

# カブモザイクウイルスに感染したハクサイの病徴を決定する 宿主及びウイルス因子

植物育種科学講座 細胞工学分野

藤原 綾香

## 【背景と目的】

ハクサイがカブモザイクウイルス (*Turnip mosaic virus*, TuMV) に感染すると、えそモザイクやモザイクなど様々な病徴を示す。TuMV に対するハクサイの抵抗性遺伝子の数は限られており安定して抵抗性品種の育成は難しく根本的な防除が難しいことから、感染後の病徴を軽減する方法も必要となる。そのためには多様な病徴がどのようにして誘導されるのかそのメカニズムについて知る必要がある。

本研究では TuMV に感染したハクサイの病徴誘導機構を明らかにすることを目的に、えそ誘導に関する宿主側の遺伝子の遺伝学的同定とその遺伝子座の連鎖解析を行った。また、変異ウイルスを用いた実験によりウイルス側の病徴決定因子の同定も行った。

## 【結果及び考察】

TuMV-アブラナ系統 (UK1) に対して抵抗性を示すハクサイ品種「秋まさり」、えそを示す「優春」、軽微なえそと奇形を示す「はやひかり」及びモザイクを示すカブ品種「早生大蕪」並びにこれらの自殖・交雑後代を用いて、抵抗性及び病徴決定遺伝子について遺伝解析を行い、さらにこの遺伝子座に関して連鎖解析を行った。遺伝解析により「秋まさり」は抵抗性の優性遺伝子をヘテロ型で、「優春」はえそ誘導遺伝子をホモ型で、「はやひかり」はえそ誘導の劣性遺伝子をヘテロ型で有していること、また、これらの遺伝子は同座の遺伝子であることが示唆された。この遺伝子座を *Rnt1* (Resistance and necrosis to TuMV 1) とした。連鎖解析により、ハクサイ染色体 R6 上の Scaffold (supercontig) 129 (約 0.5Mb) のほぼ中央に作成した SSR マーカーが *Rnt1* と密接に連鎖していることが明らかとなった。

一方、ハクサイ及びカブに対する病徴のタイプや程度及び反応に変化を生じた TuMV-UK1 変異系統 (UK1m) の配列解析を行ったところ、UK1m では P3、CI 及び CP 遺伝子に非同義置換が検出された。これらの塩基置換を 1 つずつ導入した感染性クローンを作製し、ハクサイ及びカブに接種して病徴観察によるウイルス側の病徴決定因子の同定を行った。CI で検出された非同義置換 (V1827E) を導入した感染性クローン (CI<sub>m</sub>) の接種試験で、UK1m 接種時と同様の病徴及び反応の変化が観察されたため、TuMV-UK1 の病徴決定因子は CI であることが明らかとなった。また、カブ品種「早生大蕪」に CI<sub>m</sub> を接種した際、UK1 接種と比較して感染点の数やそのサイズ、上位葉でのウイルス蓄積量に差がなかった。これより、UK1 接種と CI<sub>m</sub> 接種で観察された病徴及び反応の変化は CI におけるアミノ酸置換によるウイルスの複製能や移行能の変化によるものではなく、CI と *Rnt1* との相互作用の変化によって引き起こされていると考えられた。

以上の結果から、TuMV に感染したハクサイの病徴は宿主側の *Rnt1* 遺伝子とウイルス側の CI 遺伝子の組合せにより特異的に決定されることが明らかとなった。*Rnt1* については、現在マーカー数を増やすと共に集団サイズを大きくしてより詳細な座乗位置の同定を行っている。