

ニンニク感染ウイルスの系統進化的解析と ウイルスフリー化の改良

植物育種科学講座 細胞工学分野
吉田 直人

【背景・目的】

ニンニクのウイルス病被害は世界中で報告されている。これはニンニクが栄養繁殖性の作物であり、一度感染したウイルスが後代へと伝播されることが原因である。これまで感染するウイルス種やウイルス感染が収量に及ぼす影響については報告があるものの、ウイルスの分子生物学的な報告は少ない。ウイルスを効率的に防除するためには、ウイルスの分子生物学的な特徴や感染の動態を知る必要がある。そこで本研究は、まずニンニクに感染する複数のウイルスの塩基配列情報を解析し、系統進化的考察をした。

【方法・結果】

日本国内外のニンニクをスーパーマーケット等で収集し、RT-PCR によって LYSV の 5'UTR-P1 領域を検出した。分離した 24 種類の LYSV の 5'UTR-P1 塩基配列の一部と、Genbank に登録されている 14 種類の LYSV の同配列を用いてマルチプルアライメントを行った。これを用いて、有根系統樹を作成した結果、LYSV は 2 つのタイプに分けられた。本研究では、北海道を含む北日本産の栽培品種から分離された LYSV を含むタイプを N-type (Northern type)、南日本の栽培品種から分離されたものを含むタイプを S-type (Southern type) とした。N-type はさらに、N (Northern Japan)、U (Uruguay isolate)、Sp (Spain isolate)、L (Leek isolate) に分けられた。一方、S-type は S (Southern Japan)、O (Okinawa) の 2 つに分けることができた。N、U、Sp、L、O、S の各クレードから代表の配列を一つずつ選びマルチプルアライメントした結果、3 つの特徴的なインデルが 6 つのクレードを成立させる要因であることがわかった (図)。

【考察・結論】

LYSV の 5'UTR-P1 領域を用いて系統樹を作成した結果、ニンニクと LYSV は共進化の関係にあり、系統樹により分類されたグループが、ニンニク原産地からの LYSV の異なる伝播経路をとったグループに一致すると推定された。北日本産ニンニクやリーキから検出される LYSV がヨーロッパや南米由来、南日本産ニンニクの LYSV が中国由来、そして沖縄産島ニンニクの LYSV は中国南部や東南アジア由来であると考えられた。LYSV の祖先種は宿主のニンニクが各地へと伝播していく中で、塩基配列の欠失等を経て、現在のウイルス配列へと進化したと考えられる。

以上より、LYSV は長い歴史の中で、ニンニクの伝播と共に、宿主や環境条件に適応進化したと考えられた。

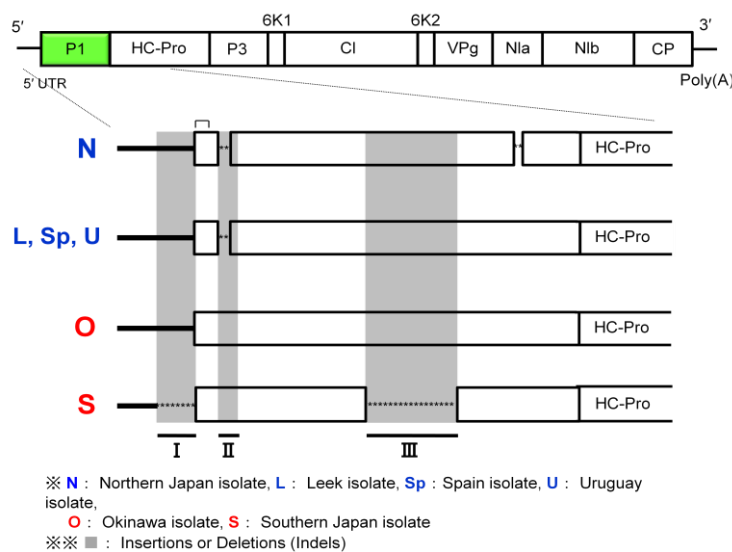


図: 系統樹作成に使用した LYSV の 5'UTR-P1 領域の模式図