californicum* in morphology reveals a rich pattern of species diversity with emphasis on four new species. *Mycologia* 108: 344–353.
- Fan L., Li T., Xu Y.Y., Yan X.Y. (2022) Species diversity, phylogeny, endemism and geography of the truffle genus *Tuber* in China based on morphological and molecular data. *Persoonia* 48: 175–202.
- Fan L., Liu X., Cao J. (2015) *Tuber turmericum* sp. nov., a Chinese truffle species based on morphological and molecular data. *Mycological Progress* 14: 111.
- 古澤仁美・山中高史・木下晃彦・仲野翔太・野口享太郎・小長谷啓介 (2020) 日本における2種のトリュフ (アジアクロセイヨウシヨウロおよびホンセイヨウシヨウロ) の生息地の土壌特性. 森林総合研究所研究報告 19: 55–67.
- Gryndler M. (2016) True truffle host diversity. In: Zambonelli A., Iotti M., Murat C. (eds), True Truffle (*Tuber* spp.) in the world: soil ecology, systematics and biochemistry. Springer International Publishing, Cham, pp. 267–281.
- Hansen K., Pfister D.H. (2006) Systematics of the Pezizomycetes—the operculate discomycetes. *Mycologia* 98: 1029–1040.
- Janowski D., Nara K. (2024) *Tilia* trees are preferred hosts of several ectomycorrhizal Ascomycota—New insights supported by the first community study of the endemic *Tilia kiusiana*. *Global Ecology and Conservation* 54: e03187.
- Katoh K., Standley D.M. (2013) MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* 30: 772–780.
- Kinoshita A., Nara K., Sasaki H., Feng B., Obase K., Yang Z.L., Yamanaka T. (2018a) Using mating-type loci to improve taxonomy of the *Tuber indicum* complex, and discovery of a new species, *T. longispinosum*. *PLOS ONE* 13: e0193745.
- Kinoshita A., Obase K., Yamanaka T. (2018b) Ectomycorrhizae formed by three Japanese truffle species (*Tuber japonicum*, *T. longispinosum*, and *T. himalayense*) on indigenous oak and pine species. *Mycorrhiza* 28: 679–690.
- Kinoshita A., Sasaki H., Nara K. (2011) Phylogeny and diversity of Japanese truffles (*Tuber* spp.) inferred from sequences of four nuclear loci. *Mycologia* 103: 779–794.
- Kinoshita A., Sasaki H., Nara K. (2016) Two new truffle species, *Tuber japonicum* and *Tuber flavidosporum* spp. nov. found from Japan. *Mycoscience* 57: 366–373.
- Kinoshita A., Sasaki H., Orihara T., Nakajima M., Nara K. (2021) *Tuber iryudaense* and *T. tomentosum*: Two new truffles encased in tomentose mycelium from Japan. *Mycologia* 113: 653–663.
- Kinoshita A., Yamamoto K., Tainaka T., Handa T., Yamada A. (2022) *Tuber torulosum*: A new truffle species decorated with moniliform cystidia from Japan. *Mycoscience* 63: 26–32.
- Kraisitudomsook N., Healy R.A., Pfister D.H., Truong C., Nouhra E., Kuhar F., Mujic A.B., Trappe J.M., Smith M.E. (2020) Resurrecting the genus *Geomorium*: Systematic study of fungi in the genera *Underwoodia* and *Gymnohydnotrya* (Pezizales) with the description of three new South American species. *Persoonia* 44: 98–112.
- Kumar S., Stecher G., Suleski M., Sanderford M., Sharma S., Tamura K. (2024) Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution* 41: 1–9.
- Miyamoto Y., Narimatsu M., Nara K. (2018) Effects of climate, distance, and a geographic barrier on ectomycorrhizal fungal communities in Japan: A comparison across Blakiston's Line. *Fungal Ecology* 33: 125–133.
- 小長谷啓介 (2026) International Nucleotide Sequence Database から見る日本の外生菌根菌相：子囊菌門チャワタケ目 marcellina-ionopezia gerardii 系統. 日本菌学会会報 (印刷中).
- Obase K., Yamanaka S., Kinoshita A., Tamai Y., Yamanaka T. (2021) Phylogenetic placements and cultural characteristics of *Tuber* species isolated from ectomycorrhizas. *Mycoscience* 62: 124–131.
- Obase K., Yamanaka S., Yamanaka T., Ozaki K. (2022) Short-term effects of retention forestry on the diversity of root-associated ectomycorrhizal fungi in Sakhalin fir plantations, Hokkaido, Japan. *Forest Ecology and Management* 523: 120501.
- O'Donnell K., Cigelnik E., Weber N.S., Trappe J.M. (1997) Phylogenetic relationships among ascomycetous truffles and the true and false morels inferred from 18S and 28S ribosomal DNA sequence analysis. *Mycologia* 89: 48–65.
- Schloss P.D., Westcott S.L., Ryabin T., Hall J.R., Hartmann M., Hollister E.B., Lesniewski R.A., Oakley B.B., Parks D.H., Robinson C.J., Sahl J.W., Stres B., Thallinger G.G., Van Horn D.J., Weber C.F. (2009) Introducing mothur: Open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Applied and Environmental Microbiology* 75: 7537–7541.
- Suwanarach, N., Kumla, J., Meerak, J., Lumyong, S. (2017) *Tuber magnatum* in Thailand, a first report from Asia. *Mycotaxon* 132: 635–642.
- Tedersoo L., Hansen K., Perry B.A., Kjølner R. (2006) Molecular and morphological diversity of pezizalean ectomycorrhiza. *New Phytologist* 170: 581–596.

Tedersoo L., May T.W., Smith M.E. (2010) Ectomycorrhizal lifestyle in fungi: global diversity, distribution, and evolution of phylogenetic lineages. *Mycorrhiza* 20: 217–263.

Tedersoo L., Smith M.E. (2013) Lineages of ectomycorrhizal fungi revisited: foraging strategies and novel lineages revealed by sequences from belowground. *Fungal Biological Review* 27: 83–99.

Tedersoo L., Smith M.E. (2017) Ectomycorrhizal fungal lineages: detection of four new groups and notes on consistent recognition of ectomycorrhizal taxa in high-throughput sequencing studies. In: Tedersoo L. (ed), *Biogeography of mycorrhizal symbiosis*. Springer International Publishing AG, Cham, pp. 125–142.

Original peer-reviewed article (原著論文;査読有)

Rossbeevera subalbida (Boletaceae, Boletales), a new, rare truffle-like species from Japan

国内に稀産する新種トリュフ型菌、ウノハナツチダマタケ *Rossbeevera subalbida* (イグチ目イグチ科)

Takamichi Orihara

折原 貴道

神奈川県立生命の星・地球博物館, 〒250-0031 神奈川県小田原市入生田 499

Kanagawa Prefectural Museum of Natural History, 499 Iryuda, Odawara-shi, Kanagawa 250-0031, Japan

E-mail: t_orihara@nh.kanagawa-museum.jp

Abstract

The genus *Rossbeevera* comprises truffle-like species characterized by rubbery basidiomata with bluish discoloration and fusoid to citriform basidiospores with 3–5 prominent longitudinal ridges. In this study, *Rossbeevera subalbida* is described as a new species from Japan based on morphological characteristics and phylogenetic analyses of the internal transcribed spacer region and the large subunit (28S) of the nuclear ribosomal RNA gene. To date, this species has been collected only sporadically in association with evergreen *Quercus* spp. and *Castanopsis sieboldii* across Honshu, Kyushu and Hachijo Island. Morphologically, this species is characterized by its persistent, white to whitish peridium and basidiomata with very weak bluish discoloration. The phylogenetic analyses revealed that *R. subalbida* is sister to *R. griseovelutina*, a more common, widely distributed species throughout Japan. Key diagnostic characters separating *R. subalbida* from other morphologically similar *Rossbeevera* species are provided, and the rarity of this species and its potential distribution are also discussed.

要旨

トリュフ型地下生菌からなるツチダマタケ属 *Rossbeevera* は、青変性のある子実体と紡錘形～レモン型で3–5つの大きな畝をもつ担子胞子を特徴とする一群である。本研究では、本州、九州および八丈島のカシ類及びビスタジイ樹下の計3地点から採集された本属菌標本の形態学的検討および分子系統解析結果に基づき、新種 *Rossbeevera subalbida* を記載した。本種は子実体の青変性が弱く、白色～帯白色で残存性の外皮を有する点により形態的に特徴づけられる。核 rDNA の ITS 領域および大サブユニット (LSU) を用いた分子系統解析の結果、本種は日本国内に広く分布する *R. griseovelutina* と系統的に姉妹関係にあることが示された。また、本稿では種の記載、類似種との識別点を詳述したほか、本種の希少性および潜在的分布についても考察を加えた。なお、本種の和名は、子実体の特徴的な色合いを日本の伝統色の一つである卵の花色に見立て、ウノハナツチダマタケ (新称) とする。

Article Info: Submitted: 23 February 2026 Accepted: 25 March 2026 Published: 31 March 2026

Introduction

The genus *Rossbeevera* T. Lebel & Orihara (Boletaceae, Boletales) is established in 2011 to accommodate truffle-like species that have rubbery basidiomata with bluish discoloration and fusoid to citriform basidiospores with 3–5 large, longitudinal ridges (Lebel et al., 2012). Currently, a total of 11 *Rossbeevera* species has been known from East and Southeast Asia and Australasia (Hosen et al., 2019; Lebel et al., 2012; Orihara, 2018; Orihara et al., 2012a, 2016). The genus belongs to the Leccinoideae and is phylogenetically close to the epigeous bolete genera *Leccinellum* Bresinsky & Manfr. Binder, *Garcileccinum* Ayala-Vásquez & Pérez-Moreno and *Leccinum* Grey, together with its sister truffle-like genus *Turmalinea* Orihara & N. Maek. (Ayala-Vásquez et al., 2023; Orihara et al., 2016, 2021; Wu et al., 2016; note that *Garcileccinum* is currently *nom. inval.* according to the Shenzhen Code Art. 40.1; the genus typifies an invalid species, whose identifier refers to a different taxon).

In Japan, five *Rossbeevera* species have been reported from Honshu, Shikoku, Kyusyu, and Ryukyu Islands (Lebel et al., 2012; Orihara, 2018; Orihara et al., 2016). Since 2014, another unknown *Rossbeevera* species has been sporadically collected from Hachijo Island in the Izu Islands, Honshu and Kyushu. Based on its morphology and phylogeny, I describe it as a new species, *Rossbeevera subalbida*, and clarify its morphological and phylogenetical characteristics in the genus.

Materials and methods

Taxon sampling and morphological observation

Basidiomata of *Rossbeevera* sp. were collected during a field survey in Izu Islands in 2014, in a foray of the Japanese Association for Truffle Science (JATS) in Miyazaki Pref. in 2017, and by a personal contribution to the author. After DNA extraction, the basidiomata were freeze-dried or air-dried at 46°C for later examination. The specimens are deposited in Kanagawa Prefectural Museum of Natural History, Japan (KPM). For light microscopy, hand-cut sections of dried specimens were presoaked in 70% ethanol and 3% KOH. After briefly rinsing out those sections with diluted water, they were mounted in lacto-glycerol or 1% phloxine B aqueous solution. Basidiospore dimensions (e.g., range of spore length spore × width, length of hilar appendages) and their standard deviations (SD) were determined based on 50 measurements. Measurements of basidiospores include the hilar appendage but not spore ornamentation or the pedicel. Both endpoints of the spore dimensions are shown without parentheses. Two additional spore features are shown; the length to width ratio (Q ; mean Q_m) and the hilar appendage to spore length ratio (HA/S ; mean HA/S_m) proposed for a key diagnostic value

in *Rossbeevera* by Orihara et al. (2012a).

DNA extraction, PCR amplification and sequencing

DNA was extracted from internal tissue of a fresh basidiomata using the Indicating FTA Cards (Whatman International Ltd, Maidstone, England) or the protocol of Izumitsu et al. (2012). Specimens of other taxa newly included for phylogenetic analyses were collected from various localities in Japan (Table 1). PCR amplification of the internal transcribed spacer region (ITS) and the large subunit (LSU [or 28S]) of nuclear ribosomal RNA gene (rDNA) followed Orihara et al. (2012a). PCR primers were ITS1F (Gardes & Bruns, 1993) and ITS4 (White et al., 1990) for the ITS region, and LR0R and LR5 (Vilgalys & Hester, 1990) for LSU rDNA. Cycle sequencing of the PCR products in forward and reverse directions were completed according to Orihara et al. (2012b). Sequences were edited and assembled with Chromas v. 2.6 (<https://technelysium.com.au/wp/chromas/>) and SeaView v. 5 (Gouy et al., 2021). A total of 32 newly obtained sequences were deposited in the International Nucleotide Sequence Database (INSD) (Table 1).

Phylogenetic analyses

In addition to these newly generated rDNA sequences for this study, I retrieved 44 ITS and LSU rDNA sequences from 23 specimens that cover overall phylogenetic relationships among *Rossbeevera* and *Turmalinea* from INSD (Table 1). *Leccinellum griseum* (Qué.) Bresinsky & Manfr. Binder, *Leccinellum albellum* (Peck) Bresinsky & Manfr. Binder, and *Leccinum* aff. *intusrubens* (Corner) Høil were selected as outgroups for the analyses. ITS and LSU datasets were independently aligned with the online version of MAFFT version 7 (Katoh & Standley, 2013) under default settings (i.e., the alignment algorithm is automatically selected from FFT-NS-1, FFT-NS-2, FFT-NS-i or L-INS-i). Subsequently, the sites with obvious alignment errors were manually adjusted in SeaView. The ITS and LSU datasets were then concatenated using the “concatenate” option in SeaView. The results of the GBlocks option in SeaView (Castresana, 2000) was referred to exclude ambiguously aligned sites. Accordingly, the long nucleotide insertion at the 3' end of ITS2 found in *Rossbeevera* and *Turmalinea* spp. (Orihara et al., 2016) was partially included in the dataset. The concatenated dataset was partitioned into ITS1-5.8S-ITS2 and LSU. The best substitution model for each partition was estimated by the Akaike Information Criterion (AIC) under jModelTest2 (Darriba et al., 2012).

Maximum likelihood (ML) analyses were performed with RAxML 8.2.10 (Stamatakis, 2014). RAxML analysis was conducted under the GTR+G+I model with rapid bootstrap replicates set to 1000.

Table 1. Specimens and nucleotide sequences used for phylogenetic analyses in this study. Newly generated sequences for this study are shown in bold
表 1. 分子系統解析に用いた標本の情報およびヌクレオチド配列. 本研究において新たに INSD に登録された配列は太字で示した

Taxon	Locality	Voucher no.	GenBank acc. no.	
			ITS	LSU
<i>Leccinellum albellum</i>	USA, NC, Buncombe Co.	FLAS-F-61741	MH488723	MH620337
<i>Leccinellum griseum</i>	Japan, Tottori Pref., Tottori-shi	KPM-NC 17832	PZ191805	JN378509
<i>Leccinum</i> aff. <i>intusrubens</i>	Japan, Mie Pref., Matsusaka-shi	KPM-NC 27950	PZ191806	PZ191450
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	Japan, Nara Pref., Nara-shi	KPM-NC 18087	KJ001086	KJ001100
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	Japan, Kagoshima Pref., Yakushima Isl.	KPM-NC 27944	PZ191807	PZ191451
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	Japan, Nara Pref., Nara-shi	KPM-NC 18086	PZ191808	PZ191452
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	China, Guangdong Prov., Boluo Co., Xiangtoushan Natl. Nat. Reserve	GDGM 45913	MH532534	MH537793
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	China, Guangdong Prov., Dinghu District	KPM-NC 28186	MT934784	MT812704
<i>Rossbeevera paracyanea</i>	China, Guangdong Prov., Baiyun District	GDGM 46631	MK035705	MK036348
<i>Rossbeevera</i> aff. <i>vittatispora</i>	Australia, New South Wales,	TO-AUS-46	KC551978	JN378507
<i>Rossbeevera vittatispora</i>	Australia, New South Wales, Southern Tablelands	MEL2128491	MT934781	KX685725
<i>Rossbeevera</i> aff. <i>westraliensis</i>	Australia, Victoria, East Gippsland	TO-AUS-72	KC551977	KC552025
<i>Rossbeevera pachydermis</i>	New Zealand, South Isl., Fiordland National Park	MEL 2079341	KC551974	KC552021
<i>Rossbeevera pachydermis</i>	New Zealand, North Isl., Te Urewera National Park	KPM-NC 23336	KJ001088	KJ001095
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Tokyo Met., Hachijo Isl.	KPM-NC 25968	PZ191809	PZ191453
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Tokyo Met., Hachijo Isl.	KPM-NC 25980	PZ191810	PZ191454
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Tokyo Met., Hachijo Isl.	KPM-NC 25974	PZ191811	PZ191455
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Okinawa Pref., Kumejima Isl.	KPM-NC 26881	PZ191812	PZ191456
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Chiba Pref., Kamogawa-shi	KPM-NC 25347	PZ191813	PZ191457
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Nagano Pref., Iida-shi	KPM-NC 18094	KJ001091	KJ001101
<i>Rossbeevera griseovelutina</i>	Japan, Kanagawa Pref., Odawara-shi	KPM-NC 18044	KC551986	KC552033
" <i>Rossbeevera subalbida</i> "	Japan, Tokyo Met., Hachijo Isl.	KPM-NC 25954	PZ191814	PZ191458
" <i>Rossbeevera subalbida</i> "	Japan, Miyazaki Pref., Aya-cho	KPM-NC 25692	PZ191815	PZ191459
" <i>Rossbeevera subalbida</i> "	Japan, Osaka Pref., Yao-shi	KPM-NC 25099	PZ191816	PZ191460
<i>Rossbeevera cryptocyanea</i>	Japan, Kagoshima Pref., Amami-oshima Isl., Yamato-son	KPM-NC 17843	PZ191817	KC552030
<i>Rossbeevera cryptocyanea</i>	Japan, Miyazaki Pref., Aya-cho	KPM-NC 25699	PZ191818	PZ191461
<i>Rossbeevera cryptocyanea</i>	Japan, Okinawa Pref., Ishigaki Isl.	KPM-NC 23387	KP222893	KP222899
<i>Rossbeevera eucyanea</i>	Japan, Tottori Pref., Tottori-shi	TNS-F-36986	HQ693875	HQ693880
<i>Rossbeevera eucyanea</i>	Japan, Kagoshima Pref., Amami-oshima Isl., Yamato-son	KPM-NC 17844	KC551984	KT581439
<i>Rossbeevera yunnanensis</i>	China, Yunnan Prov., Chu Xang Pref.	KPM-NC 17850	KC551990	JN979437
<i>Rossbeevera yunnanensis</i>	Japan, Hiroshima Pref., Hatsukaichi-machi	KPM-NC 23352	MF357925	MF354015
<i>Turmalinea persicina</i>	Japan, Kyoto Pref., Kyoto-shi Sakyo-ku	KPM-NC 18001	KC551991	KC552038
<i>Turmalinea persicina</i>	Japan, Aichi Pref., Okazaki-shi	KPM-NC 26137	PZ191819	PZ191462
<i>Turmalinea persicina</i>	Japan, Nagasaki Pref., Tsushima Isl., Tsushima-shi	KPM-NC 31939	PZ191820	PZ191463
<i>Turmalinea yuwanensis</i>	Japan, Okinawa Pref., Tokashiki Isl.	KPM-NC 23377	KJ001092	KJ001098
<i>Turmalinea mesomorpha</i> subsp. <i>mesomorpha</i>	Japan, Hokkaido, Kaminokuni-cho	KPM-NC 27158	PZ191821	PZ191464
<i>Turmalinea mesomorpha</i> subsp. <i>mesomorpha</i>	Japan, Ehime Pref., Matsuyama-shi	KPM-NC 17743	KC552002	KC552050
<i>Turmalinea chrysocarpa</i>	China, Yunnan Prov., Honghe Hani and Yi Autonomous Pref., Gejiu City	KPM-NC 18068	KC552003	KC552051

Bayesian analyses were conducted with MrBayes 3.2 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003). The GTR+I+G was selected as the best-fit model for the both partitions. Bayesian posterior probabilities (PPs) were estimated by the Metropolis-coupled Markov chain Monte Carlo method (Geyer, 1991). The two parallel runs were conducted

with one cold and seven heated chains each for 3M generations. Temperature parameter of the seven heated chains in both runs was set to 0.20 (as a default). Trees were saved to a file every 1000th generation. I determined that the two runs reached convergence when the average standard deviation of split frequencies (ASDSF)

was continuously lower than 0.01. The ASDSF was monitored every 5000 generations. Trees obtained before reaching convergence were discarded as the burn-in, and the remaining trees were used to calculate a 50% majority consensus topology and to determine PP values for individual branches.

Results

Phylogenetic analyses

The ITS-LSU combined dataset was composed of 1851 aligned nucleotide positions. In the RAxML analysis, the final ML optimization of log likelihood (lnL) was -2662.341248. In the Bayesian inference, the two parallel runs reached convergence after ca. 535,000 generations. Accordingly, the first 540 trees in each run were discarded, and the remaining 2461 trees in each run were summarized to approximate Bayesian PPs. The total arithmetic and harmonic mean of estimated marginal lnL for runs were -7644.44 and -7680.43, respectively.

Because the resulting overall ML and Bayesian topologies were congruent, only the Bayesian tree is shown (Fig. 1). The tree mostly recovered overall relationships within *Rossbeevera* and *Turmalinea*. The three *Rossbeevera* sp. samples shown as “*R. subalbida*” in Fig. 1 formed a strongly supported clade sister to *R. griseovelutina* Orihara, a common species widely distributed across Japan excluding Hokkaido. Genetic divergence between the two lineages was comparable to other sister species within the genus. Within “*R. subalbida*,” the specimen collected from Hachijo Island, Tokyo, was slightly divergent from those collected from Miyazaki and Osaka Prefectures (nucleotide identity in ITS: 841 bp/851 bp [98.82%]; query coverage: 100%).

Taxonomy

The unidentified *Rossbeevera* specimens can be morphologically distinguished from other *Rossbeevera* species as described below. The phylogenetic analyses based on ITS-LSU rDNA dataset robustly support its distinctness within the genus *Rossbeevera* (Fig. 1). Accordingly, I herein propose *R. subalbida* as a new species.

Rossbeevera subalbida Orihara, sp. nov.

Mycobank # 862521

Fig. 2.

Etymology: The Latin, *subalbida* means “rather whitish,” referring to the distinctive color of the basidiomata.

Holotype: JAPAN, Miyazaki Pref., Higashimorokata-gun Aya-cho, Kawanaka Natural Park, under *Quercus gilva*, 22 July 2017, *T. Orihara*, KPM-NC 25692.

Description: Basidiomata solitary or sparse, subglobose to depressed-globose, 10–22 mm in diam. at maturity, soft-rubbery, surface smooth to somewhat felty, white, in some cases tinged with pale brown or greyish in patches, finally becoming light brown to beige, often gradually turning light blue-green when rubbed, bruised or injured, but the reaction is weak, with a short stipe up to 3.5 mm high at the base. Peridium thin, persistent. Gleba whitish when immature, becoming dark reddish brown to blackish brown at maturity, of dense, minute locules. Stipe tissue subgelatinous, sometimes gradually turning sky blue when cut. Rhizomorph present at the bottom of the stipe, white. Odor sweetish but not pleasant.

Peridium 50–350 µm thick, of densely interwoven, thin-walled, pale ochraceous to colorless filamentous hyphae 2.5–10 µm broad, partially inflated up to 18 µm broad. Peridiopellis composed of loosely interwoven, branched, thin-walled (<0.6 µm), colorless filamentous hyphae 2.5–7 µm broad. Sterile base of colorless pseudomarenchymatous cells 20–55 µm in diam. Tramal hyphae running parallel to hymenia, 2–6 µm broad, oleiferous hyphae sparsely present within the tramal hyphae. Basidia 16–22 × 7–11 µm, 3- or 4-spored, clavate to clavulate, evanescent, colorless. Basidioles abundant on hymenium, 11–17 µm in diam., inflated, clavulate or balloon-like, colorless. Subhymenium absent. Basidiospores fusiform to citriform, 13.6–17.4 × 6.5–8.4 µm, mean 15.2 × 7.4 µm, SD: 0.89 × 0.46 µm, $Q = 1.8–2.4$, $Q_m = 2.1$, smooth, inamyloid, ochraceous brown to reddish brown at maturity, with 3–5 longitudinal ridges 1.2–2 µm high, with a developed hilar appendage 1.6–3.6 µm (mean µm), HA/S (length of a hilar appendage divided by spore length) = 0.11–0.23, $HA/Sm = 0.17$, spore walls 0.5–0.8 µm thick.

Habitat, distribution and fruiting seasons: Sub-hypogeous under evergreen *Quercus* spp. and *Castanopsis sieboldii*, presumably ectomycorrhizal with these trees; Japan (Honshu, Kyushu and Izu Islands); summer (July to August).

Japanese name: *Unohana-tsuchidamatake* (*Unohana* refers to a traditional Japanese color inspired by *Deutzia crenata* flowers, characterized by a white hue with a pale yellow or bluish tint; *tsuchidamatake* is a Japanese name of the genus *Rossbeevera*).

Other specimens examined: JAPAN, Tokyo Met., Hachijo Island, Hachijo-machi, Nakanogoh, under *C. sieboldii*, 15 July 2015, *T. Orihara*, KPM-NC 25954; Osaka Pref., Yao-shi, Nishi-kyuhoji, Kyuhoji Ryokuchi Park, under *Q. glauca*, 10 July 2021, *N. Mori*, KPM-NC 25098; *ibid*, 11 July 2021, *N. Mori*, KPM-NC 25099; Miyazaki Pref., Higashimorokata-gun Aya-cho, Kawanaka Natural Park, under *Quercus gilva*, 22 July 2017, *Y. Sunada*, KPM-NC 25693.

Remarks: A sister species, *Rossbeevera griseovelutina*, resembles

R. subalbida in the relatively weak discoloration of basidiomata. Although *R. griseovelutina* occasionally has a whitish peridium similar to that of *R. subalbida*, it can be distinguished by more or less developed peridiopellis (i.e., pileipellis) on the peridial surface, and the larger, fusoid to fusiform basidiospores $14.4\text{--}31.9 \times 6.7\text{--}10.4 \mu\text{m}$ with fewer ridges (mostly 3, more rarely 4). Two Australian species, *R. vittatispora* (G.W. Beaton, Pegler & T.W.K. Young) T. Lebel and *R. westraliensis* T. Lebel also resemble *R. subalbida*, but differ in their significantly smaller basidiospores and their host association

with *Eucalyptus* spp. (Lebel et al., 2012). Another rare species, *R. yunnanensis* Orihara & M.E. Sm., which is reported from China and Japan, is macromorphologically similar to *R. subalbida*, but the former has a thinner peridium with more distinct discoloration and longer, fusoid to fusiform basidiospores ($Q = 2\text{--}3.8$, $Q_m = 3.1$ [isotype]; Orihara, 2018; Orihara et al., 2012a). The holotype of *R. subalbida* was collected during the second truffle foray held by the Japanese Association for Truffle Science in 2017.

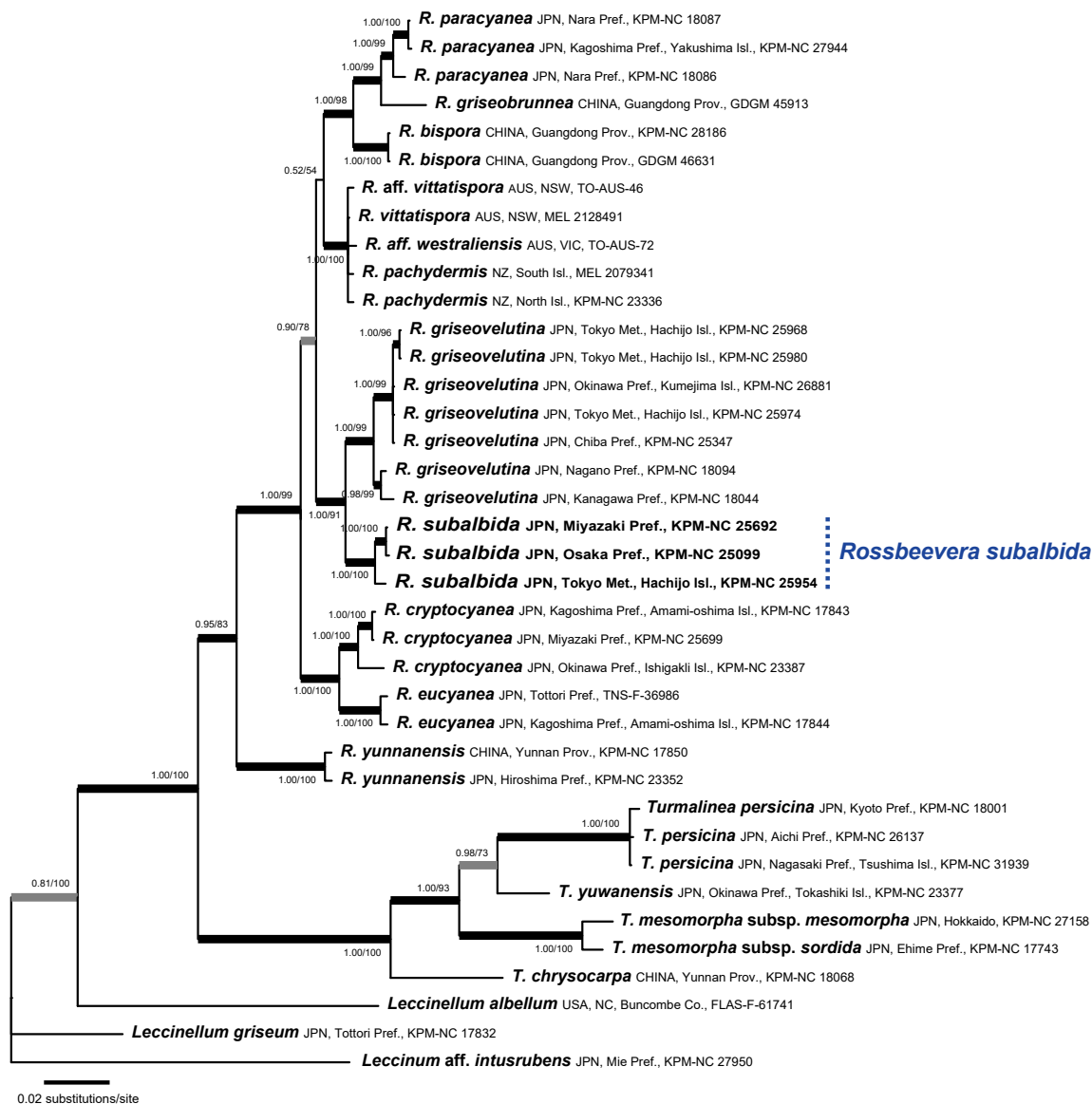


Fig. 1. Bayesian tree of *Rossbeevera* and its allied taxa based on the nuclear rDNA ITS-LSU dataset. Values of Bayesian PPs and RAxML rapid bootstrapping (MLBS) are designated above or below branches (PP/MLBS). Three species of *Leccinellum* and *Leccinum* are selected as outgroups. Branches supported by both PP ≥ 0.98 and BS $\geq 75\%$ are depicted as thickened black lines. Branches supported by either PP ≥ 0.98 or BS $\geq 75\%$ are shown as thickened grey lines.

図 1. 核 rDNA ITS 領域および大サブユニットのデータセットに基づく、*Rossbeevera* およびその近縁属のベイズ系統樹。ベイズ事後確率 (PP) および RAxML 高速ブートストラップ法 (MLBS) の値を各分岐に示す (PP/MLBS)。Rossbeevera および Turmalinea に近縁である Leccinellum (クロヤマイグチ属) および Leccinum (ヤマイグチ属) の 3 種をアウトグループに用いた。PP ≥ 0.98 かつ BS $\geq 75\%$ で指示された分岐は黒い太線で、PP ≥ 0.98 もしくは BS $\geq 75\%$ のいずれかで指示された分岐は灰色の太線で表した。

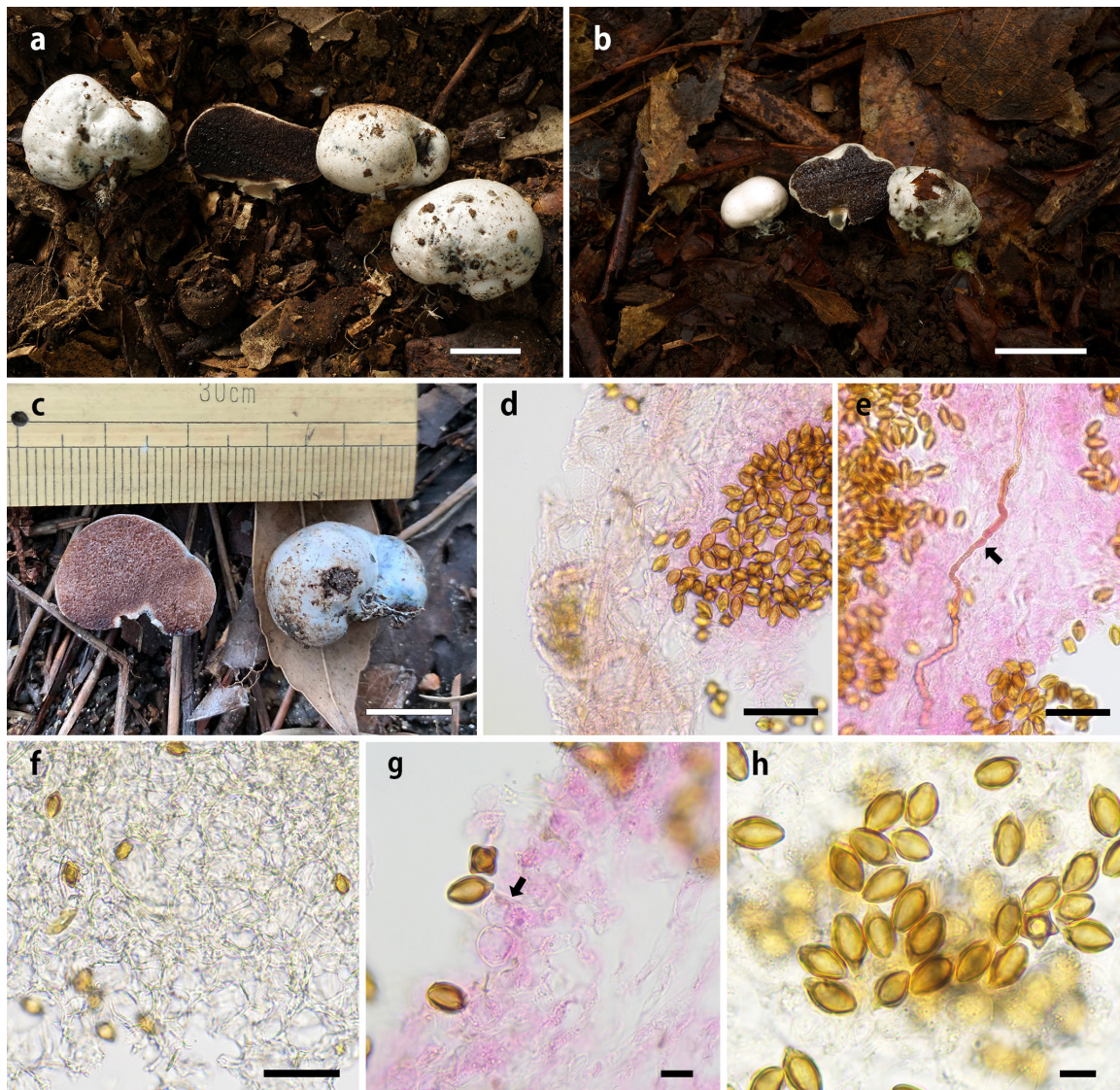


Fig. 2. *Rossbeevera subalbida* Orihara: (a–c) Basidiomata (a: KPM-NC 25692, holotype; b: KPM-NC 25954; c: KPM-NC 25098 [photo by Norito Mori]. (d) Peridial tissue. (e) Oleiferous hyphae within tramal tissue (arrow). (f) Stipe tissue. (g) Basidiospores and basidia (arrow). (h) Basidiospores. (d, e, g) stained with 1% phloxine B aqueous solution. Micrographs (d–h) are of the holotype (KPM-NC 25692). Bars: (a–c) 1 cm; (d–f) 50 μ m; (g, h) 10 μ m.

図 2. *Rossbeevera subalbida* Orihara (ウノハナツチダマタケ) : (a–c) 子実体 (a: KPM-NC 25692, holotype; b: KPM-NC 25954; c: KPM-NC 25098 [撮影: 森紀翔]). (d) 外皮を構成する菌糸. (e) 基層板の組織中に存在する乳管菌糸 (矢印). (f) 短柄を構成する細胞. (g) 担子器 (矢印) と担子胞子. (h) 担子胞子. (d, e, g) 1% フロキシシン水溶液で染色. 顕微鏡写真 (d–h) はホロタイプ (KPM-NC 25692) を撮影したもの. スケール : (a–c) 1 cm; (d–f) 50 μ m; (g, h) 10 μ m.

Discussion

The new species, *R. subalbida*, is characterized by its persistent, white to whitish peridium with very weak bluish discoloration. Despite extensive sampling effort across Japan by many truffle researchers and collectors, this species has been recorded from only three localities to date. This suggests that *R. subalbida* is a rare species, highlighting the need for future conservation of its habitats. The habitats of *R. subalbida* vary from well-preserved evergreen forests (i.e., Aya-cho, Miyazaki Pref.) to a small plantation of *Quercus* trees within an urban park (i.e., Yao-shi, Osaka Pref.). Its sister species,

R. griseovelutina, is more common in these habitats although it also inhabits cool temperate broadleaved forest. Based on current data, it remains difficult to explain why *R. subalbida* is much rarer than *R. griseovelutina*. Additionally, it is noteworthy that three *R. griseovelutina* specimens collected from Hachijo Island are provided for molecular phylogenetic analyses for the first time in this study.

The phylogenetic analyses based on ITS-LSU rDNA dataset clarified most of the interspecific relationships within *Rossbeevera* with high statistical supports. The relatively weak, bluish discoloration observed in *R. subalbida* and *R. griseovelutina*, compared to other

Rossbeevera spp., may be a synapomorphy of these two sister species. At the intraspecific level, the *R. subalbida* specimen collected from Hachijo Island was genetically divergent from those from Honshu and Kyushu. This divergence may indicate high genetic diversity of *R. subalbida* despite its rarity, suggesting a potentially broader distribution of the species. Although this species is currently considered endemic to Japan, it may also distribute in East Asia since another rare species, *R. yunnanensis*, which had been recorded only once in Yunnan Province, China, was discovered in Hiroshima Prefecture, Japan in 2013, approximately 3,150 km distant from the type locality (Orihara, 2018). Future fieldworks across East Asia may reveal the true distribution of *R. subalbida*.

Acknowledgements

I am grateful to Norito Mori, Yumiko Oba, Yoichi Sunada and Kohei Yamamoto for providing valuable specimens or helping our field surveys. Norito Mori also kindly provided some photos of *R. subalbida* collected from Osaka Pref. (KPM-NC 25099). This study was financially supported by JSPS KAKENHI Grant-in-Aid for Young Scientists (B) (nos. 17K15184), JSPS KAKENHI Grants 24680085, 20K06805 and the Grant-in-Aid from Institute for Fermentation, Osaka (IFO).

References

- Ayala-Vásquez O., Pérez-Moreno J., Pinzón J.P., Garibay-Orijel R., García-Jiménez J., de la Fuente J.I., Venegas-Barrera C.S., Martínez-Reyes M., Montoya L., Bandala V., Aguirre-Acosta C.E., Martínez-González C.R., Hernández-Del Valle J.F. (2023) Broadening the Knowledge of Mexican Boletes: Addition of a New Genus, Seven New Species, and Three New Combinations. *Journal of Fungi* 9: 1126.
- Castresana J. (2000) Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Molecular Biology and Evolution* 17: 540–552.
- Darriba D., Taboada G.L., Doallo R., Posada D. (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9: 772.
- Gardes M., Bruns T.D. (1993) ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes: application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* 2: 113–118.
- Geyer C.J. (1991) Markov chain Monte Carlo maximum likelihood. In: Keramidas E.M. (ed.) *Computing science and statistics. Proceedings of the 23rd Symposium on the Interface*. Interface Foundation, Fairfax, VA, pp. 156–163.
- Gouy M., Tannier E., Comte N., Parsons D.P. (2021) Seaview Version 5: A Multiplatform Software for Multiple Sequence Alignment, Molecular Phylogenetic Analyses, and Tree Reconciliation. In: Katoh K. (ed.) *Multiple Sequence Alignment. Methods in Molecular Biology*, vol 2231, Humana, New York, pp. 241–260.
- Hosen M.I., Zhong X.-J., Gates G., Orihara T., Li T.-H. (2019) Type studies of *Rossbeevera bispora*, and a new species description within *Rossbeevera* from south China. *Myckeys* 51: 15–28.
- Izumitsu K., Hatoh K., Sumita T., Kitade Y., Morita A., Tanaka C., Gafur A., Ohta A., Kawai M., Yamanaka T., Neda H., Ota Y. (2012) Rapid and simple preparation of mushroom DNA directly from colonies and fruiting bodies for PCR. *Mycoscience* 53: 396–401.
- Katoh K., Standley D.M. (2013) MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Molecular Biology and Evolution* 30: 772–780.
- Lebel T., Orihara T., Maekawa N. (2012) The sequestrate genus *Rosbeeva* T.Lebel & Orihara gen. nov. (Boletaceae) from Australasia and Japan: new species and new combinations. *Fungal Diversity* 52: 49–71+73.
- Orihara T. (2018) First report of a rare sequestrate fungus, *Rossbeevera yunnanensis* (Boletaceae, Boletales) from Japan. *Truffology* 1: 5–8.
- Orihara T., Healy R., Corrales A., Smith M.E. (2021) Multilocus phylogenies reveal three new truffle-like taxa and the traces of interspecific hybridization in *Octaviania* (Boletaceae, Boletales). *IMA Fungus* 12: article no. 14 (22 pp.)
- Orihara T., Lebel T., Ge Z.-W., Smith M.E., Maekawa N. (2016) Evolutionary history of the sequestrate genus *Rossbeevera* (Boletaceae) reveals a new genus *Turmalinea* and highlights the utility of ITS minisatellite-like insertions for molecular identification. *Persoonia* 37: 173–198.
- Orihara T., Smith M.E., Ge Z.-W., Maekawa N. (2012a) *Rossbeevera yunnanensis* (Boletaceae, Boletales), a new sequestrate species from southern China. *Mycotaxon* 120: 139–147.
- Orihara T., Smith M.E., Shimomura N., Iwase K., Maekawa N. (2012b) Diversity and systematics of the sequestrate genus *Octaviania* in Japan: two new subgenera and eleven new species. *Persoonia* 28: 85–112.
- Ronquist F., Huelsenbeck J.P. (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19: 1572–1574.
- Stamatakis A. (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30: 1312–1313.
- Vilgalys R., Hester M. (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology* 172: 4238–4246.
- White T.J., Bruns T., Lee S., Taylor J. (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis M.A., Gelfand D.H., Sninsky J.J., White T.J. (eds.), *PCR Protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press, USA, pp. 315–322.
- Wu G., Li Y.-C., Zhu X.-T., Zhao K., Han L.-H., Cui Y.-Y., Li F., Xu J.-P., Yang Z.L. (2016) One hundred noteworthy boletes from China. *Fungal Diversity* 81: 25–188.

観察記録 (Observation)

ワタゲスナツブタケ *Gastrosporium gossypinum* の日本における新産地 New localities of *Gastrosporium gossypinum* in Japan

糟谷 大河^{1,2*}, 黒木 秀一³, 和田 匠平⁴, 伊井 美結², 保坂 健太郎⁵Taiga Kasuya^{1,2*}, Shuichi Kurogi³, Shohei Wada⁴, Miyu Ii², Kentaro Hosaka⁵¹ 慶應義塾大学生物学教室, 〒 223-8521 神奈川県横浜市港北区日吉 4-1-1

Department of Biology, Keio University, 4-1-1 Hiyoshi, Kohoku-ku, Yokohama-shi, Kanagawa 223-8521, Japan

² 慶應義塾大学経済学部, 〒 108-8345 東京都港区三田 2-15-45

Faculty of Economics, Keio University, 2-15-45 Mita, Minato-ku, Tokyo 108-8345, Japan

³ 宮崎県総合博物館, 〒 880-0053 宮崎県宮崎市神宮 2-4-4

Miyazaki Prefectural Museum of Nature and History, 2-4-4 Jingu, Miyazaki-shi, Miyazaki 880-0053, Japan

⁴ 慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科, 〒 252-0882 神奈川県藤沢市遠藤 5322

Graduate School of Media and Governance, Keio University, 5322 Endo, Fujisawa-shi, Kanagawa 252-0882, Japan

⁵ 国立科学博物館植物研究部, 〒 305-0005 茨城県つくば市天久保 4-1-1

Department of Botany, National Museum of Nature and Science, Amakubo 4-1-1, Tsukuba-shi, Ibaraki 305-0005, Japan

* 主著者 (Corresponding author)

E-mail: tkasuya@keio.jp

Article Info: Submitted: 8 January 2026

Published: 31 March 2026

ワタゲスナツブタケ *Gastrosporium gossypinum* T. Kasuya, S. Hanawa & K. Hosaka はスポンタケ目スナツブタケ科に属する地下生菌で、茨城県神栖市波崎の砂浜海岸で採集された標本に基づき、Kasuya et al. (2020) により新種として記載された。その後、糟谷ほか (2021) は福岡県遠賀郡岡垣町ならびに同県福津市において採集された子実体に基づき、本菌の基準標本産地に続く新たな産地を報告した。以上のように、ワタゲスナツブタケの既知の分布域は茨城県ならびに福岡県の砂浜海岸であり、本州から九州にかけての太平洋および日本海沿岸の広い地域に産する可能性が示唆されているが (糟谷ほか、2021)、福岡県での発見例が報告されて以降、新たな産地から本菌の採集例は知られていない。

筆者らは、2023 年から 2025 年にかけて日本各地の砂浜海岸において野外調査を行い、静岡県浜松市中央区中田島町、佐賀県唐津市浜玉町浜崎 (図 1A)、宮崎県宮崎市佐土原町下那珂石崎浜、同市赤江 (図 1B) および同市熊野の合計 5 地点でワタゲスナツブタケの子実体を採集した。これらの子実体は球形から類球形あるいは卵形で、直径 4–10 mm、子実体の基部には砂が密に付着した菌糸束を有していた (図 1C–F)。

子実体の殻皮は外皮と内皮の 2 層からなり、外皮を構成する綿毛状で白色の菌糸は砂を密に巻き込んでおり、内皮は硬いゼラチン質であり乾燥すると軟骨質となった。子実体内部の基本体は未熟な子実体では白色で肉質、成熟するにつれて鈍い黄色からオリーブ色となり、ゼラチン質を伴う粘土状から後に粉状となった。これらの子実体の形態的特徴は、Kasuya et al. (2020) ならびに糟谷ほか (2021) によるワタゲスナツブタケの記載とよく合致した。なお、ゼラチン質を伴う粘土状の基本体は塩素臭に類似した弱い刺激臭を有することが、今回採集した静岡県産標本 (図 1F) の観察により新たに明らかとなった。

以上の 5 地点から得た標本、ならびに茨城県神栖市波崎の基準標本産地で 2023 年に新たに採集した 1 標本の合計 6 標本 (表 1) について、Kasuya et al. (2020) の方法に準拠して子実体から DNA を抽出し、核リボソーム RNA 遺伝子の ITS 領域の塩基配列情報を取得した。そして、Kasuya et al. (2020) ならびに糟谷ほか (2021) による系統解析に用いられたデータセットに、今回新たに得た 6 標本の塩基配列 (表 1) を加え、Kasuya et al. (2020) と同様の方法で最尤法により系統解析を行った。このデータセットについて、Kasuya et al. (2022) と同様の方法で

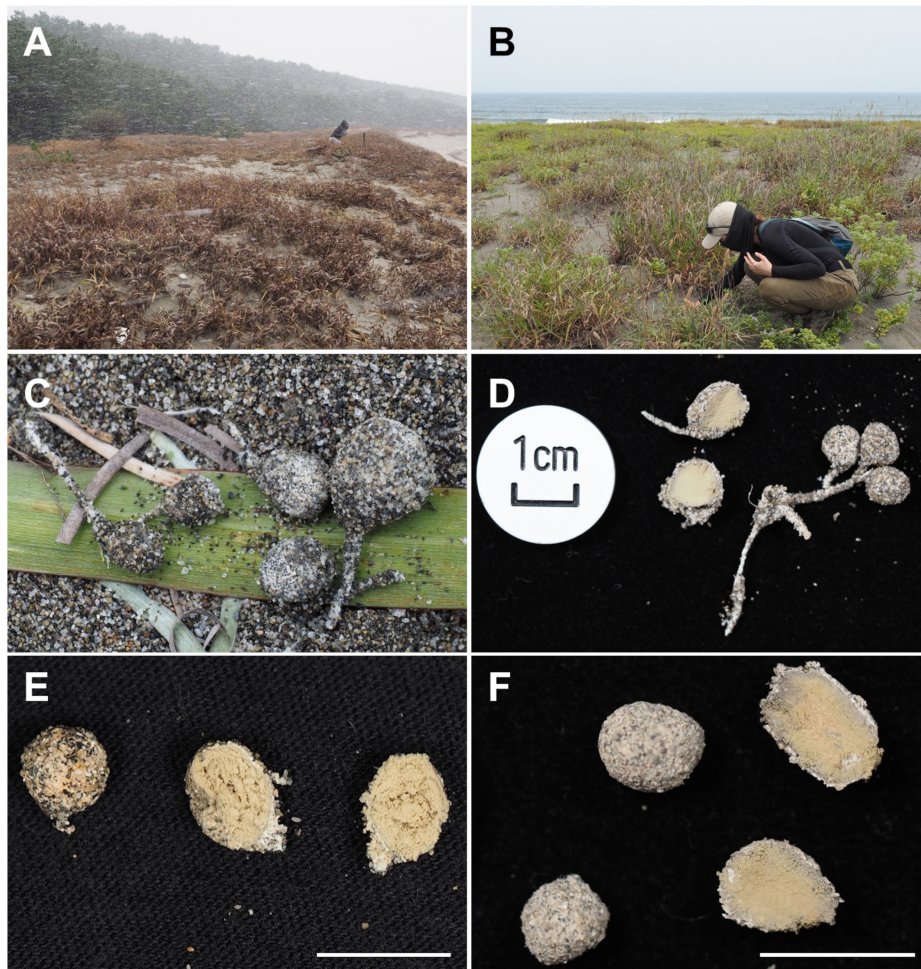


図 1. ワタゲスナツブタケの生育環境および子実体。A: 佐賀県唐津市における生育環境（下保有紀子氏撮影）。B: 宮崎県宮崎市赤江における生育環境。C: 野外での子実体（TNS F-110445）。D: 菌糸束を伴う子実体（宮崎県産，TNS F-110445）。E: 佐賀県産の子実体（TNS F-110442）。F: 静岡県産の子実体（TNS F-110444）。スケールバー：1 cm。

Fig. 1. Habitat and basidiomata of *Gastrosporium gossypinum*. A: Habitat in Karatsu-shi, Saga Prefecture (photographed by Yukiko Kaho). B: Habitat in Akae, Miyazaki-shi, Miyazaki Prefecture. C: Basidiomata in situ (TNS F-110445). D: Basidiomata with mycelial strands, collected in Miyazaki Prefecture (TNS F-110445). E: Basidiomata collected in Saga Prefecture (TNS F-110442). F: Basidiomata collected in Shizuoka Prefecture (TNS F-110444). Bars: 1 cm.

表 1. 本研究で供試したワタゲスナツブタケの日本産標本

Table 1. Japanese specimens of *Gastrosporium gossypinum* examined in this study

Specimen voucher*	INSDC accession numbers and lengths (bp) of ITS sequence	Similarities with the ex-type ITS sequence of <i>G. gossypinum</i> (MN954700; 470 bp)	Habitat	Date of collection	Collector	Collection site
INM 2-234073	PX741927; 555	100%	In sand among <i>Imperata cylindrica</i> , <i>Ischaemum antheperoides</i> and <i>Carex kobomugi</i> near seashore	18 Jul. 2023	Taiga Kasuya and Shohei Wada	Hasaki, Kamisu-shi, Ibaraki (type locality)
TNS F-110442	PX741928; 637	100%	In sand among <i>Im. cylindrica</i> , <i>Is. antheperoides</i> and <i>C. kobomugi</i> near seashore	21 Dec. 2023	Yukiko Kaho and Toshikazu Kaho	Hamasaki, Hamatama-machi, Karatsu-shi, Saga
TNS F-110443	PX741929; 475	100%	In sand among <i>Is. antheperoides</i> , <i>C. kobomugi</i> and <i>Fimbristylis sericea</i> near seashore	18 Feb. 2025	Shuichi Kurogi	Ishizakihama, Shimonaka, Sadowara-cho, Miyazaki-shi, Miyazaki
TNS F-110444	PX741930; 559	99.14%	In sand among <i>Is. antheperoides</i> , <i>C. kobomugi</i> and <i>F. sericea</i> near seashore	23 Mar. 2025	Shohei Wada	Nakatajima-cho, Chuo-ku, Hamamatsu-shi, Shizuoka
TNS F-110445	PX741931; 665	100%	In sand among <i>Is. antheperoides</i> , <i>C. kobomugi</i> , <i>Vitex rotundifolia</i> and <i>Wedelia prostrata</i> near seashore	8 Jul. 2025	Taiga Kasuya, Miyu Ii and Shuichi Kurogi	Akae, Miyazaki-shi, Miyazaki
TNS F-110446	PX741932; 647	100%	In sand among <i>Is. antheperoides</i> , <i>C. kobomugi</i> and <i>V. rotundifolia</i> near seashore	8 Jul. 2025	Taiga Kasuya, Miyu Ii and Shuichi Kurogi	Kumano, Miyazaki-shi, Miyazaki

* INM: Ibaraki Nature Museum, Bando, Ibaraki, Japan; TNS: Department of Botany, National Museum of Nature and Science, Tsukuba, Ibaraki, Japan.

最節約法による系統解析も行った。その結果、茨城県、静岡県、佐賀県および宮崎県産の合計 6 標本から新たに得た ITS 領域の塩基配列は、正基準標本を含む茨城県神栖市産、ならびに福岡県産のワタゲスナツブタケの標本から得られた配列と単系統群をなし、その単系統性は最尤法と最節約法のブートストラップ値 (BS) の双方で強く支持された (最尤法 BS = 100%、最節約法 BS = 99% ; 図 2)。

以上より、筆者らはこれら 6 標本をワタゲスナツブタケであると同定した。本報告は、本州中部 (静岡県) における本菌の初めての記録となるとともに、福岡県に加えて、佐賀県および宮崎県にも本菌が分布することを明確にしたものであり、ワタゲスナツブタケが本州ならびに九州各地の砂浜海岸に広く分布する可能性が裏付けられた。なお、形態観察や系統解析に供試した 6 標本は国立科学博物館植物研究部 (TNS) またはミュージアムパーク茨城県自然博物館 (INM) の標本庫に保管するとともに、それらより新たに得た塩基配列情報は NCBI GenBank ([https://](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank)

www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank) を経由して国際塩基配列データベース連携 (The International Nucleotide Sequence Database Collaboration; INSDC) に登録した (表 1)。

謝辞

野外調査に際してご協力いただいた新潟大学教育学部の下保敏和博士ならびに下保有紀子氏、宮崎県の野辺ひとみ氏、野辺亮二氏ならびに時任純代氏、慶應義塾大学卒業生の伊東永三郎氏ならびに占部愛依理氏、千葉科学大学危機管理学部の小濱剛博士ならびに萩原誉崇氏に厚くお礼申し上げます。また、DNA の塩基配列情報取得に際してご協力いただいた国立科学博物館植物研究部の南京沃氏に深く感謝申し上げます。本報告は JSPS 科研費 23K05895 ならびに茨城県神栖市からの受託研究「神栖市の自然環境調査」の成果の一部であり、研究費を助成いただいたことにお礼申し上げます。

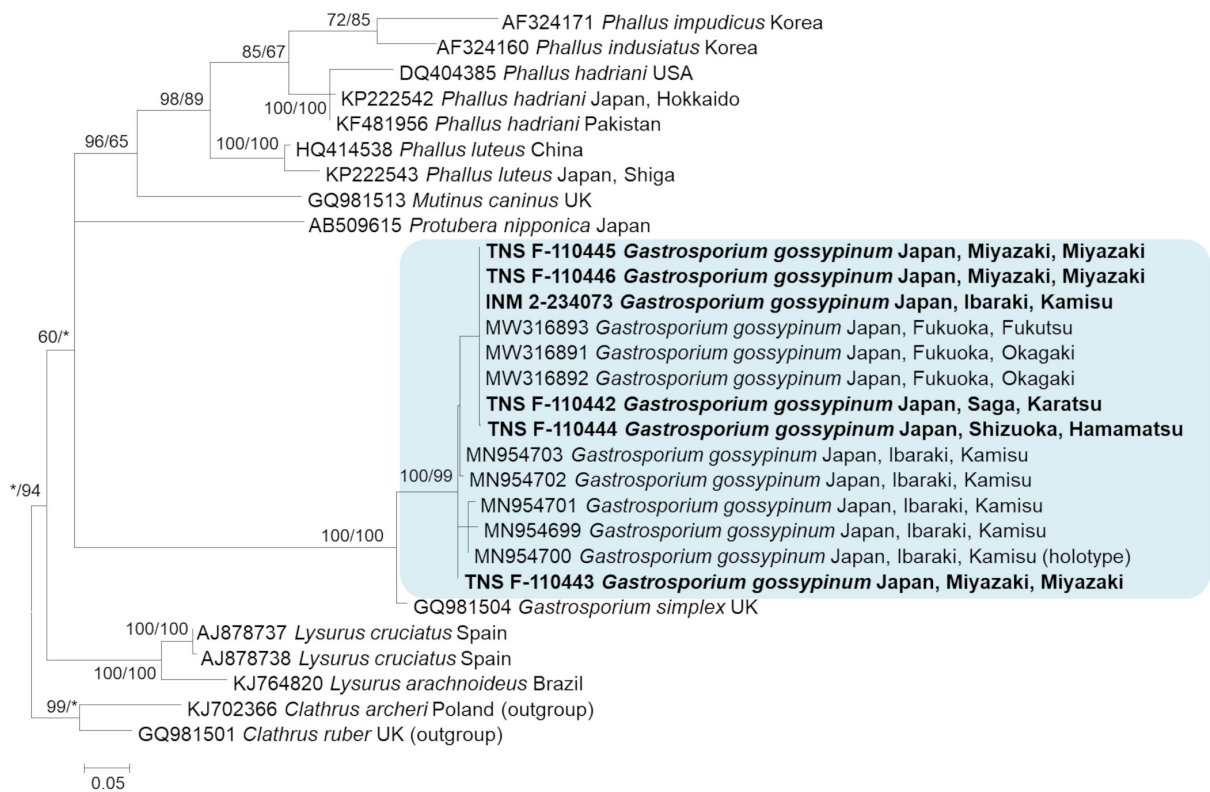


図 2. 核リボソーム ITS 領域に基づき、K2+I モデルにより推定されたワタゲスナツブタケおよび近縁分類群の最尤系統樹 (最大対数尤度: -4039.87)。本研究で新たに得られた配列は太字で示した。最尤法 (ML; 1000 反復) および最節約法 (MP; 10,000 反復) によるブートストラップ値 (BS) のうち 60% を超えるものを各ノードに記し (ML BS / MP BS), 60% 未満の BS はアスタリスク (*) で示した。スケールバーはサイトあたりの置換数を示す。

Fig. 2. Maximum likelihood (ML) phylogeny of *Gastrosporium gossypinum* and allied taxa based on the nuclear ribosomal ITS region, inferred under the K2+I model (highest log likelihood = -4039.87). Sequences newly generated in this study are shown in bold. Bootstrap support values (BS) from ML (1000 replicates) and maximum parsimony (MP; 10,000 replicates) analyses greater than 60% are shown at each node (ML BS / MP BS). BS less than 60% are indicated by an asterisk (*). The scale bar indicates the number of substitutions per site.

引用文献

Kasuya T., Hanawa S., Hosaka K. (2020) A new species of *Gastrosporium* (Phallales) from coastal sand dune of Ibaraki Prefecture, central Japan.

Truffology 3: 9–16.

糟谷大河・下保有紀子・池ノ内勇仁・保坂健太郎 (2021) ワタゲ

スナツブタケ *Gastrosporium gossypinum* (スッポンタケ目) の福岡県における初記録. Truffology 4: 17–20.

Kasuya T., Uzawa M., Hosaka K. (2022) *Scleroderma capeverdeanum*, a subhypogeous fungus new to Japan, collected from the *Eucalyptus* plantation in Ibaraki Prefecture. Truffology 5: 23–32.

観察記録 (Observation)

島根県隠岐諸島での広義コイシタケ (*Russula* sp.) の新産地報告

First report of Koishi-take (*Russula* sp.) from Oki Islands

白石 泰志

Taiji Shiraishi

山のキノコ研究会, 〒 689-5131 鳥取県日野郡日野町黒坂 1561-1 日野町リノベーション Lab

Hinocho Renovation Lab, 1561-1 Kurosaka, Hino-cho, Hino-gun, Tottori 689-5131, Japan

E-mail: taiji.shira@gmail.com

Article Info: Submitted: 6 February 2026

Published: 31 March 2026

著者は 2025 年 11 月に、島根県隠岐の島町のスダジイ林において地下生菌の調査を行い、島根県隠岐諸島内では初記録となる広義のコイシタケ (*Russula* sp.; 図 1) を島後の南側 2 地点において採集したので報告する。

隠岐諸島は、島後 1 島と島前 3 島からなる 4 島の有人島からなる島嶼で、島根県本土からは近いところで約 50 キロ離れている。地域的には山陰に含まれ、年間を通して雨量が多くて湿度が高く、冬は雪が積もる環境にある。

本種は、京都府 (京都府、2015) や奈良県、愛知県、東京都御蔵島 (折原・出川、2018) などで発生が確認されている。

子実体は球形で、直径 10–15 mm であった (図 1A、D)。断面は部分的にオレンジ色をしており (図 1B)、時間が経過するにつれて色が濃くなった (図 1C)。

外見的特徴に加え、胞子は球形でトゲ状という特徴が見られたため、同定の決め手となった。(図 1E)

発生環境はスダジイの樹下で湿り気のある苔むしたやや硬い土壤に半分埋もれる形で発生していた (図 1F)。

また、標本は、島根県中山間地域研究センターに収蔵してある。収蔵番号は MRRC2025-264 である。

謝辞

本調査を行うにあたり、同定にご協力いただいた神奈川県立生命の星・地球博物館の折原貴道氏と、標本の収蔵を引き受けてくださった島根県中山間地域研究センターの宮崎恵子研究員には厚く御礼申し上げます。

引用文献

- 京都府 (2015) 京都府レッドデータブック 2015. 京都府環境部自然環境保全課, 京都.
- 折原貴道・出川洋介 (2018) 御蔵島の地下生菌相の特徴. *Mikurensis* 7: 31–38.

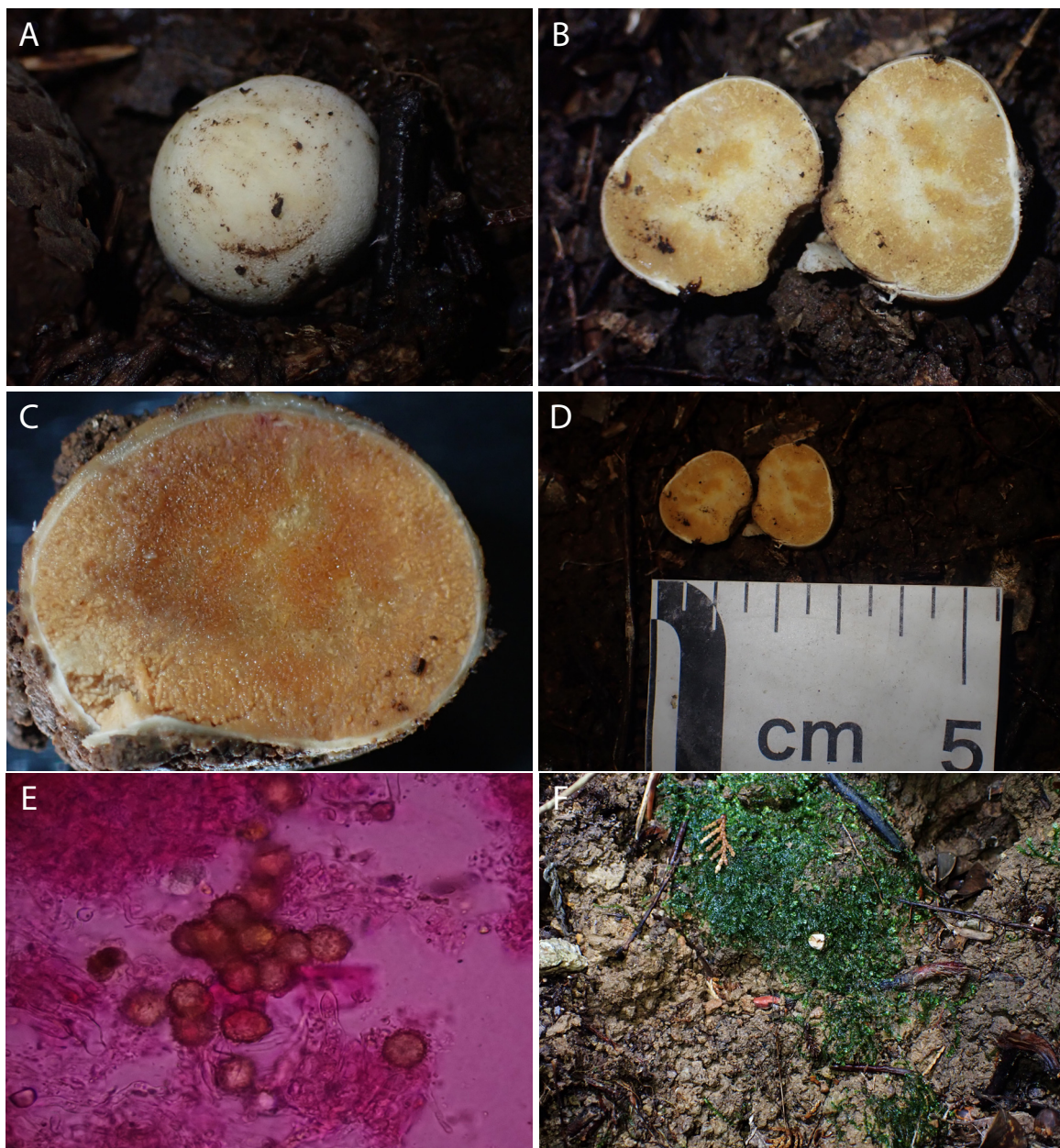


図 1. 島根県隠岐諸島産の広義のコイシタケ (*Russula* sp.). A: 子実体. B-D: 断面. E: 孢子 (フロキシンで染色). F: 発生環境.

観察記録 (Observation)

長野県において観察されたベニタケ属地下生菌の動物による
被食と考えられる事例についてA possible trace of mycophagy on a truffle fruitbody of *Russula* sp.
observed in Nagano Prefecture, Japan嶋崎 拓^{1*}, 出川 洋介²Taku Shimazaki^{1*}, Yousuke Degawa²

¹ 筑波大学大学院山岳科学学位プログラム博士前期課程, 〒 386-2204 長野県上田市菅平高原 1278-294
Master's Program in Mountain Studies, University of Tsukuba, 1278-294 Sugadaira Kogen, Ueda-shi, Nagano 386-2204, Japan

² 筑波大学山岳科学センター菅平高原実験所, 〒 386-2204 長野県上田市菅平高原 1278-294
Sugadaira Research Station, Mountain Science Center, University of Tsukuba, 1278-294 Sugadaira Kogen, Ueda-shi, Nagano
386-2204, Japan

* 主著者 (Corresponding author)

E-mail: shimazakitaku105@gmail.com

Article Info: Submitted: 20 March 2026

Published: 31 March 2026

筑波大学山岳科学センター菅平高原実験所は長野県上田市にある生物科学・地球科学・農学などの分野に関する研究・教育施設である。実験所では 2024 年より構内および菅平高原の菌類相調査を進めている。地下生菌として、これまでに、ケカビ門の *Endogone botryocarpa* Koh. Yamam., Degawa & A. Yamada, *E. incrassata* Thaxt., *E. pisiformis* Link, *Jimgerdemannia flammicorona* (Trappe & Gerd.) Trappe, Desirò, M.E. Sm., Bonito & Bonito & Bidartondo, *J. lactiflua* (Berk. & Broome) Trappe, Desirò, M.E. Sm., Bonito & Bidartondo が Yamamoto et al. (2015, 2020) によって報告されている。また、担子菌として、ホシミノタマケ属の一種 *Octaviania* sp., ヒメノガステル属の一種 *Hymenogaster* sp. が、子嚢菌として、ロウツブタケ属の一種 *Hydnobolites* sp., セイヨウショウロ属の一種 *Tuber* sp. などが確認されているが未だ正式に報告されていない。今回、菌類相調査の過程で、地下生のベニタケ属 *Russula* と考えられる子実体が、動物被食されたと思われる事例に遭遇したことから、その記録を報告する。

菅平高原実験所は本州中部山岳地帯の菅平高原に位置しており (標高約 1360 m)、冷温帯気候下にあり、12 月下旬から 3 月下旬まで根雪となって積雪量は約 1 m である。約 35 ha の敷地内には、植物見本園と、半自然的ススキ草原、アカマツ、ミズナラの自然林が広がっているが、ススキ草原の一角にある“拋水林”と称される小規模な林地 (図 1) は、地下水位が高く湿

潤で、ミズナラ、シナノキ、ハルニレなどの高木が育っている。また構内には、ツキノワグマ、ニホンカモシカ、ホンシュウジカ、ニホンイノシシ、ニホンリス、ニホンノウサギ、ヤマネ、複数のネズミ類など、本州で認められる主要なほとんどの種の哺乳類が生息している。

2025 年 10 月 28 日の夕方 15 時頃、上述の“拋水林”において菌類探索中に、胸高直径約 70 cm のシナノキの、地上から



図 1. ベニタケ属の地下生菌が発見された“拋水林”の位置 (赤丸部分)。

Fig. 1. Location of a section of the forest stand where hypogeous fungus of the genus *Russula* was discovered (red circle).

120 cm ほどのところにできた 20 × 5 cm ほどの樹洞 (図 2) に、球形で直径約 2 cm の菌類の子実体と思われるものを発見した (図 3、4)。これは菌で抉られたような形に少し欠けており、内部には緻密な小腔室構造が認められた (図 5)。また、美味しいキノコのような良い匂いを発していた。現地写真撮影し、5 mm 角ほどの小さい断片のみを実験室に持ち帰り検鏡したところ、著しい刺を被る球形の担子胞子 (図 6) と担子器が認められた。メルツァー液で封入して観察した際、担子胞子は直径 10–12 μm で、刺の高さは 1.5–2.0 μm であった (図 7)。この顕微鏡写真を栃木県立博物館の山本航平氏に送付し、意見を求めたところ、ベニタケ属の地下生菌ではないかとの返答を頂いた。地下生のベニタケ属菌として Vidal et al. (2019) を参照すると、*Russula pila* (Pat.) Trappe & T.F. Elliott は、胞子が球形で、そのサイズや刺の形状も今回の子実体とよく似ているが、胞子が透明～黄色であり、グレバがオレンジ色を帯びるという点で異なる。また、*R. mattiroloana* (Cavara) T. Level や *R. candida* (Tul. & C. Tul.) J. M. Vidal も胞子の形状、サイズ、刺の長さは一致するが、子実体がセコチウム型である。今回の子実体もセコチウム型であった可能性を否定することはできないが、詳細に確認できていない。

翌日 10 月 29 日の夕方 16 時頃、子実体を標本保管するために回収しようと、現地へ行ったところ子実体は跡形もなく無くなっていた。なお、検鏡の為に持ち帰った子実体の小断片は、栃木県立博物館に寄贈した (標本番号：TPM-M-10544)。

能動的に胞子散布をしない地下生菌には、代替分散手段として、リスやネズミなどの哺乳類や、ハエやヤスデなどの節足動物に被食されて胞子を散布させる例が多数知られている (佐々木ほか、2016)。今回、子実体が発見された場所は地上約 120 cm と、比較的高い位置の樹洞であった。実験所構内には上述の通り多様な哺乳類が生息しており、ニホンリスやカケスは、冬季の食料とするためにミズナラやオニグルミの果実などを樹洞等に隠す“貯食行動”を示すことがしばしば確認されている。今回発見されたベニタケ属の子実体は、地上の高い場所より発見されたことから、ネズミ類などよりも、樹木の高いところに登るニホンリスにより、地中から掘り出され、樹洞に運ばれたのではないかと考えられる。おそらく一時的に保管されていたものが、翌日までに別の場所に移動されたか、被食されたものと思われる。そこで“拋水林”のシナノキ近傍の林床で、今回の子実体に類するものが発生していないか探索を行ったが発見することはできなかった。

リス類がハラタケ型の子実体や地下生菌 (*アカショウロ* *Rhizopogon succosus* A.H. Sm.) を食べたと推測される事例は以前より知られ (相良、1989)、近年もテングタケ属複数種の摂食例が報告されている (Suetsugu & Gomi, 2021)。また、スズメバチなどの昆虫により胞子散布されることが知られる、地下生菌のシラタマタケ (相良、1989；岩間、2023) について、ニホンリスが子実体を抱えて食べているように見える観察例も SNS (X) に



図 2. 樹洞の外観。スマホカバーの大きさは 15 × 8 cm。2026 年 1 月 26 日撮影。

Fig. 2. External view of the tree hollow. The smartphone case measures 15 cm in height × 8 cm in width. Photographed on January 26, 2026.



図 3. 樹洞の様子。2025 年 10 月 28 日撮影。

Fig. 3. Condition of the tree hollow. Photographed on October 28, 2025.



図 4. 樹洞内にあった亜球形の子実体。下部は欠けていた。

Fig. 4. Subspherical fruiting body found inside the tree hollow. The lower part was missing.



図 5. 子実体の拡大図。小腔室構造が認められる。

Fig. 5. Close-up view of the fruiting body. A loculate chambered structure is observable.

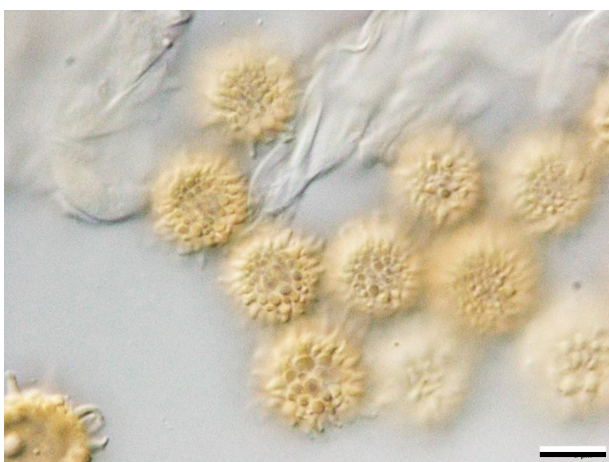


図 6. 多数の棘に覆われる担子孢子。乳酸で封入し微分干渉光学顕微鏡で観察。スケール：10 μm。

Fig. 6. Basidiospores covered with numerous spines. Mounted in lactic acid and observed under the differential interference contrast microscope. Bar: 10 μm.

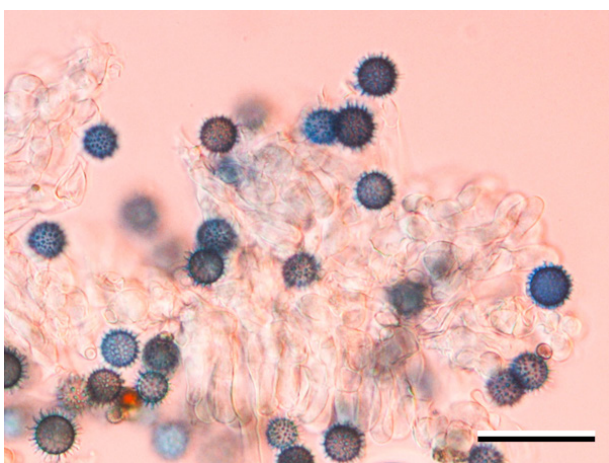


図 7. 担子孢子。メルツァー試薬で封入し光学顕微鏡で観察。スケール：50 μm。

Fig. 7. Basidiospores. Mounted in Melzer's reagent and observed under the light microscope. Bar: 50 μm.

において報告されている (2021 年 12 月 8 日に投稿されたポスト [<https://x.com/i/status/1468552123575304200>] : 2026 年 2 月 9 日閲覧)。今回の観察事例は、確定されたものではないものの、ニホンリスがベニタケ属の地下生菌を餌として利用している可能性を強く示唆するものであることから、記録を残すことにした。今後もリス類をはじめとした哺乳類と地下生菌の関係に留意をしながら野外調査を行っていきたい。

謝辞

今回の執筆にあたり、報告の機会をいただきました山本航平氏にはこの場をお借りしてお礼申し上げます。

引用文献

- 岩間杏美 (2023) シラタマタケを利用するハチ目昆虫の観察記録。Truffology 6: 7–10.
- 相良直彦 (1989) きのこと動物 ひとつの地下生物学。築地書館, 東京。
- 佐々木廣海・木下晃彦・奈良一秀 (2016) 地下生菌識別図鑑。誠文堂新光社, 東京。
- Suetsugu K., Gomi K. (2021) Squirrel consuming “poisonous” mushrooms. *Frontiers in Ecology and the Environment* 19: 556.
- Vidal J.M., Alvarado P., Loizides M., Konstantinidis G., Chachula P., Mleczko P., Moreno G., Vizzini A., Krakhmalnyi M., Paz A., Cabero J., Kaounas V., Slavova M., Moreno-Arroyo B., Llistosella J. (2019) A phylogenetic and taxonomic revision of sequestrate Russulaceae in Mediterranean and temperate Europe. *Persoonia* 42: 127–185.
- Yamamoto K., Degawa Y., Hirose D., Fukuda M., Yamada A. (2015) Morphology and phylogeny of four *Endogone* species and *Sphaerocreas pubescens* collected in Japan. *Mycological Progress* 14: 86.
- Yamamoto K., Degawa Y., Yamada A. (2020) Taxonomic study of Endogonaceae in the Japanese islands: New species of *Endogone*, *Jingerdemannia*, and *Vinositunica*, gen. nov. *Mycologia* 112: 309–328.

標本リスト (Specimen list)

2025 年に香川県内で採集された地下生菌

Truffles and truffle-like fungi collected in Kagawa Prefecture in 2025

櫻庭 春彦^{*}, 櫻庭 三恵

Haruhiko Sakuraba^{*}, Mie Sakuraba

香川県高松市

Takamatsu-shi, Kagawa, Japan

^{*} 主著者 (Corresponding author)

E-mail: sakurabaharuhiko@gmail.com

Article Info: Submitted: 11 January 2026 Published: 31 March 2026

2025 年に香川県内で著者らが採集した地下生菌の標本を報告する (表 1、図 1–13)。標本のうち、グロムス属の一種については、千葉大学の大和政秀氏に寄贈した。その他の標本はいずれも栃木県立博物館 (TPM) 収蔵庫に収蔵されている。

謝辞

本報告を作成するにあたり、大前宗之様、折原貴道様、木下晃彦様、佐々木廣海様、大和政秀様、山本航平様には、標本の同定や最新情報など多くのご教示をいただき厚く御礼申し上げます。採集および観察については、次の皆様に大変お世話になりました。ここに深謝いたします：秋山敬典様、菊間泰汜様、嶋田友久様、中村香代子様、林鈴以様、平尾知也様。

表 1. 2025 年に香川県で採集された地下生菌

Table 1. Specimens of truffles and truffle-like fungi collected in Kagawa Prefecture in 2025

学名	和名	採集地	発生環境 (植生)	採集日	採集者	同定者	オリジナル 標本番号	バウチャー 標本番号	標本の 状態	備考
<i>Rhizopogon roseolus</i>	シヨウロ	さぬき市	クロマツ樹下, 地表に露出	2025 年 1 月 11 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-01	TPM-M-10477	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces muricatus</i>	アミノツチダング	綾歌郡綾川町	アラカシ・コナラ樹下, 地表に露出	2025 年 1 月 25 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-02	TPM-M-10478	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	綾歌郡綾川町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 1 月 25 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-03	TPM-M-10479	凍結乾燥	
<i>Tuber</i> sp. (<i>Melanosporium</i> group)	黒色糸リユフの一種	東かがわ市	アラカシ・ウバメガシ樹下, リター下	2025 年 2 月 9 日	櫻庭春彦	佐々木廣海	KG2025-04	TPM-M-10480	凍結乾燥	図 1; 老熟, 子嚢消失
<i>Aroramycetes</i> sp.	アロラムクス属の一種	東かがわ市	アラカシ・ヤブツバキ樹下, リター下	2025 年 2 月 9 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-05	TPM-M-10481	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミタマタケ属 <i>パルカイ</i> 亜属の一種	東かがわ市	アラカシ・ネズミモチ樹下, リター下	2025 年 2 月 9 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-06	TPM-M-10482	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミタマタケ属 <i>パルカイ</i> 亜属の一種	仲多度郡まんのう町	広葉樹林, アラカシ樹下, 地中	2025 年 2 月 23 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-07	TPM-M-10483	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	坂出市	アベマキ・ヒサカキ樹下, 地中	2025 年 3 月 15 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-08	TPM-M-10484	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミタマタケ属 <i>パルカイ</i> 亜属の一種	坂出市	アベマキ, リター下	2025 年 3 月 15 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-09	TPM-M-10485	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 地中	2025 年 3 月 22 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-10	TPM-M-10486	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミタマタケ属 <i>パルカイ</i> 亜属の一種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 地中	2025 年 3 月 22 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-11	TPM-M-10487	凍結乾燥	
<i>Melanogaster urticulatus</i>	アカダマタケ	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 3 月 23 日	櫻庭春彦	折原貴道・大前宗之	KG2025-12	TPM-M-10488	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces muricatus</i>	アミノツチダング	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 地中	2025 年 3 月 25 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-13	TPM-M-10489	凍結乾燥	ハナヤスリタケ寄生
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	仲多度郡まんのう町	コナラ樹下, リター下	2025 年 4 月 5 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-14	TPM-M-10490	凍結乾燥	ミヤマタンポタケ類似種寄生
<i>Hymenogaster</i> sp.	ヒメノカステル属の一種	東かがわ市	コナラ樹下, 地中	2025 年 4 月 29 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-15	TPM-M-10491	凍結乾燥	
<i>Hydnotrya</i> sp.	クルミタケ属の一種	仲多度郡琴平町	ソメイヨシノ・オンツツジ樹下, 法面に露出	2025 年 5 月 11 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-16	TPM-M-10492	凍結乾燥	
<i>Hydnotrya</i> sp.	クルミタケ属の一種	仲多度郡琴平町	ソメイヨシノ・オンツツジ樹下, 法面に露出	2025 年 5 月 24 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-17	TPM-M-10493	凍結乾燥	
<i>Rhizopogon boninensis</i>	オオシヨウロ	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025 年 5 月 31 日	櫻庭春彦	折原貴道	KG2025-18	TPM-M-10494	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 地中	2025 年 5 月 31 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-19	TPM-M-10495	凍結乾燥	ミヤマタンポタケ類似種寄生
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	三豊市財田町	アラカシ・ヒサカキ樹下, リター下	2025 年 7 月 20 日	櫻庭三恵	佐々木廣海	KG2025-20	TPM-M-10496	凍結乾燥	
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	三豊市財田町	アラカシ・ヒサカキ樹下, リター下	2025 年 7 月 30 日	櫻庭三恵	佐々木廣海	KG2025-21	TPM-M-10497	凍結乾燥	タンポタケ寄生
<i>Aroramycetes</i> sp.	アロラムクス属の一種	三豊市財田町	コナラ樹下, リター下	2025 年 7 月 30 日	佐々木廣海	佐々木廣海	KG2025-22	TPM-M-10498	凍結乾燥	スメリタンポタケ寄生
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ソツレシロツチダング類似種	三豊市財田町	アラカシ・ネズミモチ樹下, リター下	2025 年 7 月 30 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-23	TPM-M-10499	凍結乾燥	
<i>Glomus</i> sp.	グロムス属の一種	三豊市財田町	ヤブツバキ樹下, リター下	2025 年 7 月 30 日	櫻庭春彦	大和政秀	KG2025-24		凍結乾燥	図 2, 大和政秀氏に寄贈
<i>Rossobevera eucyanea</i>	アオノメクロツブタケ	仲多度郡まんのう町	コナラ樹下, リター下	2025 年 7 月 30 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-25	TPM-M-10500	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> sp. (Sect. <i>Ceratogaster</i>)	ソチダング属 (セフトガスター節) の一種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 法面に露出	2025 年 7 月 30 日	平尾知也	折原貴道・佐々木廣海	KG2025-26	TPM-M-10501	凍結乾燥	図 3

表 1. (続き)

Table 1. (continued)

学名	和名	採集地	発生環境 (植生)	採集日	採集者	同定者	オリジナル 標本番号	バウチャー 標本番号	標本の 状態	備考
<i>Aroramycetes</i> sp.	アロラムクス属の一種	三豊市財田町	コナラ樹下, リター下	2025年8月15日	櫻庭春彦	佐々木廣海	KG2025-27	TPM-M-10502	凍結乾燥	
<i>Stephanospora</i> sp.	ステファノスポラ属の一種	三豊市財田町	ヤブツハキ樹下, リター下	2025年8月15日	櫻庭春彦	折原貴道	KG2025-28	TPM-M-10503	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces</i> sp. (Sect. <i>Ceratogaster</i>)	ツチダングス属 (セプトガスター節) の一種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, 法面に露出	2025年8月31日	櫻庭春彦	折原貴道・佐々木廣海	KG2025-29	TPM-M-10504	凍結乾燥	
<i>Tuber</i> sp. (<i>Puberulum</i> group)	セイヨウシヨウロ属 (<i>Puberulum</i> グループ) の一種	仲多度郡まんのう町	コナラ・マルバウツギ樹下, リター下	2025年8月31日	櫻庭三恵	木下晃彦	KG2025-30	TPM-M-10505	凍結乾燥	図 4
<i>Epiglocarpum</i> sp.	エピグオカルプム属の一種	仲多度郡まんのう町	ヤブツハキ・アサガラ樹下, リター下	2025年9月6日	櫻庭春彦	大和政秀	KG2025-31	TPM-M-10506	凍結乾燥	図 5
<i>Rhizopogon boninensis</i>	オオシヨウロ	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025年9月13日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-32	TPM-M-10507	凍結乾燥	
<i>Rhizopogon boninensis</i>	オオシヨウロ	綾歌郡綾川町	アカマツ樹下, 地表に露出	2025年9月23日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-33	TPM-M-10508	凍結乾燥	
<i>Rosbeeveria griseovelutina</i>	ネズミツチダマタケ	綾歌郡綾川町	シリブカガシ樹下, リター下	2025年9月23日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-34	TPM-M-10509	凍結乾燥	
<i>Rhizopogon boninensis</i>	オオシヨウロ	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025年9月28日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-35	TPM-M-10510	凍結乾燥	
<i>Rhizopogon</i> sp.	シヨウロ属の一種	仲多度郡まんのう町	アカマツ・コナラ樹下, リター下	2025年9月28日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-36	TPM-M-10511	凍結乾燥	
<i>Alpova</i> sp.	アルボバ属の一種	仲多度郡まんのう町	アカマツ・コナラ樹下, リター下	2025年9月28日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-37	TPM-M-10512	凍結乾燥	
<i>Protuberia nipponica</i>	シラタマタケ	坂出市	マダケ・アラカシ樹下, 地表に露出	2025年10月4日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-38	TPM-M-10513	凍結乾燥	
<i>Epiglocarpum</i> sp.	エピグオカルプム属の一種	坂出市	ヤブツハキ樹下, リター下	2025年10月4日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-39	TPM-M-10514	凍結乾燥	図 6
<i>Ocetaniana kobayasi</i>	ホシミシタマタケ	東かがわ市	アラカシ樹下, リター下	2025年10月5日	櫻庭春彦	折原貴道	KG2025-40	TPM-M-10515	凍結乾燥	
<i>Aroramycetes</i> sp.	アロラムクス属の一種	東かがわ市	アラカシ樹下, リター下	2025年10月5日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-41	TPM-M-10516	凍結乾燥	
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	東かがわ市	アラカシ樹下, リター下	2025年10月5日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-42	TPM-M-10517	凍結乾燥	
<i>Hydnocystis japonica</i>	ウソロイモタケ	高松市塩江町	クヤキ・アブラチャン樹下, 地表に露出	2025年10月11日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-43	TPM-M-10518	凍結乾燥	
<i>Hellogaster columellifer</i>	ジャガイモタケ	高松市塩江町	モミ樹下, 地表に露出	2025年10月11日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-44	TPM-M-10519	凍結乾燥	
<i>Melanogaster utriculatus</i>	アカダマタケ	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025年10月13日	櫻庭三恵	折原貴道・大前宗之	KG2025-45	TPM-M-10520	凍結乾燥	図 7
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>appalachiensis</i>	コロモツチダング	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025年10月13日	櫻庭三恵	櫻庭春彦・山本航平	KG2025-46	TPM-M-10521	凍結乾燥	図 8; ミヤマタンポタケ寄生, 菌糸紫色
<i>Zelleromyces</i> (= <i>Lactarius</i>) sp.	チチシヨウロ	三豊市財田町	アラカシ樹下, 地表に露出	2025年10月13日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-47	TPM-M-10522	凍結乾燥	
<i>Gautieria</i> sp.	ガウチエリア属の一種	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025年10月13日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-48	TPM-M-10523	凍結乾燥	
<i>Sclerogaster</i> sp.	スクレロガステル属の一種	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025年10月18日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-49	TPM-M-10524	凍結乾燥	図 9
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>mutabilis</i>	ツツシヨウロツチダング類似種	高松市塩江町	コナラ樹下, 地中	2025年10月19日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-50	TPM-M-10525	凍結乾燥	図 10
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	仲多度郡まんのう町	アラカシ樹下, リター下	2025年11月8日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-51	TPM-M-10526	凍結乾燥	
<i>Stephanospora</i> sp.	ステファノスポラ属の一種	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025年11月8日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-52	TPM-M-10527	凍結乾燥	
<i>Zelleromyces</i> (= <i>Lactarius</i>) sp.	チチシヨウロ	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025年11月8日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-53	TPM-M-10528	凍結乾燥	

表 1. (続き)

Table 1. (continued)

学名	和名	採集地	発生環境 (植生)	採集日	採集者	同定者	オリジナル 標本番号	バウチャー 標本番号	標本の 状態	備考
<i>Agaricomycetes</i> sp. (immature)	ハラタケ類の一種	仲多度郡まんのう町	アカマツ・コナラ・ヤママモ樹下, リター 下	2025 年 11 月 8 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-54	TPM-M-10529	凍結乾燥	図 11; 未成熟のため 地下生菌か不明
<i>Entoloma asterosporum</i>	ホシガタバニダンゴ	さぬき市	カゴノキ樹下, リター下	2025 年 11 月 9 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-55	TPM-M-10530	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミナタマタケ属パルカイ亜属の一種	さぬき市	アベマキ樹下, リター下	2025 年 11 月 9 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-56	TPM-M-10531	凍結乾燥	
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	東かがわ市	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 15 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-57	TPM-M-10532	凍結乾燥	
<i>Octaviania kobayashi</i>	ホシミナタマタケ	東かがわ市	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 15 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-58	TPM-M-10533	凍結乾燥	
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	仲多度郡まんのう町	アカマツ樹下, リター下	2025 年 11 月 16 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-59	TPM-M-10534	凍結乾燥	図 12; 外皮茶褐色に 変色
<i>Hellogaster columellifer</i>	ジャガイモタケ	高松市塩江町	モミ樹下, 地表に露出	2025 年 11 月 16 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-60	TPM-M-10535	凍結乾燥	
<i>Tuber</i> sp. (Puberulum group)	セイヨウシヨウロ属 (フベルムグループ) の一種	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 22 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-61	TPM-M-10536	凍結乾燥	図 13
<i>Aroramyces</i> sp.	アロラムクス属の一種	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 22 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-62	TPM-M-10537	凍結乾燥	
<i>Hysterangium</i> sp.	ヒステランギウム属の一種	三豊市財田町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 22 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-63	TPM-M-10538	凍結乾燥	
<i>Melanogaster</i> sp.	アナアキアカダマタケ	綾歌郡綾川町	アラカシ樹下, 地表に露出	2025 年 11 月 23 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-64	TPM-M-10539	凍結乾燥	
<i>Elaphomyces muricatus</i>	アミツチダンゴ	綾歌郡綾川町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 11 月 23 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-65	TPM-M-10540	凍結乾燥	ハナヤスリタケ寄生
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミナタマタケ属パルカイ亜属の一種	仲多度郡まんのう町	コナラ樹下, リター下	2025 年 11 月 24 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-66	TPM-M-10541	凍結乾燥	
<i>Octaviania</i> subg. <i>Parcaea</i> sp.	ホシミナタマタケ属パルカイ亜属の一種	綾歌郡綾川町	アラカシ樹下, リター下	2025 年 12 月 20 日	櫻庭春彦	櫻庭春彦	KG2025-67	TPM-M-10542	凍結乾燥	
<i>Hymenogaster</i> sp.	ヒメナガステル属の一種	綾歌郡綾川町	アカマツ・コナラ樹下, 地中	2025 年 12 月 20 日	櫻庭三恵	櫻庭春彦	KG2025-68	TPM-M-10543	凍結乾燥	



図 1. 黒色系トリュフの一種 *Tuber* sp. (Melanosporum group) (TPM-M-10480). スケール: 1 cm.



図 5. エピゲオカルプム属の一種 *Epigeocarpum* sp. (TPM-M-10506). スケール: 3 mm.



図 2. グロムス属の一種 *Glomus* sp. スケール: 5 mm.



図 6. ホシミノタマタケ *Octaviania kobayashii* (TPM-M-10515). スケール: 1 cm.



図 3. ツチダンゴ属(セラトガスター節)の一種 *Elaphomyces* sp. (sect. *Ceratogaster*) (TPM-M-10501). スケール: 5 mm.



図 7. アカダマタケ *Melanogaster utriculatus* (TPM-M-10520). スケール: 1 cm.



図 4. セイヨウショウロ属(プベルルムグループ)の一種 *Tuber* sp. (Puberulum group) (TPM-M-10505). スケール: 1 cm.

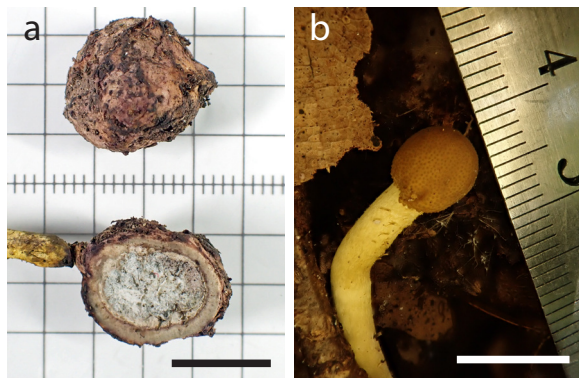


図 8. コロモツチダンゴ *Elaphomyces* aff. *appalachiensis* (TPM-M-10521). (a: 子実体; b: 寄生したミヤマタンポタケ). スケール: 1 cm.

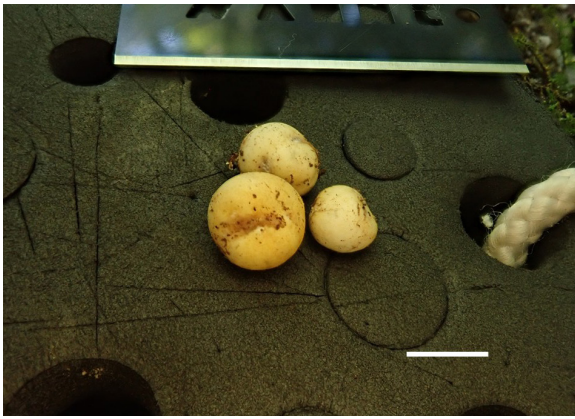


図 9. スクレロガステル属の一種 *Sclerogaster* sp. (TPM-M-10524). スケール: 5 mm.



図 12. ヒステランギウム属の一種 *Hysterangium* sp. (TPM-M-10534). スケール: 1 cm.



図 10. ツツレシロツチダゴ類似種 *Elaphomyces* aff. *mutabilis* (TPM-M-10525). スケール: 1 cm.



図 13. セイヨウショウロ属(プベルルムグループ)の一種 *Tuber* sp. (Puberulum group) (TPM-M-10536). スケール: 1 cm.

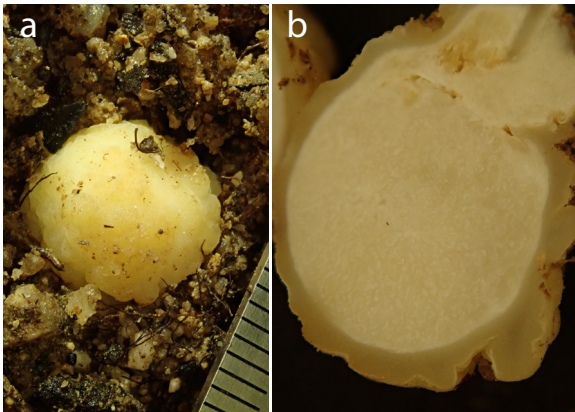


図 11. ハラタケ綱の一種 *Agaricomycetes* sp. (TPM-M-10529). (a: 発生状況; b: 断面). スケール: 5 mm.

標本リスト (Specimen list)

日本地下生菌研究会第8回地下生菌観察会で採集された地下生菌 Truffle-like fungi collected in the 8th JATS Foray

折原 貴道^{1*}, 佐々木 廣海², 平尾 知也³

Takamichi Orihara^{1*}, Hiromi Sasaki², Tomoya Hirao³

¹ 神奈川県立生命の星・地球博物館, 〒250-0031 神奈川県小田原市入生田499

Kanagawa Prefectural Museum of Natural History, 499 Iryuda, Odawara-shi, Kanagawa 250-0031, Japan

² 神奈川県藤沢市

Fujisawa-shi, Kanagawa, Japan

³ 岡山県玉野市

Tamano-shi, Okayama, Japan

* 主著者 (Corresponding author)

E-mail: t_orihara@nh.kanagawa-museum.jp

Article Info: Submitted: 24 February 2026 Published: 31 March 2026

岡山県倉敷市ほかにて2025年11月1日～3日に開催された第8回地下生菌観察会において採集された地下生菌を報告する(表1、図1-5)。標本はいずれも神奈川県立生命の星・地球博物館収蔵庫(KPM)に収蔵されている。

謝辞

本観察会を行うにあたって、観察地の採集許可に多大なるご協力を頂いた岡山きのご研究会の杉原雅夫様にお礼申し上げます。

表 1. 岡山県内で行われた第 8 回地下生菌観察会 (2025 年 11 月 1 ~ 3 日) で採集された地下生菌
Table 1. Truffle-like fungi collected in the 8th JATS Foray held in Okayama Pref.

学名	和名	採集地	発生環境 (植生)	採集者	採集日	同定者	バウチャー 標本番号	標本の 状態	備考
<i>Helicogaster columellifer</i> (Kobayasi) Orihara & K. Iwase	ジャガイモタケ	倉敷市 倉敷市自然の家	カシ類樹下	佐々木廣海	2025 年 11 月 1 日	佐々木廣海	KPM-NC 31839	凍結乾燥標本	
<i>Helicogaster columellifer</i> (Kobayasi) Orihara & K. Iwase	ジャガイモタケ	倉敷市 倉敷市自然の家	シラカシ樹下	金子義紀	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31847	凍結乾燥標本	
<i>Hymenogaster niveus</i> species complex	シロツブタケ複合種群の一種	倉敷市 倉敷市自然の家		金子義紀	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31849	凍結乾燥標本	
<i>Hymenogaster</i> sp.	ヒメノガステル属の一種	倉敷市 倉敷市自然の家	シラカシ樹下	大前宗之	2025 年 11 月 1 日	大前宗之	KPM-NC 31842	凍結乾燥標本	
<i>Hymenogaster</i> sp.	ヒメノガステル属の一種	倉敷市 倉敷市自然の家	スタジイ樹下	柴田将光	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31848	凍結乾燥標本	
<i>Protuberan nipponica</i> Kobayasi	シラタマタケ	倉敷市 倉敷市自然の家	カシ類樹下	大前宗之・佐々木廣海・平尾知也・松下直樹	2025 年 11 月 1 日	大前宗之・佐々木廣海	KPM-NC 31838	凍結乾燥標本	
<i>Lactarius</i> (<i>Zelleromyces</i>) sp.	チチシヨウロ	倉敷市 倉敷市自然の家	コナラ樹下	大前宗之・嶋田友久	2025 年 11 月 1 日	細川陽平	KPM-NC 31840	凍結乾燥標本	
<i>Octaviania mortae</i> Orihara	和名なし	倉敷市 倉敷市自然の家	コナラ樹下	折原貴道	2025 年 11 月 1 日	折原貴道	KPM-NC 31841	凍結乾燥標本	図 1
<i>Russula</i> sp.	ベニタケ属の一種 (シクエストレート菌)	倉敷市 倉敷市自然の家	カシ類樹下	佐々木廣海	2025 年 11 月 1 日	佐々木廣海	KPM-NC 31843	凍結乾燥標本	セコチウム型, 大型
<i>Russula</i> sp.	ベニタケ属の一種 (シクエストレート菌)	倉敷市 倉敷市自然の家	カシ類樹下	松下直樹	2025 年 11 月 1 日	折原貴道	KPM-NC 31844	凍結乾燥標本	セコチウム型, 小型
<i>Turmalinea persicina</i> Orihara	ウスベニタマタケ	倉敷市 倉敷市自然の家	アカガシ樹下	平尾知也	2025 年 11 月 1 日	折原貴道	KPM-NC 31845	凍結乾燥標本	
<i>Aspergillus</i> sp.	ステファニアノスポラもどき (仮称)	玉野市 みやま公園	ウバメガシ樹下	大前宗之・折原貴道	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31853	凍結乾燥標本	
<i>Protuberan nipponica</i> Kobayasi	シラタマタケ	玉野市 みやま公園	スダジイ・アカマツ樹下	金子義紀・佐々木廣海・嶋田友久	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31854	凍結乾燥標本	
<i>Lactarius</i> (<i>Zelleromyces</i>) sp.	チチシヨウロ	玉野市 みやま公園	アカマツ樹下	折原貴道・栗本慎一郎	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31852	凍結乾燥標本	図 2
<i>Melanogaster</i> sp.	アナアキアカガマタケ	玉野市 みやま公園	カシ類・コナラ・アカマツ樹下	金子義紀・平尾知也・栗本慎一郎・嶋田友久・折原貴道	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31851	凍結乾燥標本	別名: セトウチアカ タマタケ, 図 3
<i>Rhizopogon boninensis</i> S. Ito & S. Imai	オオシヨウロ	玉野市 みやま公園	アカマツ樹下	大前宗之・栗本慎一郎・櫻庭春彦・松下直樹	2025 年 11 月 2 日	阿部寛史	KPM-NC 31856 KPM-NC 31857	凍結乾燥標本	
<i>Rhizopogon pseudoroeseolus</i> A.H. Sm.	アカネシヨウロ	玉野市 みやま公園	アカマツ樹下	櫻庭三恵	2025 年 11 月 2 日	阿部寛史	KPM-NC 31858	凍結乾燥標本	
<i>Rhizopogon succosus</i> A.H. Sm.	アカシヨウロ	玉野市 みやま公園	アカマツ樹下	櫻庭三恵・細川陽平・松下直樹	2025 年 11 月 2 日	折原貴道	KPM-NC 31859	凍結乾燥標本	
<i>Rhizopogon</i> sp.	シヨウロ属の一種	玉野市 みやま公園	アカマツ樹下	平尾知也・松下直樹	2025 年 11 月 2 日	阿部寛史	KPM-NC 31861	凍結乾燥標本	

表 1. (続き)

Table 1. (continued)

学名	和名	採集地	発生環境 (植生)	採集日	採集者	同定者	バウチャー 標本番号	標本の 状態	備考
<i>Stephanospora</i> sp.	ステファノスポラ属の一種	玉野市みやま公園	コナラ・アカマツ等樹下	2025年11月2日	大前宗之・栗本眞一郎・櫻庭春彦・佐々木廣海・嶋田友久	折原貴道	KPM-NC 31855	凍結乾燥標本	
<i>Turmalinea persicina</i> Orihara	ウスベニタマタケ	玉野市みやま公園公園	スダジイ樹下	2025年11月2日	大前宗之	折原貴道	KPM-NC 31860	凍結乾燥標本	
<i>Alpova japonicus</i> A. Ishik., Hir. Sasaki & K. Nara	和名なし	倉敷市ふれあいの森	ヤシヤブシ類樹下	2025年11月2日	折原貴道・平尾知也・細川陽平	阿部寛史	KPM-NC 31868	凍結乾燥標本	図 4
<i>Elaphomyces japonicus</i> Lloyd	キツチダング	倉敷市ふれあいの森	コナラ樹下	2025年11月2日	折原貴道・柴田将光・平尾知也・細川陽平	折原貴道	KPM-NC 31871	凍結乾燥標本	
<i>Elaphomyces mutabilis</i> species complex	ツルシロツチダング複合種群の一種	倉敷市ふれあいの森	コナラ樹下	2025年11月2日	大西伸矢	折原貴道	KPM-NC 31870	凍結乾燥標本	
<i>Hymenogaster niveus</i> species complex	シロツブタケ複合種群の一種	倉敷市ふれあいの森	コナラ・アカマツ樹下	2025年11月2日	赤堀千里・阿部寛史・大前宗之・金子義紀・栗本眞一郎・松下直樹	折原貴道	KPM-NC 31864 KPM-NC 31865 KPM-NC 31866	凍結乾燥標本	
<i>Protuberia nipponica</i> Kobayasi	シラタマタケ	倉敷市ふれあいの森		2025年11月2日	大西伸矢	折原貴道	KPM-NC 31872	凍結乾燥標本	
<i>Lactarius</i> (<i>Zelleromyces</i>) sp.	チチンヨウロ	倉敷市ふれあいの森	アカマツ・コナラ樹下	2025年11月2日	大前宗之・金子義紀・櫻庭春彦・佐々木廣海・細川陽平・松下直樹	折原貴道	KPM-NC 31867	凍結乾燥標本	
<i>Melanogaster</i> sp.	アナアキアカガマタケ	倉敷市ふれあいの森		2025年11月2日	金子義紀	折原貴道	KPM-NC 31869	凍結乾燥標本	別名：セトウチア カダマタケ
<i>Rhizopogon succosus</i> A.H. Sm.	アカシヨウロ	倉敷市ふれあいの森	アカマツ樹下	2025年11月2日	金子義紀・櫻庭春彦・柴田めいこ・鈴木利明・平尾知也	阿部寛史	KPM-NC 31862 KPM-NC 31863	凍結乾燥標本	
<i>Anoramycetes</i> sp.	アロラマイセス属の一種	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	栗本眞一郎	折原貴道	KPM-NC 31879	凍結乾燥標本	図 5
<i>Boninogaster phalloides</i> Kobayasi	シンジュユタケ	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	金子義紀	折原貴道	KPM-NC 31885	凍結乾燥標本	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>citrinus</i> Vitad.	<i>Elaphomyces citrinus</i> 類似種	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	細川陽平	折原貴道	KPM-NC 31884	凍結乾燥標本	
<i>Elaphomyces</i> aff. <i>cyanosporus</i> Tul. & C. Tul.	クロイボツチダング類似種	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	折原貴道・平尾知也	折原貴道	KPM-NC 31880	凍結乾燥標本	
<i>Elaphomyces mutabilis</i> species complex	ツルシロツチダング複合種群の一種	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	阿部寛史・大前宗之・折原貴道	折原貴道	KPM-NC 31882 KPM-NC 31883	凍結乾燥標本	
<i>Epigeocarpum japonicum</i> Yamato, B.T. Goto, Niezgodna, Magurno & Blaszk.	和名なし	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	大西伸矢	折原貴道	KPM-NC 31873	凍結乾燥標本	
<i>Hymenogaster</i> sp.	ヒメノガステル属の一種	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	金子義紀・嶋田友久	折原貴道	KPM-NC 31877 KPM-NC 31878	凍結乾燥標本	
<i>Octaviania celatifolia</i> Orihara	和名なし	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	折原貴道・柴田めいこ	折原貴道	KPM-NC 31874 KPM-NC 31875	凍結乾燥標本	
<i>Rosstbeevera paracyanea</i> Orihara	アオニビツチダングマタケ	岡山市北区	カシ類樹下	2025年11月3日	大前宗之	折原貴道	KPM-NC 31876	凍結乾燥標本	



図 1. *Octaviania mortae* (KPM-NC 31841). スケール : 1 cm.



図 4. *Alpova japonicus* (KPM-NC 31868). スケール : 1 cm.



図 2. チチシヨウロ *Lactarius* (*Zelleromyces*) sp. (KPM-NC 31852).
スケール : 1 cm.



図 5. *Aroramyces* sp. (KPM-NC 31879). スケール : 1 cm.



図 3. アナアキアカダマタケ *Melanogaster* sp. (KPM-NC 31851).
スケール : 1 cm.

その他普及記事 (Other articles)

論文紹介：日本産アルポバ属の3新種と *Alpova* 属の生物地理学的な新たな知見Introduction to "Three new species of *Alpova* from Japan: new insights into biogeography in *Alpova*"

石川 陽

Akira Ishikawa

東京大学大学院新領域創成科学研究科, 〒 277-8563 千葉県柏市柏の葉 5-1-5

Evaluation of Natural Environment Laboratory, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, 5-1-5 Kashiwanoha, Kashiwa-shi, Chiba 277-8563, Japan

E-mail: ishikawaa95@gmail.com

Article Info: Submitted: 3 March 2026

Published: 31 March 2026

日本国内のハンノキ属 (*Alnus*) 樹木の樹下から採集された子実体標本に基づき、アジア初となる狭義のアルポバ属 (*Alpova sensu stricto*) 3 新種を Ishikawa et al. (2025) において記載したので、本普及記事にてその概略を紹介する。

ヒダハタケ科 (Paxillaceae) に属するアルポバ属は、ハンノキ属に特異的に外生菌根を形成する地下生菌である。本属はかつて、グレバがゲル状で淡色の胞子を持つなどの形態的特徴に基づき広義に定義されていたが (Trappe, 1975)、分子系統解析の結果、現在はハンノキ属との共生、皮層の偽柔組織構造 (pseudoparenchymatous structure)、グレバのバフファー細胞、淡色の胞子という共通形質を有する単系統群 (狭義のアルポバ属) として再定義されている (Moreau et al., 2013)。これまでに認められる種は約 8 種にとどまり、その多くはヨーロッパや北米から記載されてきた (Moreau et al., 2011, 2013; Hayward et al., 2014)。一方、宿主であるハンノキ属の多様性はアジアが世界最高 (18–23 種) であり、北米 (9 種) やヨーロッパ (4–5 種) を大きく上回る (Chen & Li, 2004)。それにもかかわらず、アジアにおけるアルポバ属の正式な記載は極めて限られており、中国からの既報 3 種も形態的特徴が狭義のアルポバ属と矛盾する点が多かった (外皮の構造が紡筋組織 (prosenchyma) であることや黒色のグレバなどのアカダマタケ属 (*Melanogaster*) 様の形態的特徴)。

地下生菌の胞子の多くは陸上動物の摂食によって散布されるため、地理的障壁を越えることが難しく、大陸間規模で顕著な生物地理的パターンを示すことが知られている (Elliott et al.,

2022)。セイヨウシヨウロ属 (*Tuber* 属) やシヨウロ属 (*Rhizopogon*) でも同様の傾向が報告されており (Bonito et al., 2013; Grubisha et al., 2007)、アルポバ属においても欧米の種がそれぞれの地域に固有であることが分子系統学的に確認されている (Hayward et al., 2014; Moreau et al., 2011, 2013)。こうした背景から、ハンノキ属多様性の中心地であるアジアには多数の固有未記載種が存在すると予測される。実際、日本のハンノキ属樹木の外生菌根からはアルポバ属の DNA 配列が複数報告されてきた (Pölmle et al., 2013; Ishikawa & Nara, 2023)。

本研究では 2002 年から 2023 年にかけて日本国内のハンノキ属樹種の樹下で採取された計 16 点の子実体標本を用いて顕微鏡による形態観察および分子系統解析を行なった。形態観察では、光学顕微鏡下で子実体および胞子の形態的特徴を評価した。分子系統解析には rDNA の ITS 領域および RPB2 遺伝子、GPD 遺伝子の計 3 領域を標的とし、ベイズ法および最大尤度法による系統推定を行なった。

その結果、日本産の標本は欧米既知種と遺伝的に明確に異なる 3 つの独立した系統を形成しており (図 1)、3 新種として記載された。1 つ目の新種 *Alpova fujisanensis* は、富士山の標高約 2000 m 付近、溶岩流や火山灰地に生育するミヤマハンノキの樹下のみで発見されており、種小名はタイプ標本の採取地である富士山に由来する。子実体は直径 0.8–1.5 cm で、表面は当初明るいオレンジ色だが成熟とともに赤褐色へと変化する (図 2)。胞子は平均 $4.3 \times 2.0 \mu\text{m}$ と 3 種中最も小さく、皮層下層 (subpellis) およびグレバに血栓状菌糸 (thromboplerous

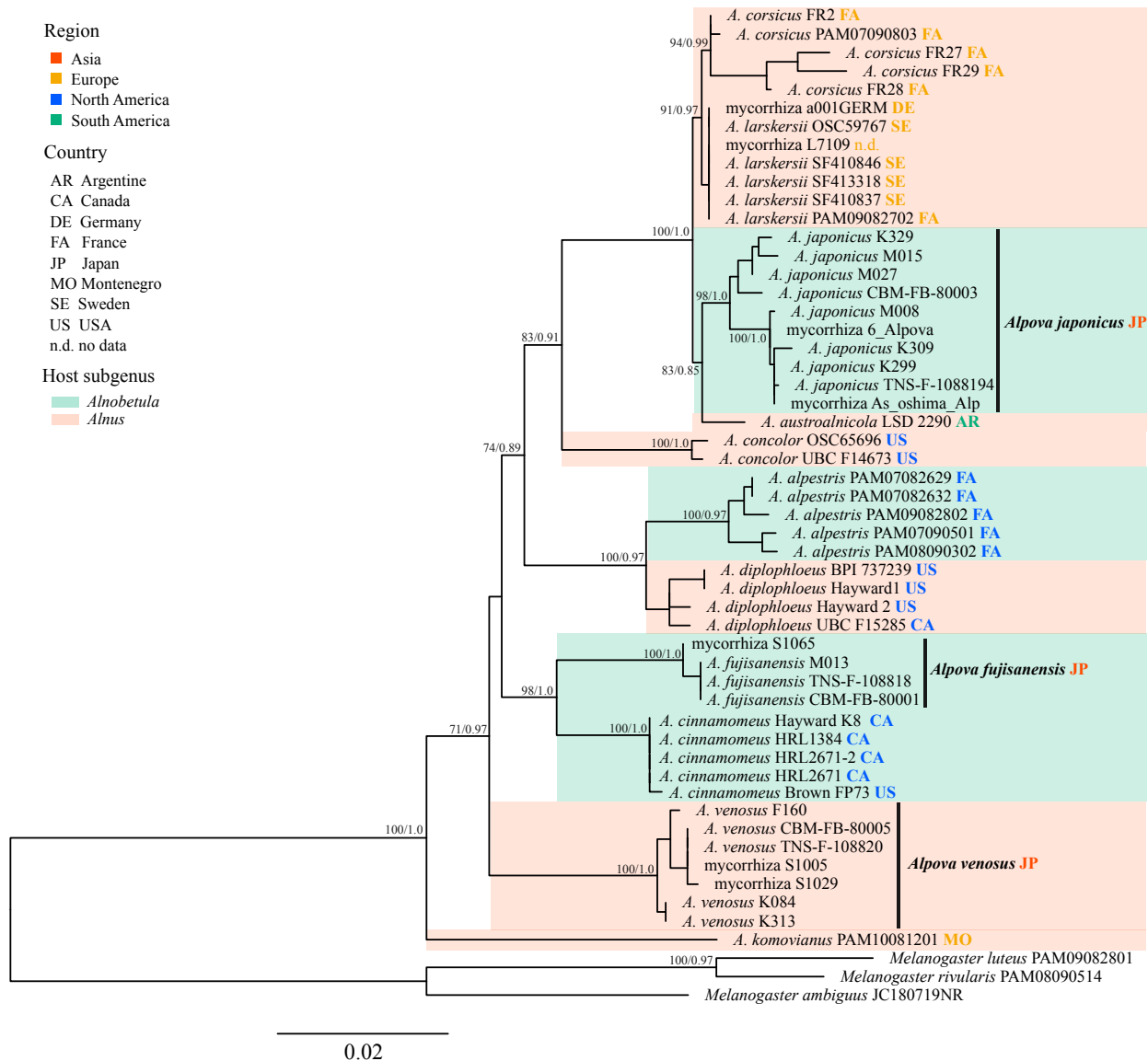


図 1. 3つの核遺伝子座 (ITS, RPB2, GPD) のDNA配列に基づいた、日本産3新種を含むアルポバ属の最尤系統樹。分岐点には、最尤系統樹におけるブートストラップ値またはベイズ推定系統樹における事後確率がそれぞれ70%または95%を超えた場合の値を示す (Ishikawa et al. (2025) から許諾を得て転載)。

hyphae) を有する (図 2)。血栓状菌糸はこれまでアルポバ属では *A. komovianus* のグレバのみで報告されていた構造であり、本種では外皮層とグレバの両組織に存在する。系統的には北米産の *A. cinnamomeus* と姉妹クレードを形成した (図 1 ; BS/PP = 98/1.0)。2つ目の新種 *Alporoba japonicus* は3種の中で最も広い分布域を持ち、北海道から九州、伊豆諸島まで国内各地で確認された。低地の公園から亜高山帯、火山一次遷移地まで多様な環境に生育し、基部に明瞭な暗褐色の根状菌糸束 (rhizomorphs) を持つ (図 3)。胞子は平均 $4.6 \times 2.2 \mu\text{m}$ で、ヤシバシ亜属 (subgen. *Alnobetula*) の樹木と共生する。タイプ標本は本土から約 22 km 離れた海洋島の伊豆大島で採集されており、地下生菌がいかにかして島へ到達したかという問題を提起している。島と本土の距離が比較的小さいことから、風による分散や子実体を直接あるいは間接的に接触したアカネズミなどの齧歯類あるいは鳥類が胞子を運搬した可能性が推測される。3

つ目の新種 *Alporoba venosus* は、福島県・神奈川県などの山地林においてケヤマハンノキの樹下から採集された。外皮実質内の血栓状菌糸が豊富であることから「静脈のある」を意味する *venosus* と命名した。子実体は直径 1.2–1.8 cm で成熟するとアカダマタケ属様の微かな甘い香りを放ち、胞子は平均 $5.6 \times 2.1 \mu\text{m}$ と3種中最も大きい長楕円形を呈する (図 4)。ハンノキ亜属 (subgen. *Almus*) と共生し、系統的には大部分の欧米産種よりも基部に位置するクレードを形成した (図 1 ; BS/PP = 71/0.97)。

系統解析では3種が欧米の既知種と大陸スケールで明確に分離した独立のクレードを形成し、種レベルで大陸を跨ぐ分布は確認されなかった (図 1)。これは *Tuber* 属や *Rhizopogon* 属で報告されている生物地理的パターンと一致する。また *A. japonicus* と *A. venosus* では日本国内においても地理的に近い標本が系統的に近縁な位置に置かれる傾向が見られ、国内スケールでも微細な生物地理的構造の存在が示唆された。さらに国内

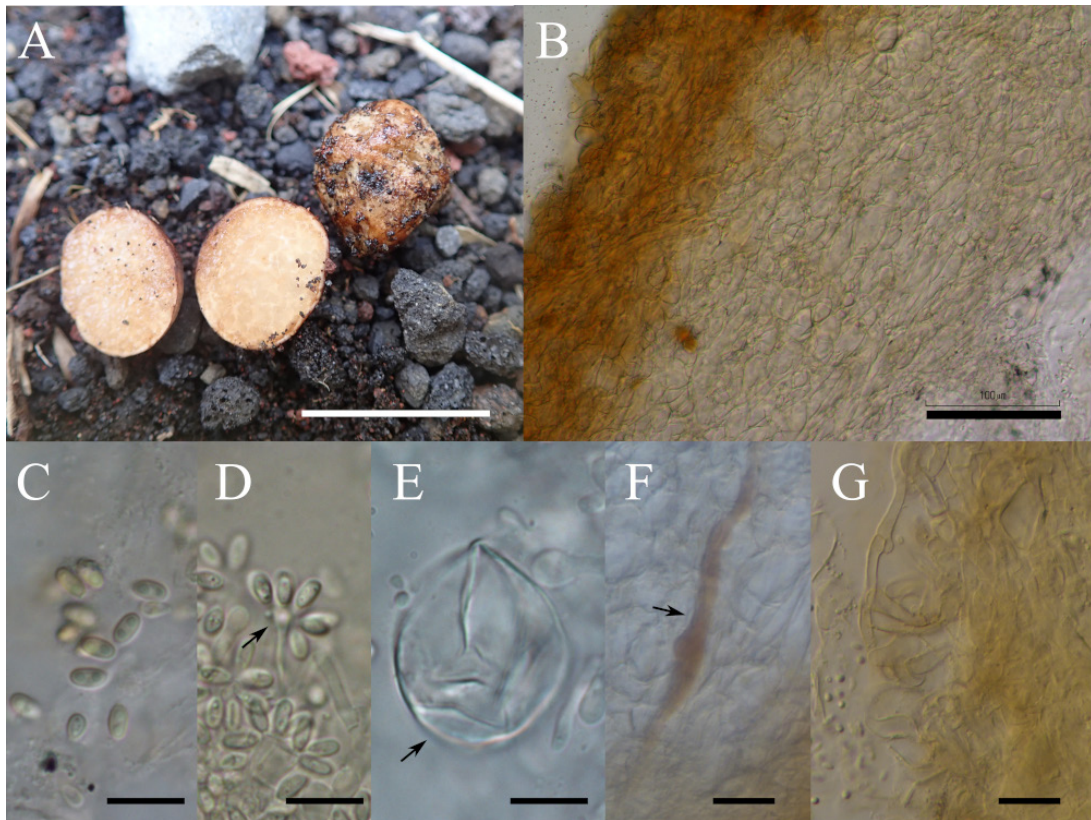


図 2. *Alpova fujiisanensis* (TNS-F-108818) (Ishikawa et al. (2025) から許諾を得て転載). A: 子実体. 外皮表面および子実体断面. B: 外皮の横断面. C: 担子胞子. D: 担子器 (矢印). E: パツファー細胞 (矢印). F: 外皮下層 (subpellis) における血栓状菌糸 (矢印). G: 皮層シスチジア. スケール: A = 1 cm; B = 100 μ m; C-G = 10 μ m.

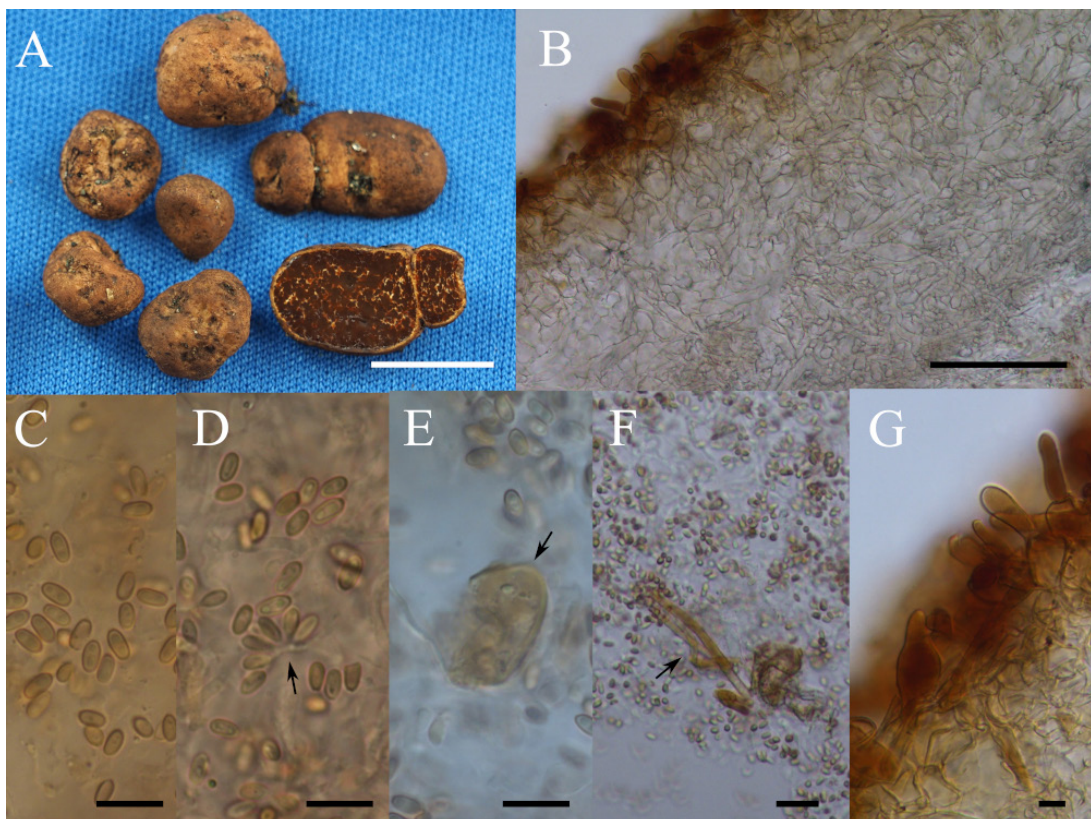


図 3. *Alpova japonicus* (TNS-F-108819) (Ishikawa et al. (2025) から許諾を得て転載). A: 子実体. 外皮表面および子実体断面. B: 外皮の横断面. C: 担子胞子. D: 担子器 (矢印). E: パツファー細胞 (矢印). F: グレバにおける血栓状菌糸 (矢印). G: 皮層シスチジア. スケール: A = 1 cm; B = 100 μ m; C-G = 10 μ m.

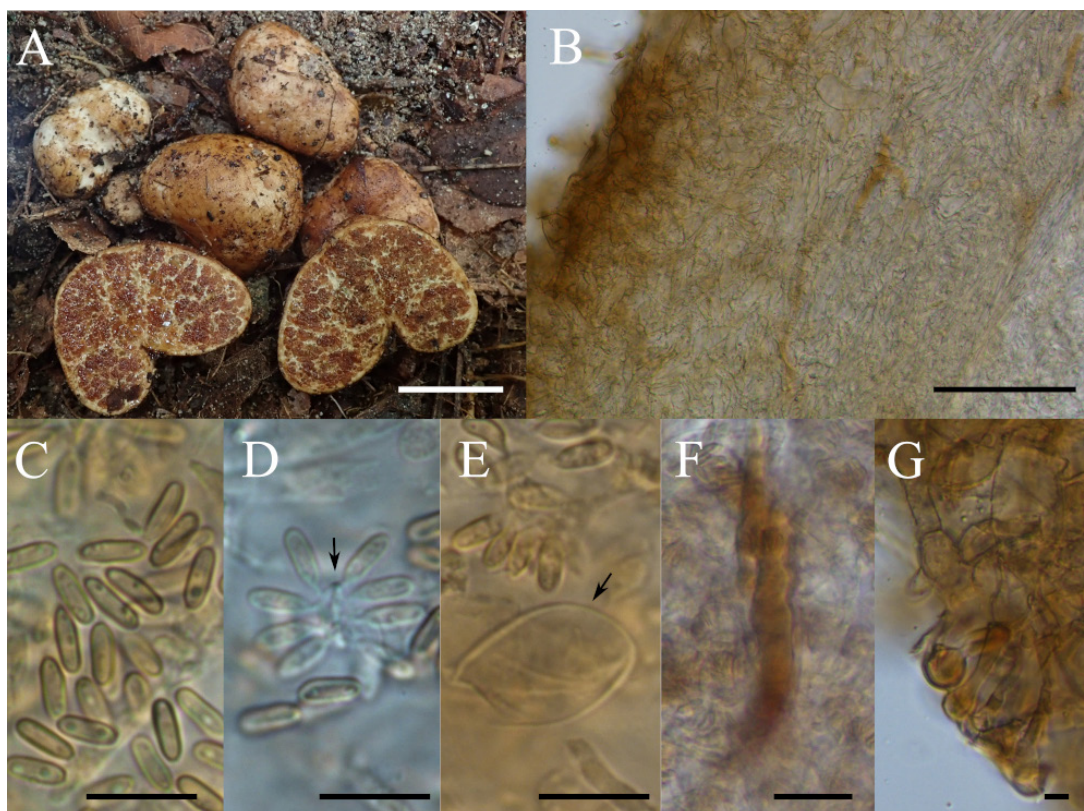


図 4. *Alpova venosus* (TNS-F-108820) (Ishikawa et al. (2025) から許諾を得て転載). A: 子実体. 外皮表面および子実体断面. B: 血柱状菌糸を伴う外皮の横断面. C: 担子胞子. D: 担子器 (矢印). E: パツファー細胞 (矢印). F: グレバにおける血柱状菌糸. G: 皮層システジア. スケール: A = 1 cm; B = 100 μ m; C-G = 10 μ m.

のアルポバ属3種は、*A. fujiisanensis* と *A. japonicus* はヤシヤブシ亜属にのみ、*A. venosus* はハンノキ亜属に主として共生している可能性が高く、アルポバ属がハンノキ属の亜属レベルで宿主特異性を持つという既存研究のパターンと一致している (Hayward et al., 2014; Moreau et al., 2011, 2013)。

成木のハンノキ属樹種を対象としたこれまでの外生菌根菌群集の研究ではアルポバ属の検出はまれであったが (Pölme et al., 2013; Roy et al., 2013)、実生・若齢林では本属が高頻度で検出されることが近年示されており (Ishikawa & Nara, 2023; Yamanaka et al., 2022)、比較的若い個体の方がアルポバ属と共生している可能性が高い。また、これまでの子実体の発生傾向から、林道脇など土壌が未発達な環境を好む可能性もある。アルポバ属は火山地帯など過酷な環境においても宿主の定着を支える菌根パートナーとして機能しており、ハンノキ林の更新において重要な役割を担っていると考えられる。地下生菌はその生態や多様性の多くが未解明のままであり、本研究のような分類学的知見の蓄積が、森林生態系を支える菌類の多様性と機能の理解を深める一歩となることを期待したい。

謝辞

本研究は、Ishikawa et al. (2025) Three new species of *Alpova* from Japan: new insight into biogeography in *Alpova*. Mycoscience 66: 272–281 として発表された。本稿の執筆にあたり、共著者であ

る奈良一秀教授、木下晃彦博士、佐々木廣海氏、藤井恵理奈氏に深く御礼申し上げます。また、日本地下生菌研究会の金子義紀氏、平尾知也氏、谷口雅仁氏、波多野敦子氏には標本の採取に多大なるご協力をいただいた。この場を借りて厚くお礼申し上げます。本研究は、JST SPRING (Grant Number JPMJSP2108) の支援を一部受けて実施された。

引用文献

- Bonito G., Smith M.E., Nowak M., Healy R.A., Guevara G., Cázares E., Kinoshita A., Nouhra E.R., Domínguez L.S., Tedersoo L., Murat C., Wang Y., Moreno B.A., Pfister D.H., Nara K., Zambonelli A., Trappe J.M., Vilgalys R. (2013) Historical biogeography and diversification of truffles in the Tuberales and their newly identified Southern Hemisphere sister lineage. PLOS ONE 8: e52765.
- Chen Z., Li J. (2004) Phylogenetics and biogeography of *Alnus* (Betulaceae) inferred from sequences of nuclear ribosomal DNA ITS region. International Journal of Plant Science 165: 325–335.
- Elliott T.F., Truong C., Jackson S.M., Zúñiga C.L., Trappe J.M., Vernes K. (2022) Mammalian mycophagy: A global review of ecosystem interactions between mammals and fungi. Fungal Systematics and Evolution 9: 99–159.
- Grubisha L.C., Bergemann S.E., Bruns T.D. (2007) Host islands within the California Northern Channel Islands create fine-scale genetic structure in two sympatric species of the symbiotic ectomycorrhizal

- fungus *Rhizopogon*. *Molecular Ecology* 16: 1811–1822.
- Hayward J., Tourtellot S.G., Horton T.R. (2014) A revision of the *Alpova diplophloeus* complex in North America. *Mycologia* 106: 846–855.
- Ishikawa A., Nara K. (2023) Primary succession of ectomycorrhizal fungi associated with *Alnus sieboldiana* on Izu-Oshima Island, Japan. *Mycorrhiza* 33: 187–197.
- Ishikawa A., Sasaki H., Kinoshita A., Fujii E., Nara K. (2025) Three new species of *Alpova* from Japan: new insights into biogeography in *Alpova*. *Mycoscience* 66: 272–281.
- Moreau P.-A., Rochet J., Richard F., Chassagne F., Manzi S., Gardes M. (2011) Taxonomy of *Alnus*-associated hypogeous species of *Alpova* and *Melanogaster* (Basidiomycota, Paxillaceae) in Europe. *Cryptogamie, Mycologie* 32: 33–62.
- Moreau P.-A., Welti S., Perić B., Jargeat P., Manzi S., Vizzini A. (2013) *Alpova komoviana* (Boletales, Paxillaceae), a new sequestrate fungus from Montenegro, with a revised phylogeny of the genus in Europe. *Mycological Progress* 12: 109–119.
- Pölme S., Bahram M., Yamanaka T., Nara K., Dai Y.C., Grebenc T., Kraigher H., Toivonen M., Wang P., Matsuda Y., Naadel T., Kennedy P.G., Kõljalg U., Tedersoo L. (2013) Biogeography of ectomycorrhizal fungi associated with alders (*Alnus* spp.) in relation to biotic and abiotic variables at the global scale. *New Phytologist* 198: 1239–1249.
- Roy M., Rochet J., Manzi S., Jargeat P., Gryta H., Moreau P., Gardes M. (2013) What determines *Alnus*-associated ectomycorrhizal community diversity and specificity? A comparison of host and habitat effects at a regional scale. *New Phytologist* 198: 1228–1238.
- Trappe J.M. (1975) A revision of the genus *Alpova* with notes on *Rhizopogon* and the Melanogastraceae. *Beihefte Zur Nova Hedwigia* 51: 279–309.
- Yamanaka T., Taniguchi T., Ogawa Y., Imai A., Kaneko S., Daimaru H. (2022) Distribution of *Frankia* and ectomycorrhizal fungi in a denuded volcanic soil exposed by a landslide during heavy rainfall caused by typhoon No. 26 (Wipha) in 2013. *Journal of Forest Research* 27: 133–139.

Truffology (日本地下生菌研究会会報) 第9巻1号

編集長 山本 航平 (栃木県立博物館)
編集担当 折原 貴道 (神奈川県立生命の星・地球博物館)
木下 晃彦 (国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所)
大和 政秀 (千葉大学教育学部)

Truffology (Bulletin of the Japanese Association for Truffle Science) Vol. 9 No. 1

Editor-in-Chief Kohei Yamamoto (Tochigi Prefectural Museum, Japan)
Editors Takamichi Orihara (Kanagawa Prefectural Museum of Natural History, Japan)
Akihiko Kinoshita (Forestry and Forest Products Research Institute, Japan)
Masahide Yamato (Faculty of Education, Chiba University, Japan)

発行・出版：日本地下生菌研究会
〒250-0031 神奈川県小田原市入生田 499
神奈川県立生命の星・地球博物館
URL : <https://jats-truffles.org/truffology/>