

アジアイネとアフリカ稲を用いたツングロ病の罹病性緩和に働く内在性

RTBV 様配列の作用機構の比較解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物育種学研究室 齋藤 希

1. 背景と目的

イネツングロ病は南アジア・東南アジアで流行しているイネのウイルス病で、生育不良や葉の黄化を起し、収量減の大きな原因となっている。イネツングロ病の原因となる Rice tungro bacilliform virus (RTBV) に似た配列断片 (endogenous RTBV like sequence: eRTBV) が、過去にアジアイネ (*O. sativa*) のゲノムに取り込まれ 100 箇所以上散在していることが明らかとなっているが、機能の有無は不明である。一方、アフリカイネには eRTBV はほとんどない。アフリカイネ (*O. glaberrima*) の数系統は RTBV に対し非常に脆弱であり、アジアイネはそれよりも明らかに強いことが知られている。eRTBV の有無とイネツングロ病の罹病性に着目して本研究を行い、接種試験と siRNA 発現解析により、eRTBV とイネツングロ病の関係について調査した。

2. 方法及び材料

O. glaberrima の 23 系統と、*O. sativa ssp. indica* を用いて RTBV に対する接種試験を行った。また、接種試験の結果より、siRNA 発現解析に用いる個体を選抜し、葉から total RNA を抽出した。その total RNA サンプルに対し、次世代シーケンサー技術による siRNA-seq (illumina) を行い、種間および接種試験区間で siRNA の発現を比較した。

3. 結果と考察

アフリカの 6 か国から収集した *O. glaberrima* 23 系統に RTBV 接種試験を行った結果、*O. glaberrima* は非選択的に RTBV に対し脆弱であり、全ての系統は最も感受性の高い *O. sativa* の TN1 系統よりも顕著に弱かった。この結果から、eRTBV の有無がこの病徴との関連性に意味を持つ可能性が示された。また、アフリカイネとアジアイネに RTBV を感染させ、siRNA の発現を観察すると、両種共に、感染個体からは RTBV 由来の siRNA が大量に検出されたが、eRTBV の siRNA はアフリカイネでは検出されなかった。一方、アジアイネでは感染・非感染に関わらず恒常的に eRTBV からの siRNA の発現が見られた。eRTBV と相同な siRNA は RTBV の IGR と ORFIV 領域に対応した。*O. sativa* 特異的に検出された eRTBV 由来の siRNA は、全リードのうち 0.1% 程度であり、IGR 領域と呼ばれる転写開始点や複製開始点を含む配列と、宿主のサイレンシング因子である、細胞間移行を妨害する P4 遺伝子 ORFIV の mRNA 転写領域を含んでいる。この結果より、二つの領域で恒常的に発現している RTBV と同源性の高い siRNA が、病徴の緩和にはたらいている機能部位として注目する必要があるが示された。

4. まとめ

本研究により、化石ウイルスとして知られていた、内在性ウイルス様配列 eRTBV が転写され siRNA を生産していることが初めて明らかとなった。また、ウイルスの病徴緩和にはたらく 2 つの候補を得ることができた。今後はそれらの siRNA 産生領域に焦点を当て、内在性ウイルス配列のツングロ病に対する機能を明らかにしたい。