

PATHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE MILD STRAIN OF CUCUMBER MOSAIC VIRUS

マニーチョート, プーワナート

<https://hdl.handle.net/2324/1544021>

出版情報：九州大学, 2015, 博士（農学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：やむを得ない事由により本文ファイル非公開（3）



氏 名 : PHOOWANARTH MANEECHOAT

論文題名 : PATHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE MILD STRAIN OF CUCUMBER MOSAIC VIRUS

(キュウリモザイクウイルス弱毒系統の病理学のおよび分子的特性解析)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

植物病原性ウイルスは宿主細胞の生命活動に関わる機能を巧みに利用し、増殖・移行する性質を持つ。このため、ウイルスのみを標的とする農薬の開発は実現しておらず、ウイルス媒介昆虫の防除や感染植物個体の除去などの間接的防除手段に依存しているのが現状である。近年、植物ウイルス病害の防除に有効な手段として、弱毒ウイルスの干渉効果を利用した生物的防除法が注目されている。

そこで本論文では、九州大学植物病理学分野保存のキュウリモザイクウイルス(*Cucumber mosaic virus*, 以下 CMV) の弱毒株 CMV-m1 について、各種植物における病原性、ならびに弱毒化に関与する分子遺伝学的性質を明らかにすることで、CMV-m1 をワクチンウイルスとして利用するための分子基盤構築に資することを目的とした。

CMV はブロモウイルス科 (*Bromoviridae*) ククモウイルス属 (*Cucumovirus*) のタイプウイルスであり、アブラムシによって非永続的に伝搬され、ゲノムとして 3 分節の一本鎖+鎖 RNA を持つ小球状ウイルスである。CMV は 1,000 種を超える広範囲の植物に感染する最重要植物病原ウイルスであるため、世界各地で生産される主要蔬菜類にも甚大な被害を与えている。そこで、まず複数の植物種における CMV-m1 の病原性を接種試験により評価した。その結果、キュウリ、ピーマン、ナス、トマト、*Nicotiana tabacum* cv. Samsun NN、および *N. benthamiana* に対し、非常に軽微な病徴を誘起することが明らかとなった。また、*N. benthamiana* における CMV-m1 の蓄積量は強毒系統である CMV-Y のそれと比較して、顕著に低いことが確認された。さらに、*N. tabacum* cv. Samsun NN に CMV-m1 を接種し、CMV-Y を接種した結果、後者の重複感染に対する強い干渉効果が認められた。このことから、CMV-m1 がワクチンウイルスとして有望であることが示された。

CMV-m1 の分子遺伝情報を得ることは、ウイルスの弱毒性を決定する因子を明らかにするために極めて重要である。そこで、CMV-m1 の全ゲノム RNA の cDNA クローニングを行い、全塩基配列を決定した。CMV-m1 RNA の全塩基配列を CMV の他系統と比較した結果、CMV-m1 は CMV-Y と同じサブグループ IA に属することが明らかとなった。次に、CMV-m1 と CMV-Y との間でゲノム RNA1, 2, 3 を相互に交換した偽組換え体を作製した。その結果、CMV-m1 の RNA2 に弱毒性を決定する遺伝情報が存在することが示された。そこで、両ウイルスの RNA2 間で組換えを行ったところ、CMV-m1 の 2b タンパク質が弱毒性を支配していることが確認された。さらに、両ウイルス間の 2b タンパク質に関して、単一アミノ酸置換を行った結果、110 アミノ酸残基中の 18 番目のスレオニンが CMV-m1 の弱毒性を決定していることが明らかとなった。

以上の結果から、CMV-m1 は複数種の栽培植物に対する病原性が軽微であり、その弱毒性は、同系統の 2b 遺伝子の 1 アミノ酸残基によって決定されていることが明らかとなった。これらの新発見は植物病理学的見地ならびに分子遺伝学的根拠に基づいた CMV ワクチン開発に貢献するものと期待される。(1379 字)