

アズキ萎凋病菌の系統解析

生物資源科学専攻 作物生産生物学講座 植物病理学 小田 一登

1. はじめに

アズキ萎凋病は *Fusarium oxysporum* f. sp. *adzukicola* (以下萎凋病菌) によって引き起こされるアズキの重要病害で, 1983年に北海道新篠津村で発生が報告されて以降, 主に道央から西部の水田転換畑を中心に発生していたが, 一方でアズキの主産地である十勝地方における発生は未だに報告がない。本研究では, 萎凋病菌の起源やその遺伝的多様性を明らかにするため, 保存菌株並びに新たな分離菌株を供試して系統解析を行った。

2. 方法

当研究室において分離, 保存していた萎凋病菌およびアズキ導管や根圏土壌から分離された非病原性 *F. oxysporum* 菌株の DNA を抽出し, IGS-rDNA と *EF-1α* 領域のシーケンス解析後, 最尤法で系統樹を構築した。

3. 結果と考察

供試した萎凋病菌 26 菌株のうち, IGS-rDNA の配列に基づく系統樹では 25 菌株と 1 菌株がそれぞれ異なるクレードに, *EF-1α* による系統樹では 22 菌株と 3 菌株と 1 菌株がそれぞれ異なるクレードに分離した。萎凋病菌は, 複数の遺伝的集団に分離するものの, ほとんどの菌株が一つのクレードに属したことから, 多系統だが遺伝的多様性が低いと考えられる。また, 全てのクレードに近縁な非病原性菌株が存在しており, その中には十勝地域由来の菌株も含まれていた。

4. まとめ

系統解析の結果として, 萎凋病菌は多系統であるものの, 遺伝的多様性が低いこと, そして近縁な非病原性 *F. oxysporum* がアズキ圃場に存在していることが分かった。従って, アズキ圃場中の非病原性菌株からアズキに病原性を獲得したものが生まれ, その1つの系統が優占的に道央から道西部にかけて拡散していったのがアズキ萎凋病だと考えられる。しかし, 今回の結果からは遺伝的背景の地域差は見られず, 十勝地域で未発生である理由は判然としなかった。

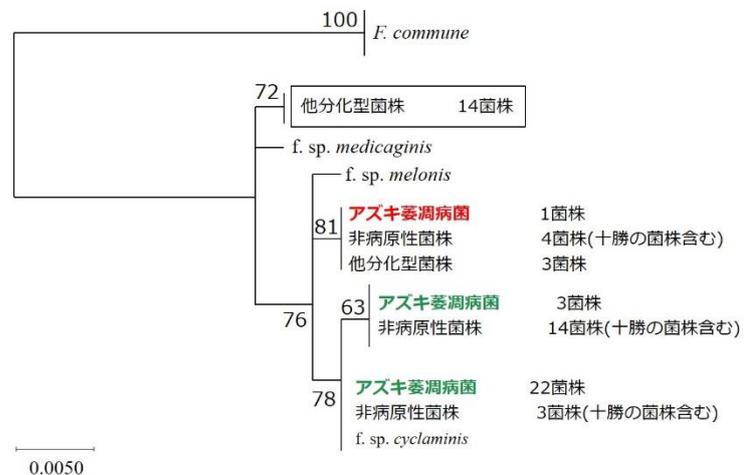


図1 *EF-1α* の塩基配列に基づく系統樹(概略図)

バーはサイトあたりの塩基置換数を示す。