

ショウガ科植物に寄生する青枯病菌の新規系統は外来性である

生物環境安全部微生物・小動物研究グループ微生物機能ユニット 土屋 健一

はじめに

近年、高知県内で栽培されている3種のショウガ科植物(ショウガ, ミョウガ, クルクマ)に, わが国では未報告の青枯病が相次いで発生し, 現在もその被害拡大が危惧されている. 青枯病はナス科植物やバナナなど200余種の経済的に重要な植物に発生し, *Ralstonia solanacearum* という細菌によって引き起こされることが知られている. 高知県で新たに発生した青枯病の原因菌はわが国の農業環境への海外からの侵入微生物である可能性がある. そこで, 原因菌について分子生態学的見地から検討を行い, 侵入・伝搬経路を推定した.

病原細菌の同定

1995年から2000年にかけて, 青枯病に罹病したショウガ, ミョウガ, およびクルクマからそれぞれ分離した病原細菌について, 各種生理生化学的性質を調査した結果, いずれも *R. solanacearum* と同定された.

青枯病菌には多くの系統があり, その性質は多様性に富んでいる. 分離した病原細菌について, ナス科, ショウガ科などの植物に対する接種試験を行った結果, これらの分離菌株は, ショウガ科植物のほかジャガイモなど数種植物に萎凋や導管褐変を引き起こすが, トマトやナスに対しては病原性が弱いかまたは非病原性であり, 在来系統(レース1, レース3)とは寄生性で異なっていた. これらの知見を, 海外における研究結果と比較した結果, 今回の分離株は, わが国では初めて確認されるレース4系統であることが明らかになった.

新規系統の分子生態学的解析

わが国で初めて確認された青枯病菌系統の由来を明らかにするため, 分子生態学的解析を行った. 細菌ゲノム中に存在する反復配列 (BOX, REP, ERIC) における DNA 多型を検出する rep-PCR 解析に基づいて, 外国産ショウガ青枯病菌との比較試験を行った.

新規系統の rep-PCR による DNA パターンは, トマトやナスを犯す在来系統のパターンと異なっていた. 新規系統には2種の DNA パターン (I 型, II 型) が認められ (図1の日本), I 型はタイ産菌株のパターンと類似し, II 型は中国およびオーストラリア産菌株のパターンと類似していた (図1).

さらに, rep-PCR による DNA パターンに基づいて作成された dendrogram から, ショウガ科植物青枯病菌の遺伝的類縁関係が明らかになった (図2). すなわち, タイ産および日本産のショウガ科植物由来菌株からなる A 群と, 中国産, オーストラリア産, インドネシア産, タイ産および日本産のショウガ由来菌株からなる B 群の2つに大

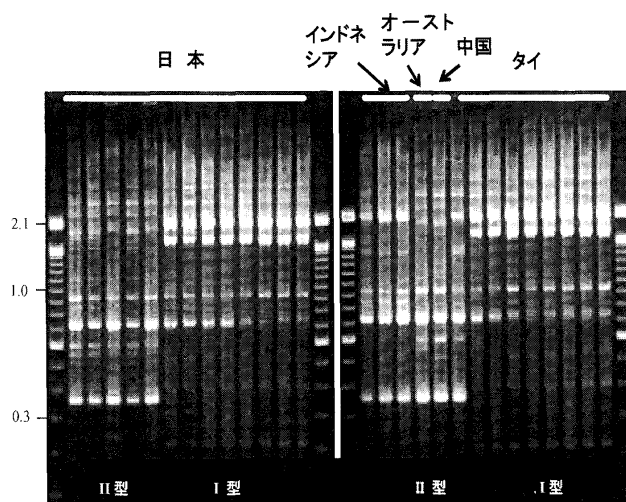


図1 rep-PCR解析 (BOXプライマー) による各国産ショウガ科植物青枯病菌のDNAパターン

別された。

以上より、高知県に発生したショウガ科植物青枯病は、遺伝的に異なる2種の病原菌系統に起因することが明らかになった。

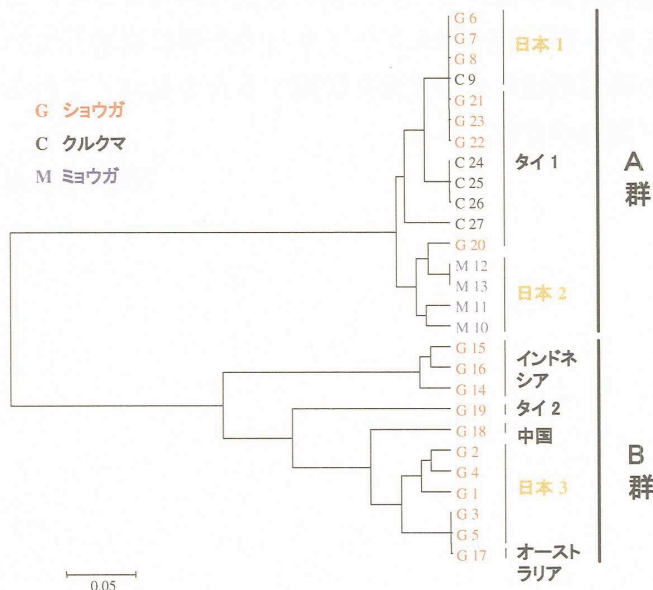


図2 各国産ショウガ科植物青枯病菌の遺伝的類縁関係を示すデンドログラム

新規系統の侵入・伝搬経路の推定

以上の分子生態学的解析結果と新規青枯病発生状況をもとに、当該株の起源とわが国への侵入経路および高知県内における伝搬経路を推定した(図3)。

I型系統(A群に含まれる)はタイに由来し、1995年以前にクルクマを通じて侵入し、その後、ショウガおよびミョウガへと伝搬、拡大したと推定される。なお、クルクマは、1989年の万国博覧会にタイから導入されて以来、切り花用としてわが国で栽培されるようになった。

一方、II型系統(B群に含まれる)は、1997年以降に中国経由でショウガを通じて侵入し、ショウガだけを宿主として、I型系統とは異なる経路で、定着を果たしたものと



図3 高知県におけるショウガ科植物青枯病の発生地と推定される外来系統の侵入・伝搬経路

推定される。

おわりに

ショウガ科植物の新規青枯病菌について分子生態学的に検討して、病原菌の系統を解明し、侵入・伝搬経路を推定した。得られた結果は病原菌の侵入防止や侵入した病原菌の監視に活用できる。これまでに、2種の系統をそれぞれ特異的に検出できるPCR用DNAプライマーの作製に成功している。高知県内の青枯病未発生地域および隣県への新規系統の分布拡大を監視するためには、これらのプライマーを用いた分子生態学的モニタリング調査が有効である。

2005年1月