

植物に病害を起こす *Pseudomonas syringae* の2つの病原型に関する研究

メタデータ	言語: ja 出版者: 静岡大学 公開日: 2017-06-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 達, 瑞枝 メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.14945/00024343

専攻 バイオサイエンス 学籍番号 55444006 学生氏名 達 瑞 枝

論文題目 植物に病害を起こす *Pseudomonas syringae* の2つの病原型に関する研究

本論文は、各種植物に病害を引き起こす重要病原細菌である *Pseudomonas syringae* 群細菌のうち、病原型未決定であったネギ・タマネギ斑点細菌病菌の同定および分類とオリーブがんしゅ病菌の同定を行い、さらに類縁細菌を含めて分類学的に検討した成果をまとめたものである。

静岡県、兵庫県のタマネギ圃場で発生しているネギ・タマネギ斑点細菌病の病原は、*P. syringae* の一系統であるとされていたがその分類学的位置付けは未決定であった。本研究では、病原性、細菌学的性状、毒素、遺伝子に基づき、本病原細菌が類似するリーキ斑点細菌病菌 *P. s. pv. porri* やその他主に単子葉類を宿主とする *P. syringae hrp-IV* 群菌の既知の病原型とは異なることが明確に示された。毒素検定では、ネギ・タマネギ斑点細菌病菌、*pv. porri* など従来の生物検定方法でコロナチン活性を確認することができなかった菌群が、ネギ葉や誘導培地を介すると活性が観察されることを明らかにした。これらの結果から、ネギ・タマネギ斑点細菌病菌は *P. syringae* 群菌中の独立した分類群であり、新病原型名を提案した。

さらに、*P. syringae hrp-IV* 群菌の詳細な系統関係を追求した。ハウスキーピング遺伝子および *hrp* 遺伝子塩基配列に基づく系統解析では、*hrp-IV* 群菌は概ね分離源植物によって分かれるクラスターを形成した。この結果は rep-PCR によって支持され、これまで病原性と毒素生産により分類されてきた *hrp-IV* 群菌が遺伝子的にも区別されることが確認された。また、コロナチン生産と遺伝子の座乗位置が関連することを示した。病原性試験においては接種方法の改良により分離源植物への病原性による識別を可能にした。

一方、2014年オリーブ (*Olea europaea*) にがんしゅ病と思われる病徴が発生し、病原細菌の同定を行ったところ、分離菌株はオリーブとハゴロモジャスミンに病原性を示し、細菌学的性状でも既知の *pv. savastanoi* 菌株と一致する性状を示した。遺伝子に基づく系統解析では、分離菌株は基準菌株と同一クラスターを形成した。rep-PCR では、国内分離菌株間の遺伝的多様性が示された。以上より、分離菌株は *P. savastanoi pv. savastanoi* と考えられ、本邦における同菌の分離はこれが初めての報告となった。

以上のように、本研究を通して *P. syringae* の新たな病原型と我国では新規の細菌病を明らかにし、その分類学的な位置付けを解明し今後の植物病原細菌の同定に新たな知見を加えることができた。よって、以上のことから、本論文は博士(農学)の学位論文としてふさわしいものと認められる。