

アーバスキュラー菌根菌 *Rhizophagus clarus* の大陸間隔離株におけるウイルス多様性と環境応答

応用生物科学専攻 生命分子化学講座 根圏制御学 鈴木 芽以

1. はじめに

菌類が保持する二本鎖 RNA (double-stranded RNA, dsRNA) ウイルスは、細胞外伝搬ルートを持たず、主に垂直伝搬により次世代に受け継がれる。菌類ウイルスの中には、宿主の表現形質、さらにはその菌類が寄生・共生する高次宿主の表現形質にも影響を及ぼすものが存在することが知られている。これまでに、アーバスキュラー菌根菌 (AM 菌) が多様な dsRNA ウイルスを保持していること、一部ウイルスの感染は AM 菌の表現形質に影響を及ぼすことが示されている。本研究では、*Rhizophagus clarus* の大陸間隔離株が保持する dsRNA ウイルスの分布、および dsRNA ウイルスが AM 菌に与える影響を明らかにする。

2. 方法

いずれも酸性土壌から分離された *R. clarus* RF1 株 (北海道)、HR1 株 (愛知県) および CK001 株 (中央カリマンタン・インドネシア) の 3 菌株をミヤコグサを宿主としてメッシュ区画栽培により培養し、外生菌糸から精製した dsRNA の塩基配列を illumina HiSeq および MiSeq を用いた RNA-Seq により決定した。ウイルスの同定および系統解析は、自己複製酵素である RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) のアミノ酸配列に基づいて行った。pH 3.8, 4.2 および 4.9 に調整した土壌でミヤコグサを宿主として *R. clarus* RF1 株を培養し、外生菌糸の RNA-Seq から得られたデータをもとに、土壌酸性度とウイルス存在量との関係をリードマッピングおよび定量的 RT-PCR (qRT-PCR) により評価した。

3. 結果と考察

3 つの大陸間隔離株から、Totiviridae, Partitiviridae, Narnaviridae および Bunyaviridae 科に属する dsRNA ウイルスの RdRp 遺伝子をそれぞれ 7, 4, 5 および 1 個同定した。これら 3 菌株は、系統的に近縁なウイルスに加え、それぞれにユニークなウイルスも保持しており、株間でウイルス群集構成は異なっていた。その一方で、Narnaviridae 科 *Mitovirus* 属の *R. clarus mitovirus 3* (RcMV3) は、唯一、3 菌株に共通して保持されていたことから、このウイルスが宿主菌の酸性土壌における生残性に関わっていることが予想された。そこで、RcMV3 の他に少なくとも 1 種類の同属ウイルス (*R. clarus mitovirus 1*, RcMV1) を保持している RF1 株を用い、RcMV3 の動態と土壌酸性度との関係を RcMV1 との比較において調べた。RcMV1 の存在量は土壌 pH に関わらず一定であったのに対し、共通ウイルスである RcMV3 は、強酸性土壌 (pH 3.8) において、弱酸性土壌 (pH 4.9) と比べてその存在量が 2–3 倍に増加した ($p < 0.05$) ことから、RcMV3 は宿主菌の耐酸性形質に関わっている可能性が示唆された。

4. 今後の課題

今後は RcMV3 を除去した系統を作出し、酸性土壌における表現型を解析すると共に、*R. clarus* の他菌株や近縁種における RcMV3 の分布などを調べる予定である。