



# 農業生物資源ジーンバンクにおける *Ralstonia* 属細菌の学名の見直し

農研機構 遺伝資源センター

さわだ ひろゆき やまさき ふくひろ たけや まさる  
澤田 宏之・山崎 福容・竹谷 勝・  
ながい としろう あおき たかゆき  
永井 利郎・青木 孝之

農研機構 農業環境変動研究センター

ほり た みつ お  
堀 田 光 生

## はじめに

青枯病は熱帯から温帯に至る世界の各地で、経済的に重要な作物を含む 50 科 200 種以上の植物において発生が認められている。我が国では、24 科 46 種の作物で青枯病（タバコ立枯病を含む）が記載されている（日本植物病理学会，2018）。その原因菌である「広義の *Ralstonia solanacearum*」（表-1：後述する）は多様性に富んでおり、宿主範囲や生理・生化学的性質等の表現型に関して菌株間で様々な差異が認められている（堀田ら，2014）。

青枯病菌の多様性を把握・整理するために、これまで主に表現型に基づいた類別方法が用いられてきた。しかし、近年になり、遺伝学的な手法が本菌の多様性解析に導入されると、従来までの手法との間に齟齬が認められるようになり、新たな種・亜種レベルの分類体系が提案されるに至っている。

このような分類や類別方法の変遷に伴い、農研機構・農業生物資源ジーンバンク（以後、ジーンバンク）が所蔵している青枯病菌についても、その表示学名の見直しが必要となってきた。また、見直しの過程で得られた成果が、より有効に活用できるようにするために、情報の提供方法についても工夫が求められている。そこでジーンバンクでは、青枯病菌を含む *Ralstonia* 属細菌を対象として、前報（青木ら，2018；澤田ら，2018）で紹介したような手順を踏まえながら分類検証を実施するとともに、情報提供についても新たな取り組みを進めているところである。本稿では、その概要と今後の見込みについて簡単に紹介したい。

## I 青枯病菌における分類・類別方法の変遷

青枯病菌の分類・類別方法の変遷については詳しい総説があるので（堀田・土屋，2012；堀田ら，2014），ここでは概略を述べるにとどめたい。これまで 50 年以上にわたり、表現型に基づいて設けられた「biovar」と「race」が、青枯病菌における主要な類別方法として世界中で利用されてきた。このうちの biovar は、炭素源の資化性に基づいて定義された類別であり、これまでに青枯病菌から六つのグループ（biovar 1, 2, N2, 3, 4 および 5）が見いだされている。一方、宿主範囲に基づいて定義された race に関しては、五つのグループ（race 1~5）が報告されている。そして、これら二つの情報を組み合わせることによって、本菌の多様性を整理することが試みられてきた（堀田・土屋，2012；堀田ら，2014）。

一方、近年になり、青枯病菌やその近縁細菌（チョウジのスマトラ病菌とバナナの blood 病菌）の多様性解析に遺伝学的な手法が導入され、その成果に基づいて新たな類別方法が提唱されるようになってきた。その代表が「phyloptype」と「sequevar」である。phyloptype は、様々な遺伝子を用いた分子系統解析において共通して見いだされる四つの大きなクレードを、それぞれ phyloptype I~IV として整理したものである（FEGAN and PRIOR, 2005）。一方、sequevar は、エンドグルカナーゼ遺伝子（*egl*）の相同性や分子系統解析を基に設けられたやや細かな類別であり、これまでに 50 以上の sequevar が報告されてきている（FEGAN and PRIOR, 2005；WICKER et al., 2012）。

遺伝型に基づく phyloptype・sequevar の情報が蓄積してくると、biovar との間に齟齬が認められることが指摘され始めた。すなわち、同一の biovar が異なる遺伝型に分散してしまう傾向（表-1）があることから、その識別能は十分ではなく、biovar のみでは本菌の多様性は正確に把握できないのではないかと危惧されるようになった。一方、phyloptype や sequevar が疫学・生態学的調

Re-identification of *Ralstonia* Strains Preserved in the Genebank Project, NARO. By Hiroyuki SAWADA, Fukuhiro YAMASAKI, Masaru TAKEYA, Toshiro NAGAI, Takayuki AOKI and Mitsuo HORITA

（キーワード：青枯病菌，エンドグルカナーゼ遺伝子，分子系統，sequevar，分類検証，集落形態，病原性）