

STUDIES ON THE PATHOLOGICAL AND GENETIC CHARACTERIZATION OF RALSTONIA SOLANACEARUM IN MYANMAR

テット ウエイ ウエイ キョー

<https://hdl.handle.net/2324/1959164>

出版情報：九州大学，2018，博士（農学），課程博士
バージョン：

権利関係：Public access to the fulltext file is restricted for unavoidable reason (3)

氏名	テット ウェイ ウェイ キョー			
論文名	Studies on the pathological and genetic characterization of <i>Ralstonia solanacearum</i> in Myanmar (ミャンマー産青枯病菌の病理学的及び遺伝学的研究)			
論文調査委員	主査	九州大学	教授	古屋 成人
	副査	九州大学	准教授	飯山 和弘
	副査	九州大学	准教授	松元 賢
	副査	九州大学	名誉教授	土屋 健一
	副査	農研機構	ユニット長	堀田 光生

論文審査の結果の要旨

青枯病は、熱帯、亜熱帯、温帯地域を中心に世界各地において、ナス科をはじめ 200 余種の植物に萎凋や立枯症状の被害をもたらす難防除土壌伝染性細菌病害である。病原細菌 (*Ralstonia solanacearum*) は、病原性及び生理・生化学的性質等で多様性に富み、従来、宿主植物との親和性に基づく race と、生化学的特性に基づく biovar の 2 つの体系から分類されてきた。近年、本病原菌は単一種というより複合種と認識され、16S rDNA の塩基配列の相同性解析に基づき、種または亜種レベルに相当する 4 つの phylotype に類別されている。さらに細胞壁分解酵素エンドグルカナーゼ遺伝子 *egl* の塩基配列から多くの sequevar に細分されている。

これまでミャンマーに分布する青枯病菌に関する上記の系統学的知見は殆どなく、多数のミャンマー産菌株を網羅的に解析した研究事例はない。そこで、本研究ではミャンマー中部地域を中心に分離、収集された青枯病菌を多数供試し、各種植物に対する病原性試験による race 並びに biovar 判別を行うと同時に、各種遺伝子の塩基配列情報に基づいた分子系統関係について解析し、各系統の地理的分布状況について検討した。

地形及び気象条件を異にするミャンマー中部の 7 箇所のナス科作物栽培圃場において、青枯病の発生状況を 2013 年と 2014 年に調査した。その結果、トマト、ジャガイモ、トウガラシ及びナスに本病の発生が確認され、罹病植物体より常法に従い病原細菌の分離を行った。トマトより 18 菌株、ジャガイモより 38 菌株、トウガラシより 12 菌株及びナス 2 より菌株の計 70 菌株を分離、保存した。

ミャンマー産ナス科植物青枯病菌は分離植物により race 1 と 3 から成り、トマト、ジャガイモ、トウガラシ及びナスに対する病原性に基づき、6 つの病原型に類別されることを明らかにした。また、biovar の判定を行った結果、63%が biovar 3 系統であり、30%が同 2 系統、及び 7%が同 4 系統にそれぞれ類別された。このうち、biovar 2 系統は Mandalay と Naypyidaw のジャガイモ作付け圃場から局所的に分離されることから本系統の地理的分布の特異性が推察された。さらに分離菌株の 83%が phylotype I であり、本系統は biovar 3 と 4 の両方から構成されていることを明らかにした。またジャガイモから分離された biovar 2 系統の菌株は全て phylotype II であることを解明した。

原核生物のゲノム上の繰り返し配列 (BOX, ERIC 及び REP) を利用した PCR による増幅 DNA 断片長に基づいた多型解析を行った結果、33 のバンドパターンに類別され、それらは 7 つのクラスターを形成した。phylotype I 系統の菌株は 29 の DNA フィンガープリントに類別され 6 つのクラ

スターに分かれ、分離植物、分布の地理的特異性、*sequevar* 並びに *biovar* との間に密接な関連性が認められた。一方、*phylotype II* 系統の菌株は類似した 4 つの DNA フィンガープリントパターンを示し、単一のクラスターに属することから、遺伝的に均一な集団であることを明らかにした。

エンドグルカナーゼ遺伝子 *egl* 及びグラム陰性細菌の病原性発現に重要な III 型分泌装置の制御遺伝子 *hrpB* の塩基配列に基づき系統解析を行った。得られた分子系統樹は、16S rDNA によるものと類似したものであり、アジア起源の *phylotype I* 系統は 7 種の *sequevar* 及び 9 つの *hrpB* タイプから構成され、遺伝的多様性に富むことを示した。一方、ジャガイモ由来の *phylotype II* 系統は 1 菌株を除き全て同一のクラスターに属し、遺伝的に単一の系統から成ることを、分子病理学的見地からも実証した。本系統は病原力が高く、国際的にもその分布拡大が危惧されている細菌群であり、海外からミャンマーに侵入し、被害を増大させている状況を学術的に示した。

以上要するに、本研究は、ミャンマーに分布するナス科植物青枯病菌の病理学的及び分子系統学的特性を解明したものであり、植物病理学の発展に寄与する価値ある業績と認める。よって、本研究者は博士（農学）の学位を得る資格を有するものと認める。