

(技術名) 沖縄産マンゴー果実から分離されたマンゴー炭疽病種複合体菌株の種構成および諸特性							
(要約) 県全域のマンゴー罹病果実から採集したマンゴー炭疽病種複合体菌株は、単一又は複数領域の塩基配列に基づく分子系統解析と形態特性により、 <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> 種複合体では9種、 <i>C. acutatum</i> 種複合体では4種に同定され、菌種間で病原性や薬剤感受性に差異を示すものがある。							
農業研究センター・病虫管理技術開発班					連絡先	098-840-8504	
部会名	果樹	専門	作物病害	対象	マンゴー	分類	研究
普及対象地域							

[背景・ねらい]

マンゴー炭疽病菌はこれまで *Colletotrichum gloeosporioides* (以下、*C.g*) および *C. acutatum* (以下、*C.a*) の広義の2種とされていたが、近年の分子系統解析を用いた再同定により、これらは複数種で構成される種複合体であることが明らかとなり、現在 *C. g* 種複合体は50種以上、*C. a* 種複合体は40種以上に分割されている (Liu *et al*, 2022)。しかし、その新分類に基づいた沖縄産マンゴー炭疽病菌の種構成は明らかではない。その構成種や菌種間の諸特性を明らかにすることは、本病の効果的な防除戦略を確立する上で重要である。そこで、2009～12年にかけて県全域の罹病果実から採集したマンゴー炭疽病菌について、単一又は複数遺伝子領域の塩基配列に基づく分子系統解析による種構成の解明を行うとともに、その菌種間での形態的特性、病原性および薬剤感受性等の諸特性の差異を明らかにする。

[成果の内容・特徴]

- C.g* 種複合体のマンゴー炭疽病菌73菌株は、*ApMat* 遺伝子領域の塩基配列に基づく分子系統解析により、高いブートストラップ値で単系統群を形成した *C. aenigma*、*C. asianum*、*C. fruticola*、*C. gloeosporioides* s.s.、*C. queenslandicum*、*C. siamense*、*C. theobromicola*、*C. tropicale* および *C. sp. Clade Q* の9種に同定される。*C. sp. Clade Q* は既知種に属さない新種の可能性がある (図1A)。
- 同様に、*C.a* 種複合体の10菌株は、ITS、GAPDH、CHS-1、HIS3、TUB2 および ACT 遺伝子領域の塩基配列に基づく分子系統解析により、高いブートストラップ値で単系統群を形成した *C. fioriniae*、*C. miaoliense*、*C. sp. 1* および *C. sp. 2* の4種に同定される。*C. sp. 1* および *C. sp. 2* は既知種に属さない新種の可能性がある (図1B)。
- 供試菌株内の構成種の割合は、*C. fruticola* が42.2%で最も高い優占種であり、次いで *C. asianum* が16.9%、*C. siamense* が10.8%である (データ省略)。
- C.g* 種複合体9種は、PDA培地上の菌叢、分生子および付着器サイズに明瞭な差異はみられず、形態での区別はできない。一方、*C.a* 種複合体4種のうち、*C. fioriniae* は他種と比べて付着器が大きく、PDA培地裏面が橙色を示すことから形態による識別が可能である (データ省略)。
- C.g* 種複合体9種には、菌種間で果実への病原性に違いがあり、*C. sp. Clade Q* や *C. queenslandicum* は他種と比べて有意に病斑直径が大きい (図2A)。一方、*C.a* 種複合体4種では、全ての菌種で概ね同等の病原性の強さである (図2B)。
- C.g* と *C.a* 種複合体13種に対し、アゾキシストロビンとクレソキシムメチル水和剤のMIC値 (最小生育阻止濃度) が最も低く、高い抗菌活性を示す。また、キャプタンやマンゼブ水和剤では菌種により抗菌活性に差異がある。一方、フルジオキシニル水和剤は抗菌活性が低い傾向にある (表1)。

[成果の活用面・留意点]

- マンゴー炭疽病の生態研究および効果的な防除法開発の基礎資料として活用する。
- 日本植物病名データベースにおける本病の病原情報を上記13種へ更新する。
- 供試菌株は2009～12年に県内17市町村45園地の罹病果実から採集された炭疽病83菌株である。
- 正確な菌種の同定は、肉眼や顕微鏡観察のみで行うことはできず、遺伝子解析が必要である。

[具体的データ]

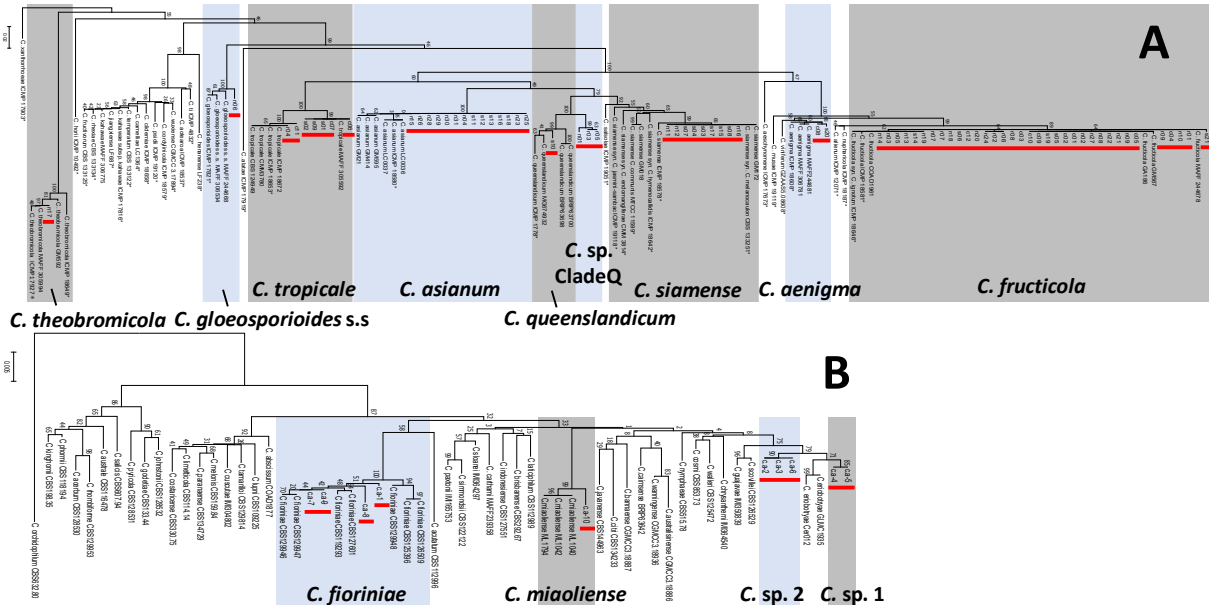


図1 沖縄産マンゴー炭疽病種複合体菌株の複数遺伝子領域の塩基配列に基づく分子系統樹(NJ法)
A: *C. g*種複合体(*ApMat* 遺伝子領域に基づく系統樹)、B: *C. a*種複合体(ITS、GAPDH、CHS-1、HIS3、TUB2 およびACT 遺伝子領域に基づく系統樹)、横太線は沖縄産マンゴー炭疽病菌株を示す。また、近縁種の学名横の英数字は菌株名を示す。

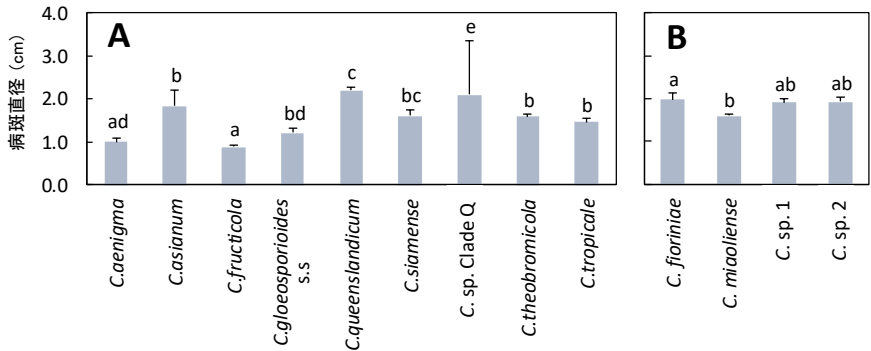


図2 沖縄産マンゴー炭疽病種複合体菌株間の果実に対する病原性(接種7日後) A: *C. g*種複合体菌株、B: *C. a*種複合体菌株。1菌株につき10～11果に接種した。異なるアルファベットはSteel-Dwass法の多重比較検定による有意差を示す($p < 0.05$)。

表1 沖縄産マンゴー炭疽病種複合体菌種間における6種登録殺菌剤のMIC値の比較

薬剤名	MIC (ppm) ^{a)}										<i>C. a</i> 種複合体			
	<i>C. g</i> 種複合体										<i>C. fi</i>	<i>C. mi</i>	<i>C. sp.1</i>	<i>C. sp.2</i>
アゾキシストロピン水和剤	<i>C. ae</i> ^{b)}	<i>C. as</i>	<i>C. fr</i>	<i>C. gl</i>	<i>C. qu</i>	<i>C. si</i>	Clade Q	<i>C. th</i>	<i>C. tr</i>		<0.1	<0.1	<0.1	<0.1
クレソキシムメチル水和剤	<0.1	<0.1	0.1	<0.1	<0.1	<0.1	<0.1	<0.1	<0.1		<0.1	<0.1	<0.1	0.39
イミノクタジナルベシル酸塩水和剤	400	6.25	1.56	1.56	6.25	6.25	1.56	1.56	6.25		6.25	1600<	1600<	1600<
フルジオキシニル水和剤	1600	1600	1600<	1600<	1600<	1600<	1600<	1600<	1600<		1600<	6.25	<0.1	1600<
キャブタン水和剤	400	1600<	1600	25	25	400	1600<	400	1600		25	1600<	400	100
マンゼブ水和剤	25	1600	400	400	400	25	1600<	1600	100		400	1600<	400	100

a) MIC 値は菌糸生育を完全に抑える薬剤の最小阻止濃度である。1薬剤1濃度につき3反復で試験を行った。

b) *C. ae*: *C. aenigma*, *C. as*: *C. asianum*, *C. fr*: *C. fructicola*, *C. gl*: *C. gloeosporioides* s.s., *C. qu*: *C. queenslandicum*, *C. si*: *C. siamense*, Clade Q: *C. sp.*Clade Q, *C. th*: *C. theobromicola*, *C. tr*: *C. tropicale*, *C. fi*: *C. fiorinae*, *C. mi*: *C. miaoliense*.

[その他]

課 題 ID : 2020 農 010

研究課題名 : 沖縄県の主要農作物に被害を及ぼす病害虫の防除体系構築のための基盤研究

予 算 区 分 : 県単 (病害虫防除基盤技術研究推進事業)

研究期間 (事業全体の期間) : 2020～2022 年度 (2020-2022 年度)

研究担当者 : 澤岬哲也、安次富厚、山岸遥河、河野伸二、花ヶ崎敬資

発表論文等 : 澤岬哲也ら (2020) 日植病報 87(3) : 150. 澤岬哲也ら (2023) 日植病報 89(3) : 206.