

## トピックス

## 第11回国際植物病原細菌会議 (11th ICPPB) 報告

静岡大学農学部 たき 瀧 川 ゆう 雄 一

## はじめに

国際植物病原細菌会議 (International Conference on Plant Pathogenic Bacteria; ICPPB) は、植物細菌病並びに植物病原細菌に関する全てを扱う研究集会である。第11回のICPPBはスコットランドのエдинバラにおいて2006年7月10日～14日にかけて開催された。今回はカナダで開催されて以来6年ぶりのものである。参加者は36カ国から約160名で、過去には200から300名の参加があったことを考えるとだいぶこぢんまりした感じである。これは、一つには現在盛んな分子レベルでの相互作用の研究についてはMPMIなどの集会が頻繁に開催されていること、*Pseudomonas syringae*や*Ralstonia solanacearum*、*Erwinia amylovora*など特定の関心の高い細菌に着目した独立した集会も開かれていることなどによると思われる。今回も、エдинバラでの会議の前に*Erwinia*の集会がダンディーで、また、エдинバラの後には青枯病に関する集会がヨークで開催されており、それらのみに出席した研究者も少なからずあったようである。その一方、会議は全体の見通しが良くなり、分類、診断、防除からゲノミクス、分子相互作用まで幅広い研究動向がつかみやすいものとなった。

会場のRoyal College of Physicians of Scotlandはエディンバラの中央、やや北側にエディンバラ城と鉄道を隔てて向かいあう丘陵上の新市街に位置し、17世紀創立の歴史を誇るイギリスでも有数の名門医科大学である。ポスター発表の会場の一つとなった図書室は、ハリー・ポッターにも出てきそうな古めかしい品格を備えた部屋であった。

基調講演に統いてトピックスは大きく五つ（診断・分類、ゲノミクス、新興病害、分子レベル相互作用、生態・防除）のセッションに区分されそれぞれシンポジウムとポスターによる発表がなされた。

## I 分類

今回、分類関係で最も目を引いたのは、多くの遺伝子

座のシーケンスに基づいたMulti Locus Sequence Typing (MLST) が多く分類群で適用され始め、どうやら従来の16SrDNAとDNA-DNAハイブリダイゼーションに基づいた種の定義が改められる方向にあることを感じた。*Erwinia*、*Brenneria*、*Pectobacterium*、*Dickeya*、*Pantoea*など腸内細菌科に属する植物病原、つまり旧*Erwinia*グループにおいてMLSTによる解析がニュージーランドのYOUNG et al. とポーランドのWALERON et al. から発表され、16Sだけでは今ひとつ明確ではなかったそれぞれの属がいずれの指標でも明確に区別されること、*Dickeya*（旧*Erwinia chrysanthemi*の仲間）が他の軟腐性の*Pectobacterium*（旧*Erwinia carotovora*の仲間）から明瞭に区別されること、狭義の*Erwinia*と*Pantoea*、*Pectobacterium*と*Brenneria*がそれぞれ近いグループであることなどが示された。

今後、これらの成果をもとにそれぞれの属・種が迅速に同定できる遺伝子マーカーが作成されることと思われる。また、*Xanthomonas*ではイギリスのSTEADが、



図-1 会場のRoyal College of Physicians of Scotlandの入口で平田久笑博士

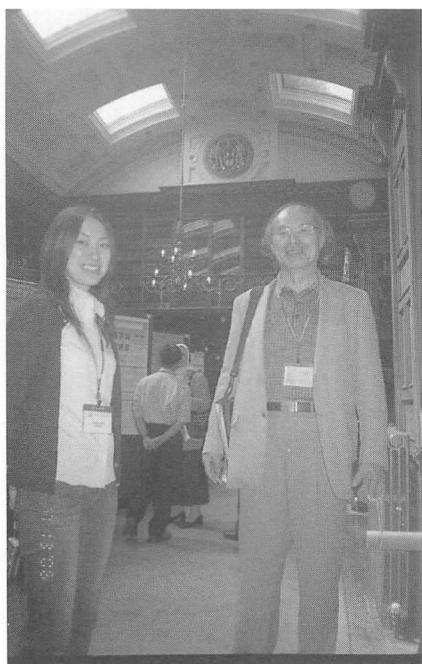


図-2 ポスター会場となった図書室で土屋健一博士と石井香奈子さん

*Ralstonia solanacearum* ではフランスの PRIOR et al. がそれぞれ MLST による解析の結果を発表し、新たな種の概念ができつつある。特に後者では従来のレースや生理型にとってかわる phylotype, sequevar, clonal line のシステムが同定基準となることが示された。

このほかにも MLST による分類群構造の解析の発表が数多くあり、今後の分類同定のあり方の方向性が見て取れる。ただ、植物病害から分離した細菌について病原性などの生物学的な検定を行わずにいきなりシーケンス解析を行っている発表もあり、生態学的な意味はともかくも、病理学的には不要な混乱を持ち込んでいるだけに過ぎないものがあったのは残念である。

## II ゲノミクス関連

現在、多くの植物病原細菌で全ゲノム解析が行われ、さらにアレー解析等からどのような遺伝子が病原性に関わり、どのような遺伝子が植物体内外での生存に関与しているかなどが明らかにされてきた。しかもそれらは特定の少数遺伝子だけではなく、多くの遺伝子およびその産物が調和的に制御されて病原性あるいは生存へ関与している様相が見えてきた。

スコットランドの TOOTH とそのグループはジャガイモ黒あし病菌（の一種）の *Pectobacterium atrosepticum*

(= *Erwinia carotovora* subsp. *carotovora*) のゲノム解析から多くの植物病原性関連遺伝子が水平移動により獲得されていることを示し、特にコロナチン合成、Type III, IV 分泌機構、窒素固定などに関連した遺伝子をもっていることなど、従来予想のつかなかったダイナミックな遺伝子の移動が明らかになってきた。

それに関連して興味深い内容だったのはアメリカの PERNA の発表で、腸内細菌に属する植物病原とそれ以外のヒト病原等を含む細菌のゲノム解析の結果を比較することによって植物病原に特徴的な遺伝子とは何かを解析したところ、Type III 分泌機構を除くと意外にもそのような遺伝子はごく少数で、スクロース取り込みに関与する *scrR*, *Y* といった遺伝子以外は未だ機能もわからないことを示し、植物病原化は一時に起こったものではなく、その表現形質は環境に応じて多様化と収斂を起こしていることを提唱した。

## III 新興病害

多くの非常に興味深い細菌病が報告された。いくつか挙げれば、*Pseudomonas syringae* によるマロニエの胴枯性細菌病、*Pantoea ananatis* によるユーカリの葉枯性病害、*Agrobacterium* (Ri strain) によるトマトおよびキュウリの root mat (毛根病)、*Xanthomonas* および *Pseudomonas syringae* によるネギの斑点性病害、バナナを侵す *Xanthomonas* が *X. vasicola* に近いこと、フロリダでのカンキツグリーニング病の発生などである。

我が国すでに発生しているものも多いが、未発生のものもある。これらの病害がどのようにして広がって来たのか、今後どのように広がっていくのか、日本を含めた世界中の菌株の相互比較が大事になっていくことが強く示唆された。なお、これらの同定にあたっても MLST が幅広く利用されていることは言うまでもない。

## IV 分子レベル相互作用

この分野は現在最も多くの研究者の注目を集めている分野でもあり、非常に多岐にわたる研究がなされている。研究対象も *Pseudomonas syringae* とアラビドブシスなどの特定のモデル病原と植物の解析にとどまらず、*Ralstonia* とジャガイモや *Erwinia amylovora*, *Pantoea* spp. といったものまでが詳しい解析対象になってきている。

それらを全て紹介することは難しいが、この分野での総括的な基調講演が二題なされており、大変参考になった。それはアメリカの COLLMER とイギリスの MANSFIELD によるもので、いずれも *Pseudomonas syringae* の解析を

まとめている。植物は非病原細菌や *hrp* 変異株あるいはそれらの出すフラジェリンや LPS などの PAMPS (Pathogen-Associated Molecular Patterns) に非特異的に反応する basal defense (basal resistance, non-host resistance) 機構を持っており、さらに遺伝子対遺伝子での反応やいわゆる HR を起こす抵抗反応がある。一方で病原体は一つの菌の中に Type III で分泌されるような *Avr/Hop* といったいわゆるエフェクターを 30 以上有しており、それらのあるものは basal defense や HR のサプレッサーとして植物の反応を抑制していること、それぞれのエフェクターをつぶしても病原性が一気に喪失することなく、それらは相加的に働いていることなどが示してきた。

今後の課題は、個々のエフェクターなどの機能を解析することから、環境に対していかに全体の調和的な発現が起こるかといったことや、異なった菌の間での違いを比較することによって宿主範囲の決定やそれを逆に打破する機構を見いだすなどの方向に発展しそうである。

## V 生態・防除

生態・防除関係では、ヨーロッパ北部の寒冷な条件で発生しているジャガイモの青枯病の病原が、ナス科雑草の *Solanum dulcamara* に寄生し河川水を介して伝染していること、*Pseudomonas syringae* が川岸の岩などにへばりついているコケや藻類のマットや新雪の中で生存していること、アブラナ科黒腐病菌がハエを介して伝染するなどの興味深い事例が示された。また、生物防除などが紹介されていた中で、特に *Ochrobactrum sp.* という細菌が強力にホモセリンラクトンを分解することによって病原細菌のクオラムセンシング系を阻害し軟腐病を抑える可能性があることを示した発表は注意を引いた。

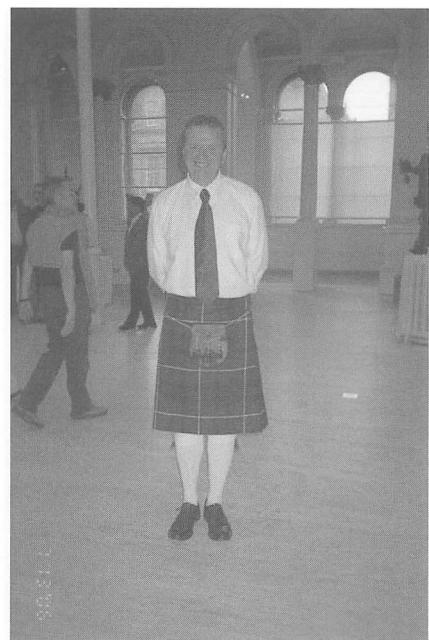


図-3 懇親会で民族衣装に盛装した G. SADDLER 博士

## おわりに

植物病原細菌の研究は止めどなく拡大しており、莫大な新知見が加えられている。その一方で病気がなくなるわけでもなく、いかに現場に貢献できるかという視点は常に持ち続ける必要があると感じた。次回の会議は仏領レユニオン島で開催されることが決まったが、その際に中国が開催に向けて猛烈にアピールし、アジアの強大な勢力であることを強く印象づけていた。なお、会議を主催し参加者を歓迎してくれた旧知の STEAD 博士や SADDLER 博士らイングランド・スコットランドの研究者仲間には厚く感謝したい。

## 発生予察情報・特殊報 (19.3.30 ~ 4.30)

各都道府県から発表された病害虫発生予察情報のうち、特殊報のみ紹介。発生病害虫（発表都道府県）発表月日。都道府県名の後の「初」は当該都道府県で初発生の病害虫。

※詳しくは各県病害虫防除所のホームページまたは JPP-NET (<http://www.jppn.ne.jp/>) でご確認下さい。

- トマト：トマト黄化えそ病（山口県：初）3/30
- ピーマン：ピーマンモザイク病（福島県：初）4/3

- チャ：クワシロカイガラムシ（東京都：初）4/23
- キク：キク茎えそ病（仮称）（栃木県：初）4/26