

ウイルス感染トウガラシの次世代でのアスコルビン酸関連遺伝子の発現

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物病原学 古谷 未咲

1. はじめに

トウガラシにおいてアスコルビン酸 (AsA) 及びカプサイシンは同じ抗酸化物質として機能し、ストレスによって発生した活性酸素種を消去する。機能性成分でもあるこの二つの成分を増加させる育種が試みられてきた。これまで、AsA 蓄積量はウイルスの感染ストレスによって増加することが報告されている。これは内生 AsA が抗ウイルス作用を持ち、植物体は AsA を増加させてウイルスに抵抗するためと考えられる。またトウガラシの辛味品種では甘味品種より AsA 蓄積量が少ない傾向にあり、これは辛味品種に多く蓄積するカプサイシンが抗酸化機能を補うためと考えられる。このように、この二つの成分の生合成には何らかの関連があると考えられるが、それぞれの生合成経路及びストレスに対する蓄積応答機構も不明な点が多く解明には至っていない。本研究ではまず①カプサイシン合成酵素遺伝子 (Pun1) の機能解析を virus-induced gene silencing (VIGS) によって行った。さらに VIGS 個体において AsA 生合成関連遺伝子の発現を解析し、カプサイシン生合成経路との関連を検討した。また②Cucumber mosaic virus (CMV) 感染ストレスによる AsA 生合成及びその関連遺伝子の発現の変化が次世代に伝達されることがあるのか、エピジェネティクス解析を行った。トウガラシにおける AsA 生合成関連遺伝子を、カプサイシン生合成経路との関連及びウイルス感染という視点から解析する事は、機能性成分を豊富に含有するトウガラシの品種改良に有益である。

2. 材料と方法

①供試植物はトウガラシ品種「カイエン」を用い、サイレンシングベクターとして CMV を用いた。カプサイシンの定量は、HPLC を用いて感染個体の開花後 25 日目の果実の胎座において行った。遺伝子発現解析は、同一の胎座において次世代シークエンサーで行った。②供試植物はトウガラシ品種「水引」を用い、CMV は毒性の異なる 2 系統を用いた。AsA の定量は、ヒドラジン法を用いて接種後 2 週間以内に病徴の観察された第 2-3 葉を用いて行った。同一の葉において、遺伝子発現解析は real-time RT-PCR 法で、エピジェネティクス解析は bisulfite sequencing 法で行った。

3. 結果と考察

①Pun1 の VIGS 個体の胎座では、コントロール個体と比較してカプサイシン蓄積量が減少した。さらに同一の胎座において、AsA 生合成関連遺伝子のうち *ascorbate oxidase (AO)* の発現のみが顕著に変化しており、トウガラシにおけるカプサイシン及び AsA の生合成経路の関連性が示唆された。②CMV 感染したトウガラシの次世代個体では、非感染区と比較してウイルス感染率の低下及び発芽率の上昇が観察された。同一個体の葉において、トータル AsA 蓄積量が及び dehydro ascorbic acid (DHA) が減少した。また AsA 生合成関連遺伝子の発現量及びメチル化率が変化しており、AsA 定量の結果と一致した。よってトウガラシに感染した CMV は、ウイルスが存在しない次世代においてもエピジェネティクス制御を AsA 関連遺伝子において誘導していると考えられる。

4. まとめ

CMV がトウガラシの次世代にエピジェネティクス制御を誘導し、発芽率を上昇させることは子孫を残したい植物と感染を広めたいウイルスの双方に有益である。