

学 位 論 文 題 名

アジア7カ国（韓国、インド、台湾、インドネシア、タイ、
タイ、ネパール、中国）におけるジャガイモ疫病菌
(*Phytophthora infestans*) に関する研究

学位論文内容の要旨

Phytophthora infestans は、ジャガイモ疫病の病原菌であり、本病はジャガイモ属の原産地である中南米土着の病害であった。また、本菌は性的に親和的な A1 交配型、A2 交配型という 2 つの交配群をもち、この両交配型菌株間の交雑により遺伝的変異が生じる。本菌は、2 回の大きな伝播により世界各地に拡がったと考えられているが、1 回目の伝播はアイルランドのジャガイモ飢饉に代表される疫病の大発生で、1840 年代に中央メキシコから欧米に拡がったと考えられている。この最初に世界中に拡がった菌株群は、限られた系統の菌株により構成されており、古い菌株群と称される。A2 交配型の菌株は中央メキシコ以外の地域には存在しないものと考えられてきたが、1981 年にスイスで発見され、それ以降世界各地で A2 交配型菌株の存在が報告された。この世界各地での A2 交配型菌株の発見は、2 回目の伝播が起きたためと考えられ、2 回目の伝播で拡がった菌株群は古い菌株群に比べて様々な系統によって構成されており、新しい菌株群と称される。この世界規模での本菌の伝播を明らかにするために、欧米では様々な菌株群の形質、多様性、地理的分布が調べられているが、アジア地域における知見はまだ少ない。

そこで本研究は、アジアの 7 カ国（韓国、インド、台湾、インドネシア、タイ、ネパール、中国）におけるジャガイモ疫病菌の交配型、メタラキシルに対する反応、アイソザイムの遺伝子型、ミトコンドリア DNA(mtDNA)のタイプを調べ、これらの形質の関連性、菌株群の特徴と分布状態を明らかにし、菌株群の起源、伝播を推察することを目的とした。

まず交配型についてであるが、インド、台湾、中国北部(河北省)の菌株はすべて A1 交配型、韓国、インドネシアの菌株はすべて A2 交配型であった。一方、タイ、ネパール、中国内陸部(甘粛省)、中国南部(雲南省、四川省)の菌株には、A1, A2 両交配型とも確認され、これらの地域では有性生殖が起こっている可能性が考えられるが、交配型のデータだけでは論証することはできない。また、供試菌株はすべてジャガイモもしくはトマトから分離したが、トマトから分離した菌株はすべて A1 交配型であった。このことから、宿主の栽培が交配型の分布に関与している可能性が考えられた。

次にメタラキシルに対する反応では、インド、タイ、ネパール、中国南部の菌株はす

べて感受性を示した。また、台湾と中国内陸部の大部分の菌株も感受性を示しており、この2地域で耐性菌と判定した菌株は、弱いレベルの耐性であった。一方、韓国の大部分の菌株、インドネシアのすべての菌株、中国北部の11菌株は、メタラキシルに対して耐性を示した。交配型とメタラキシルの感受性との間に特に関連性はなかったが、韓国とインドネシアではメタラキシルの使用により、メタラキシル感受性であったA1交配型の菌株群が、メタラキシル耐性を有するA2交配型の菌株群に遷移していった可能性が考えられる。また、トマトから分離された菌株の大部分が、メタラキシル感受性を示した。

供試菌株についてMalic enzyme (Me), Glucosephosphate isomerase (Gpi), Peptidase (Pep)の3種類のアイソザイムの遺伝子型を分析したところ、この3種類のアイソザイムの遺伝子型の組み合わせにより、以下に示すAからFの6つの系統に分けられた。A型(Me=100/100, Gpi=86/100, Pep=92/100)、B型(Me=100/100, Gpi=100/100, Pep=92/100)、C型(Me=100/100, Gpi=100/100, Pep=100/100)、D型(Me=90/100, Gpi=100/100, Pep=96/96)、E型(Me=100/100, Gpi=98/98, Pep=100/100)、F型(Me=90/100, Gpi=98/98, Pep=100/100)。

A,B型の系統は、1回目の伝播により世界中に広がったと考えられる菌株群と同じ遺伝子型の古い菌株群であり、欧米の古い菌株群と同じ起源から広がってきた可能性が高い。

一方、C型の系統は、2回目の伝播で広がった菌株群に同一の遺伝子型をもつものがあるので、新しい菌株群と考えられ、欧米の新しい菌株群と同じ起源から1980年代以降に広がってきた可能性が高い。

これら遺伝子型のなかで、Me=90/100, Gpi=98/98, Pep=96/96は、アジアと本菌の起源と考えられている中央メキシコ以外では、あまりみられない遺伝子型であり、D,E,F型の菌株群は、欧米の菌株群とは異なる起源であったか、もしくは欧米にも伝播はしたが定着できなかったために、アジアに特異的な菌株群となった可能性が考えられた。

アジア地域におけるアイソザイムの遺伝子型の分布において、台湾とインドの菌株は、それぞれA型、B型の古い菌株群、韓国とインドネシアの菌株は、D型のアジアに特異的な菌株群であり、この4カ国の菌株はそれぞれ単一の系統の菌株群で構成されていた。一方、タイ、ネパール、中国の菌株群は、それぞれ複数の系統の菌株群で構成されており、タイはA型とC型、ネパールはA,B,C型、中国北部はA型とF型、中国内陸部はE,F型、中国南部はA型とE型の菌株群を有していた。ところで、E型とF型の系統は、供試菌株の中でも中国の菌株にのみ確認されているので、中国に特異的な菌株群といえる。

また、トマトから分離された菌株はすべてA型を示した。

アイソザイムの遺伝子型の系統をバンドパターンに基づき相似度を求め、UPGMA法により、遺伝子型の系統樹を作製したところ、古い菌株群と称されるA型とB型が最も相似度が大きく、一つの系統を形成した。同様に、中国に特異的な菌株群E型とF型もこの二つで一つの系統を形成し、他の4つの系統とは大きく離れていた。D型もE,F型と同様、他の系統とはかなり離れており、特異的な菌株群と位置づけることは妥当であ

る。

mtDNA の制限酵素断片長の多型(RFLPs)により、mtDNA のタイプは 3 つ(Ia, Ib, IIa)に分けられた。mtDNA のタイプとアイソザイムの遺伝子型との関係は、例外はあるものの、Ia 型は B,C,E 型、Ib 型は A 型、IIa 型は D,F 型と対応していた。同一地域内に複数の mtDNA のタイプが存在しているが、アイソザイムの遺伝子型と関連性が認められる菌株では、交雑が起こらなかったことが考えられる。

mtDNA の RFLPs を数理的に解析すると、Ia 型と Ib 型の遺伝的距離が近く、IIa 型は Ia,Ib 型とは大きく離れていることが示された。

アジアにおける本菌の菌株群には多様性が認められたが、採集地域ごとに見ると、欧米に比べて多様性は小さい。しかし、同一地域、同一圃場内に複数の系統が存在していた菌株群、また単一の系統のみだった菌株群でも、今後新しい形質をもつ菌株が入ってくることによって、さらに新しい系統が出現し、多様性が大きくなる可能性がある。

学位論文審査の要旨

主 査 教 授 生 越 明

副 査 教 授 小 林 喜 六

副 査 助 教 授 近 藤 則 夫

学 位 論 文 題 名

アジア7カ国（韓国、インド、台湾、インドネシア、タイ、 タイ、ネパール、中国）におけるジャガイモ疫病菌 (*Phytophthora infestans*) に関する研究

本論文は和文で記され、図 29、表 18 を含む総頁数 126 からなり、8 章をもって構成されている。

Phytophthora infestans は、2 回の大きな伝播により世界各地に拡がったと考えられているが、1 回目の伝播はアイルランドのジャガイモ飢饉に代表される疫病の大発生で、1840 年代に中央メキシコから欧米に拡がったと考えられており、古い菌株群と称される。その後 1980 年代になって、中央メキシコ以外の地域では発見されなかった A2 交配型菌株が世界各地で発見され、これは 2 回目の伝播で拡がった菌株群によると考えられ、新しい菌株群と称される。この世界規模での本菌の伝播を明らかにするために、欧米では様々な菌株群の形質、多様性、地理的分布が調べられているが、アジア地域における知見はまだ少ない。

そこで本研究は、アジアの 7 カ国（韓国、インド、台湾、インドネシア、タイ、ネパール、中国）におけるジャガイモ疫病菌の交配型、メタラキシルに対する反応、アイソザイムの遺伝子型、ミトコンドリア DNA(mtDNA)のタイプを調べ、これらの形質の関連性、菌株群の特徴と分布状態を明らかにし、菌株群の起源、伝播を推察することを目的として行った。

本菌には A1 と A2 の 2 交配型があるが、インド、台湾、中国北部(河北省)の菌株はすべて A1 交配型、韓国、インドネシアの菌株はすべて A2 交配型であった。一方、タイ、ネパール、中国内陸部(甘粛省)、中国南部(雲南省、四川省)の菌株には A1,A2 両交配型とも確認され、これらの地域では有性生殖が起こっている可能性が考えられる。

次に本病の防除薬剤であるメタラキシルに対する反応では、インド、タイ、ネパール、中国南部のすべての菌株と台湾と中国内陸部の大部分の菌株は感受性を示した。一方、韓国の大部分の菌株、インドネシアのすべての菌株、中国北部の 11 菌株は、耐性を示した。交配型とメタラキシルの感受性との間に特に関連性はなかったが、韓国とインドネシアではメタラキシルの使用によりメタラキシル感受性であった A1 交配型の菌株群が、

メタラキシル耐性を有する A2 交配型の菌株群に遷移していった可能性が考えられる。

3 種類のアイソザイム [Malic enzyme (Me), Glucosephosphate isomerase (Gpi), Peptidase (Pep)] の遺伝子型を分析したところ、A から F の 6 つの系統に分けられた。

A, B 型の系統は、1 回目の伝播で広がったと考えられる菌株群と同じ遺伝子型の古い菌株群であり、欧米の古い菌株群と同じ起源から、また、C 型の系統は、2 回目の伝播で広がった菌株群に同一の遺伝子型をもつものがあるので、新しい菌株群と考えられ、欧米の新しい菌株群と同じ起源から広がってきた可能性が高い。

D, E, F 型の系統の遺伝子型は、アジアと本菌の起源と考えられている中央メキシコ以外では、あまりみられない遺伝子型であり、この 3 つの菌株群は、欧米の菌株群とは異なる起源であったか、もしくは欧米にも伝播はしたが定着できなかったために、アジアに特異的な菌株群となった可能性が考えられた。

アジア地域におけるアイソザイムの遺伝子型の分布において、台湾とインドの菌株は、それぞれ A 型、B 型、韓国とインドネシアの菌株は、D 型であり、この 4 カ国の菌株はそれぞれ単一の系統の菌株群で構成されていた。一方、タイは A, C 型、ネパールは A, B, C 型、中国北部は A, F 型、中国内陸部は E, F 型、中国南部は A, E 型のそれぞれ複数の系統の菌株群で構成されていた。

mtDNA の制限酵素断片長の多型 (RFLPs) により、mtDNA のタイプは 3 つ (Ia, Ib, IIa) に分けられ、アイソザイムの遺伝子型との関係において、例外はあるものの、Ia 型は B, C, E 型、Ib 型は A 型、IIa 型は D, F 型と対応していた。

また、トマトから分離した菌株は、A1 交配型、メタラキシル感受性であり、アイソザイムの遺伝子型は A 型、mtDNA のタイプは Ib 型であった。

アジアにおける本菌の菌株群には多様性が認められたが、採集地域ごとに見ると、欧米に比べて多様性は小さい。しかし、今後新しい形質をもつ菌株が入ってくることによって、さらに新しい系統が出現し、多様性が大きくなる可能性がある。

以上の研究成果は、学術上また病害防除上貢献するところ大きく、高く評価される。よって審査員一同は、西村 亮が博士 (農学) の学位を受けるに十分な資格を有するものと認めた。