

令和 3 年 6 月 8 日現在

機関番号：13901

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H03950

研究課題名(和文) 菌類ウイルス資源の開発と利用法の新展開

研究課題名(英文) Development of mycovirus resources and its usage

研究代表者

千葉 壮太郎 (CHIBA, Sotaro)

名古屋大学・生命農学研究科・准教授

研究者番号：70754521

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,700,000円

研究成果の概要(和文)：菌類に感染するウイルスは、人類にとって都合の悪い菌類(植物病原菌など)を制御する因子として利用価値を見出され、有用ウイルスの探索が世界中で実施されている。本研究では、フザリウム属菌を中心に菌類ウイルスを多数分離し、一部のウイルスについて宿主菌に及ぼす影響を調査した。その結果、約40のウイルスゲノムを決定しその多様性を明らかにすると共に、ウイルス感染により宿主菌が生産するカビ毒や基礎的な代謝産物の生産量が変化することを明らかにした。また、ウイルスの遺伝子発現機構を利用し、糸状菌の多重遺伝子発現ベクターが新たに構築できた。以上から、菌類ウイルスの利用価値の新たな一面が明らかにされた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、菌類ウイルス(マイコウイルス)を有用資源と捉え、その利用価値について検証を行った。新規ウイルスの分離と多様性を明らかにし、予てから期待されている植物病原菌制御に加え、カビ毒生産制御、代謝攪乱、ウイルス遺伝子発現機構を利用した新規発現ベクターの開発において利用価値を見出した。また、ウイルス感染機構、ウイルス-宿主間のせめぎ合いやゲノム決定法の評価も行い、学術的に重要な知見を多数得ることができた。これらの知見は、菌類ウイルスが有用資源であることを端的に示しており、病害防除、代謝変動への外的刺激因子、菌類における実験ツール提供という点で社会への還元が期待される。

研究成果の概要(英文)：Mycoviruses are discovered with the potential to regulate non-welcomed fungi such as phytopathogenic fungi. It leads an intensive virus hunting worldwide. In this study, 40 mycoviruses are newly identified and characterized, that are mostly isolated from Fusarium species. The study found some of those viruses altered basic metabolites productivity and mycotoxin biogenesis, suggesting the viruses are fundamental disturbant element in fungi. In addition, the study identified virus cis-acting elements important to virus gene expressions, and applied these for multiple expression of foreign gene in filamentous fungi, for the first time. Overall, the study showed new aspects of mycoviruses that are useful as an experimental tool and a fungal metabolism disturber.

研究分野：植物病理学

キーワード：マイコウイルス 代謝攪乱 IRES 発現ベクター

1. 研究開始当初の背景

菌類ウイルスの研究とその潮流

菌類ウイルスは、大多数が不顕性感染し、殆ど宿主糸状菌に影響を与えない。しかし、ごく一部の菌類ウイルスが宿主糸状菌に生育阻害や病原性低下などの「巨視的变化」をもたらす。この優れた特性から、これらのウイルスは、植物病原糸状菌の生物防除資材としての利用が期待されている。ただし、施術法開発の点でウイルスによる病原菌制御技術の実用化には課題は残る。研究開始当初においては、この様な有用ウイルスの探索が世界中で展開あるいは開始される状況にあり、これまでに菌類ウイルスの分離と性状解析が精力的に行なわれて来ている。

反対に、菌類の抗ウイルス機構 (RNAサイレンシングとウイルス認識後の活性化機構) に関するウイルス-宿主間相互作用の実態も明らかになり、多様なウイルスと宿主菌のせめぎあいに関する知見も増えつつある。

研究開始当初から関連分野の研究者人口が劇的に増加し、新規菌類ウイルスの報告が多くなる一方で、ウイルス-宿主間相互作用に切り込んだ秀逸な研究報告は未だ限られており、菌類ウイルスが宿主菌体内における振る舞いの理解が求められている。

菌類ウイルスの利用価値

菌類に感染するウイルスは、人類にとって都合の悪い菌類 (植物病原菌など) を制御する因子として利用価値を見出され、上述の様に有用ウイルスの探索が世界中で実施されている。一方で、宿主糸状菌に影響を与えない殆どの菌類ウイルスの利用価値は誰も見出せていない。本研究では、菌類ウイルスを宿主菌類の「代謝攪乱因子」として捉え、未知代謝産物を生産させる新しいツールとしての可能性を提案している。また、動植物のウイルスは、遺伝子発現や RNAi 誘導などの実験ツールや遺伝子治療等で広く利用されている。この点において菌類ウイルスの活用は未成熟であり、検討の余地がある。菌類ウイルスが独自に発達させてきた特殊な遺伝子発現機構を解析・応用することで、有用な実験ツールが利用できる可能性が高い。

2. 研究の目的

本研究では、例え菌類ウイルスが宿主菌に「巨視的な変化」を与えずとも、細胞レベル、分子レベルでは、両者の間でダイナミックな相互作用が展開されていると仮定し、多くの植物病原菌を含み、また抗生物質等の有用生理活性物質主要分離源ともなっている *Fusarium* 属菌、ならびに植物共生糸状菌として植物保護物質生産を担う *Epichloë* 属 エンドファイト、を対象に菌類ウイルスの探索を行い、それらのウイルスが宿主菌体内で代謝経路に与える影響を網羅的に解析することを目的とした。ねらいは 2 点挙げられる。1 つは、これらの菌の毒素や生理活性物質の豊富な知見である。これらの生産量や修飾・分解にウイルスがどう影響を与えるかを明らかにする。既に、*Aspergillus flavus* の aflatoxin 合成が菌類ウイルスの感染で減産されることが知られており、菌類が生産する毒素を無毒化するウイルスが選抜できる可能性がある。もう 1 つは、ウイルスを「代謝攪乱因子」と捉え、未知の代謝産物を生産させるツールとして活用できるか検証する。

さらに、菌類ウイルスの遺伝子発現関与する cis エlement を抽出・解析し、糸状菌における単一ベクター/単一プロモーター制御下における多重発現系ベクターを開発することを目指した。背景には、菌類の形質転換には有効な薬剤耐性選択マーカーが限られており、例えば複数のオルガネラ標的蛍光タンパク質とラベルしたタンパク質の発現は困難な場合がある。本研究では、ウイルス RNA 配列が直接リボソームや転写開始因子をリクルートする IRES (internal ribosome entry site) を菌類ウイルスから探索し、これらの活性や機能構造を解析すると共に、多重遺伝子発現系への応用を検討する。ベクター 1 つでの複数遺伝子発現が実現すれば、多様な外来遺伝子発現実験が可能になるとと思われる。

以上の様に、菌類ウイルスの新たな価値を見出し、実装することを本研究の目的とした。

3. 研究の方法

3-1: 菌類ウイルスの探索

国内外の *Fusarium* 属菌、*Epichloë* 属菌を中心に、およそ 400 の菌株から、RNA ウイルスのゲノムおよび複製中間体である 2 本鎖 RNA (dsRNA) をウイルス感染の指標として、常法に従ってセルロースカラムクロマトグラフィーによる dsRNA 抽出とアガロースゲル電気泳動によりウイルス感染株を選抜した。

3 - 2 : 菌類ウイルスのゲノム配列決定および決定法の評価

精製 dsRNA を鋳型に ,cDNA ライブラリ作製し ,1)クローニング+サンガ法 ,2)Illumina RNA seq ,3)FLDS 法 ,4)RNA direct sequencing による配列決定法を比較しながら種々のウイルスゲノム配列を決定した。必要に応じて常法の dsRNA を用いた 3'-RLM-RACE により ,ウイルスゲノムの 5'および 3'末端配列を決定した。

3 - 3 : 比較菌株の取得と生物検定

ウイルス感染の影響を正しく理解するために ,同一遺伝型の宿主菌でウイルス感染・非感染菌をセットアップした。2つのアプローチで実施した。1)菌糸先端切除 ,プロトプラスト分離 ,単孢子分離とそれらの再生により ,ウイルス感染株から非感染株を選抜した。2)非感染菌株プロトプラストにウイルス感染性核酸(クローン由来の試験管内転写産物)や精製粒子を導入(接種)した。感染除去や接種の確認には RT-PCR 法を用いた。樹立したウイルス感染・非感染株のセットを菌糸生育 ,コロニー形態 ,生物活性(病原菌への生育阻害作用) ,植物への病原性を指標に比較した。

3 - 4 : ウイルス感染の代謝産物生産への影響評価

樹立したウイルス感染・非感染菌間の代謝変動を解析するため ,菌糸の粗代謝産物画分をアセトンや酢酸エチルで抽出し ,トリシリルメチル化したサンプルを GC/MS 解析に供試した。主に変動のあった基礎代謝産物について ,ライブラリ参照して同定した。

3 - 5 : ウイルス - 宿主菌間のせめぎあい評価

植物共生菌と菌類ウイルス間の相互作用について ,抗ウイルス防御関連遺伝子の機能解析を遺伝子破壊法により検証した。RNA サイレncing関連遺伝子(Dicer-like, Argonaute-like, RNA-dependent RNA polymerase)6つを *Epichloë festucae* Fl1 株から見出し ,これらの単独破壊株をホモログスリコンビネーション法で作出した。これらの株中のウイルス蓄積量を RT-qPCR 法で比較し ,各遺伝子の抗ウイルス防御における機能を解析した。

3 - 5 : 菌類ウイルス IRES の探索と活性保持領域の決定

モデル糸状菌赤パンカビ(*Neurospora crassa*)のcodon使用頻度に最適化したホタルルシフェラーゼ遺伝子 *OFluc* とウミシイタケルシフェラーゼ遺伝子 *ORluc* を用いたデュアルレポーター実験系を菌類で初めて確立していた。*ORluc* (内部標準)と *OFluc* (IRES 依存)をタンデムにコードする発現ベクター pCH-DLst3 を構築し ,この遺伝子間に任意のウイルス配列を導入することで ,*ORluc* に対する *Fluc* の化学発光値により IRES 活性を評価する実験系を樹立した。同実験系で ,RT-PCR 或いは遺伝子合成により取得した IRES 保持候補配列を評価した。この時 ,菌形質発現系による 1 次スクリーニングを行ない ,次いで試験管内合成 RNA とプロトプラストを用いた一過的発現による精査(2 次スクリーニング)を行なった。有用と判断された IRES については ,IRES 機能領域を決定すべく欠失・置換変異体を作製し ,評価した。

3 - 6 : 菌類ウイルス IRES 利用発現系の開発

活性の高かった IRES を 2 色の蛍光タンパク質遺伝子で挟み ,菌類の形質転換発現ベクターに導入した。同様に ,タンパク質相互作用を検証する BiFC (bimolecular fluorescent complementation)用コンストラクトを 1 ベクターで構築した。すなわち ,分割した GFP 遺伝子(nGFP と cGFP)を IRES で挟んだものを菌類の形質転換発現ベクターに導入した。これらを用いてクリ桐枯病菌(*Cryphonectria parasitica*)および *E. festucae* を形質転換し ,蛍光顕微鏡観察により多重発現ベクターの機能を評価した。

4 . 研究成果

4 - 1 : 菌類ウイルスの探索と多様性

国内外の *Fusarium* 属菌 ,*Epichloë* 属菌およそ 400 菌株から ,dsRNA 保持菌株(ウイルス感染株)を選抜した。その結果 ,*Epichloë* 属菌のコレクションからはウイルス感染株を取得できなかった一方 ,*Fusarium* 属菌を主とする 18 の新規ウイルス感染菌株を取得した。以前から収集していた感染株と合わせてウイルスゲノム解析を進めた結果 ,新奇ウイルスを含む 40 種類(同一種別系統と思われるものを含む)のウイルスのゲノム配列取得に成功した。それらには既往の分類群に納まるもの(ハイポウイルス科 ,パルティティウイルス科 ,クリソウイルス科 ,トティウイルス科 ,ミトウイルス科 ,アルタナウイルス科 ,ポリマイコウイルス暫定科)と ,既存の分類群に当てはまらない新興ウイルスとしてティモウイルス様 ,ウンブラウイルス様 ,フェヌイウイルス様 ,ハダカウイルス様 ,アンピウイルス様の新規ウイルスに加え ,その他のウイルス様未同定配列が得られた。RNA ウイルスは分類学的に 6 つの門から構成されるが ,本研究で分離されたウイルスのみで 5 つを網羅しており ,供試菌株中でさえ多様なウイルスが感染することが明らかとなった。

4 - 2 : ウイルスゲノム決定法

ウイルス配列解析は次世代シーケンサー(NGS)の登場で劇的に容易となった。しかし、RNAウイルスの高い変異率やゲノムの複雑な立体構造などに起因する様々な課題を抱えており NGSのみで完全長ウイルスゲノムを決定することは困難とされる。すなわち、配列末端には RACE法、ギャップ配列には gap-filling RT-PCR が別途必要となる。これらを解決し得る手段として、異なる 2 つの手法、fragmented and loop primer ligated dsRNA sequencing (FLDS) 及び Nanopore Direct RNA Sequencing(DRS),を用いて未知ウイルスの配列解析と評価を行った。その結果、DRS は取得配列のエラー率が高く単独でのゲノム配列決定が困難と判断された一方、ギャップは全く見られず全長をカバーするコンティグ取得において優秀なポテンシャルを示した。DRS の解析技術の向上により、近い将来には、簡便なウイルスゲノム決定法として定着する可能性が示された。FLDS 法では、ゲノム末端配列を決定しつつ、全ゲノム配列の取得が殆どケースで可能であった。現行では、本法が最も簡便、迅速にウイルスゲノム決定を行なえる手法であると考えられる。

4 - 3 : 比較菌株の取得と生物検定

多くの菌株で、菌糸先端切除、プロトプラスト分離、単孢子分離とそれらの再生により、ウイルス感染株から同一遺伝型ウイルス除去株の取得を試みたが、5 つの菌株でこの樹立が成功した(部分除去含む)。Fusarium 属菌に感染するハイボウイルス感染株から取得したウイルス除去株では、ウイルス感染により菌糸成長が促進するという結果を得た。メタボローム解析による 1 次、2 次代謝産物の変動には大きな差が見られていない。本菌はヒト病原性の細菌および酵母に対する生育抑制効果があったが、この作用とウイルス感染との間には因果関係が見られなかった。また、同様にして取得した他の Fusarium ウイルス非感染菌株においては、ウイルス感染によりコハク酸などの基礎的な代謝産物量が変動するなどの一定の影響が起こることが明らかとなった。

他方、植物病原菌コレクションからのウイルス除去も進めた。イネ病原性 *Rhizoctonia oryzae-sativa* 菌株からパルティティウイルスの除去に成功したが、本菌株はウイルス感染株と表現型の差異を示さなかった。一方、Fusarium boothii に感染するウイルス(分類学的に新規の科・属を形成するティモウイルス様の新規ウイルス) Fusarium boothii large-flexivirus 1 (FbLFV1)を分離した。ウイルス除去操作により、当該ウイルスとこれに由来する D-RNA(内部欠損型 RNA)が宿主菌の病原性を低減させる作用があることを明らかにした(Figs. 1 and 2)。さらに、ウイルス感染と D-RNA により、宿主菌のカビ毒デオキシニパレノールとその誘導体生産に大きな負の作用があることが明らかにされた。

以上から、ウイルス感染による宿主菌の代謝変動は一様でなく、効果はウイルス種と宿主菌の組み合わせで異なる可能性が示された。任意の 2 次代謝産物の生産をウイルスで制御できる可能性は残るが、さらなる検証が必要だと考えられる。

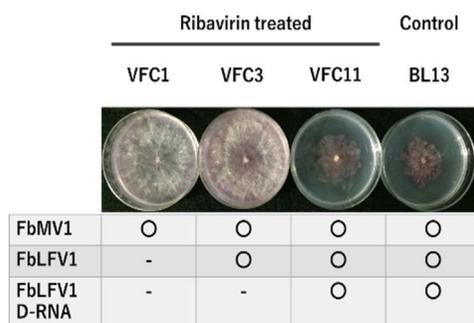


Fig.1. Colony morphology and dsRNA accumulation patterns of ribavirin treated strains generated from BL13.

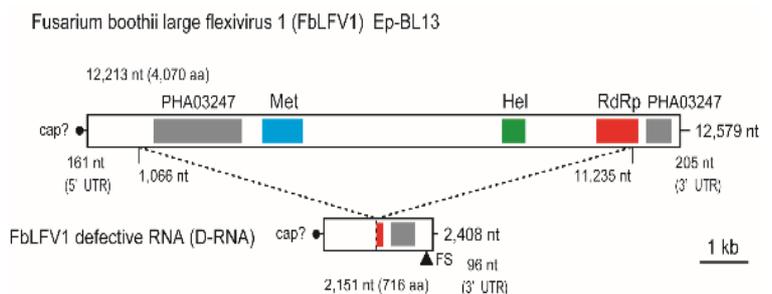


Fig.2. Schematic diagram of genomic structure of an ssRNA virus, FbLFV1 and D-RNA. Each ORF is indicated by a box. D-RNA is an internal deletion derivative of full-length FbLFV1 genome. Arrow marks indicate the position of the primer used in RT-PCR detection.

4 - 4 : 植物共生菌の抗ウイルス防御機構

植物共生菌である Epichloë 属菌からウイルス感染株が発見されなかったことを受けて、これらの菌の抗ウイルス防御が発達していると仮説を立てた。E. festucae の RNAサイレンシング関連遺伝子の破壊株を作製し、既知のウイルス 4 種を接種した結果、2 種のみ感染した。本属菌では、各 2 種ある Dicer-like (DCL) ホモログのうち、一方のみが抗ウイルス防御に寄与することが明らかにされた。他の主要遺伝子 Argonaute-like (AGL), RNA-dependent RNA polymerase (RDR) (各 2 種)の単独破壊ではウイルス蓄積量が上昇しなかったことから、これらの間には冗長性があると考えられる。ウイルス感染 E. festucae をライグラスに共生感染させられるか試験したところ、ウイルス非感染株と同様に植物と共生関係を構築し、また、この状況下で RNAサイレンシングによるウイルス防御が発揮されることが明らかとなった。

4 - 5 : 菌類ウイルス IRES の探索と活性中心領域決定

多様なウイルス種から IRES を探索した結果、8 つの分類群 (ハイポウイルス科, トティウイルス科, クリソウイルス科, メガビルナウイルス科, フザグラウイルス科, ポティビルナウイルス科, フレッジウイルス, ヤドカリウイルス) に属するウイルス種の 5'非翻訳領域 (UTR) から IRES が発見され、多重遺伝子発現系の開発に有用な素材を取り揃えることができた。これまでに、4 種のウイルスについて IRES コア領域を特定し、さらに、活性の高いウイルスの IRES についてさらにコア領域の特定を進めている。ただし、メガビルナウイルス科の IRES については検証を加える必要のあるデータが得られており、より詳細な解析が必要な状況にある。これらの菌類ウイルスの IRES 活性をデュアルルシフェラーゼ実験系で定量比較したところ、ウイルス種によってその活性は様々であり、長い非翻訳領域を保持するウイルスの IRES 活性が高い傾向が認められた。

4 - 6 : 菌類ウイルス IRES 利用による多重遺伝子発現系の開発

これらの配列を用い、*C. parasitica* および *E. festucae* で利用可能な、ポリシストロニックに Venus および DsRed を発現するベクター (AaBV1-IRES、pNYAR) と、nGFP および cGFP を発現する BiFC 用ベクター (RnFGV3-IRES、pNBR) を構築した。pNYAR を形質転換した *C. parasitica* では Venus および DsRed 両方の蛍光が確認された。また、pNBR 形質転換体からは GFP 蛍光が確認されなかったが、*E. festucae* において相互作用が確認されている Cdc42 および BemA を、各 GFP 部分配列に接続した pNBR ベクターを形質転換した場合は GFP 蛍光が確認された (タンパク質間相互作用が検出された) (図 2)。これらの結果から、cap、IRES 依存的な翻訳を介しバイシストロニックに配置した 2 種類の遺伝子が発現していることが示された。以上から、菌類ウイルス IRES を多重遺伝子発現ベクターへ応用した初めての例が示した。

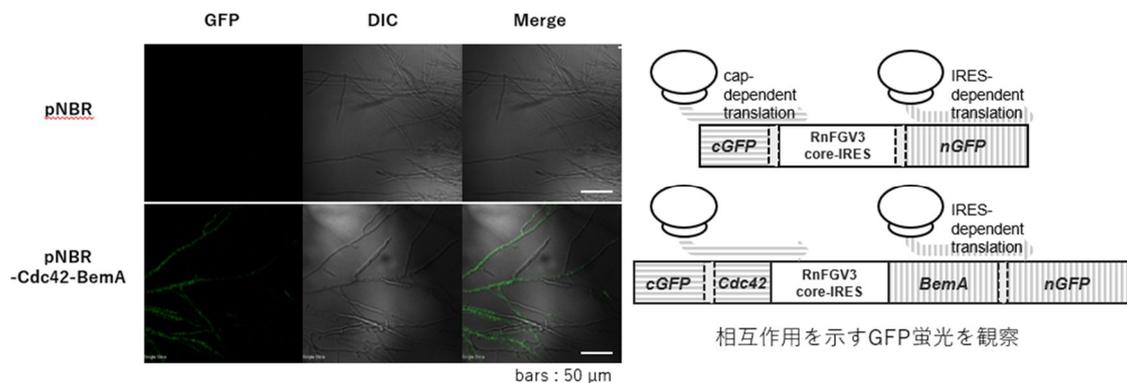


Fig. 3 . Application of mycovirus IRES to multiple gene expression in a filamentous fungus: an example of BiFC experiment in *C. parasitica*. GFP fluorescent indicating interaction between Cdc42 and BemA could be observed specifically in the fungal strain transformed with pNBR-Cdc42-BemA but not with the empty pNBR vector.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計8件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 5件/うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Lin YH, Fujita M, Chiba S, Hyodo K, Andika IB, Suzuki N, Kondo H	4. 巻 533
2. 論文標題 Two novel fungal negative-strand RNA viruses related to myonaviruses and phenuiviruses in the shiitake mushroom (<i>Lentinula edodes</i>).	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Virology	6. 最初と最後の頁 125-136
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virol.2019.05.008	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Mizutani Yukiyo, Abraham Adane, Uesaka Kazuma, Kondo Hideki, Suga Haruhisa, Suzuki Nobuhiro, Chiba Sotaro	4. 巻 10
2. 論文標題 Novel Mitoviruses and a Unique Tymo-Like Virus in Hypovirulent and Virulent Strains of the Fusarium Head Blight Fungus, <i>Fusarium boothii</i>	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 584-584
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/v10110584	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Chiba Sotaro, Caston Jose R., Ghabrial Said A., Suzuki Nobuhiro, ICTV Report Consortium	4. 巻 99
2. 論文標題 ICTV Virus Taxonomy Profile: Quadriviridae	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of General Virology	6. 最初と最後の頁 1480-1481
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jgv.0.001152	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 CHIBA Sotaro, JAMAL Atif, SUZUKI Nobuhiro.	4. 巻 9.2
2. 論文標題 First Evidence for Internal Ribosomal Entry Sites in Diverse Fungal Virus Genomes.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 mBio	6. 最初と最後の頁 e02350-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mBio.02350-17	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Shahi S, Chiba S, Kondo H, Suzuki N.	4. 巻 554
2. 論文標題 Cryphonectria nitschkei chrysovirus 1 with unique molecular features and a very narrow host range.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Virology	6. 最初と最後の頁 55-65
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virol.2020.11.011	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mizutani Y, Uesaka K, Ota A, Calassanzio M, Ratti C, Suzuki T, Fujimori F, Chiba S.	4. 巻 12
2. 論文標題 De novo sequencing of novel mycoviruses from Fusarium sambucinum: An attempt on direct RNA sequencing of viral dsRNAs.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 641484
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2021.641484	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Chiba S	4. 巻 4
2. 論文標題 Fusariviruses (Unassigned)	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Encyclopedia of Virology 4th Edition (Bamford D, Zuckerman M, eds.)	6. 最初と最後の頁 577-581
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/B978-0-12-809633-8.21276-4	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Vainio EJ, Chiba S, Ghabrial SA, Maiss E, Roossinck M, Sabanadzovic S, Suzuki N, Xie J, Nibert M and ICTV Report Consortium	4. 巻 99
2. 論文標題 ICTV Virus Taxonomy Profile: Partitiviridae	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of General Virology	6. 最初と最後の頁 17-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jgv.0.000985	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計13件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 5件）

1. 発表者名 Mizutani Y., Adane A., Uesaka K., Kondo H., Suga H., Suzuki N. and Chiba S.
2. 発表標題 Mycoviruses infecting Fusarium species isolated from Ethiopian wheat fields and their potential association with hypovirulence of a Fusarium Head Bright fungus.
3. 学会等名 XVIII International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions (Glasgow, Scotland) (国際学会)
4. 発表年 2019年～2020年

1. 発表者名 Murata K., Jamal A., Kubo H., Chiba S., and Suzuki N.
2. 発表標題 Identification of internal ribosomal entry sites in the RNA genome of a hypovirulence-conferring mycovirus of the white root rot fungus.
3. 学会等名 Asian Mycological Congress 2019 (Tsu) (国際学会)
4. 発表年 2019年～2020年

1. 発表者名 Chiba S., Mizutani Y., Adane A., Uesaka K., Kondo H., Suga H. and Suzuki N.
2. 発表標題 Potential contribution of a defective RNA segment of Fusarium boothii large flexivirus 1 on hypovirulence of the host Fusarium Head Blight fungus.
3. 学会等名 Asian Mycological Congress 2019 (Tsu) (国際学会)
4. 発表年 2019年～2020年

1. 発表者名 水谷行善, カラッサンチオ マッテオ, 太田綺弥, 藤森文啓, 上坂 一馬, 千葉壮太郎.
2. 発表標題 植物病原糸状菌を制御する菌類ウイルスの探索とゲノム解析の迅速化
3. 学会等名 物工学会大会(岡山)(招待講演)
4. 発表年 2019年～2020年

1. 発表者名 村田佳乃子, Calassanzio Matteo, 久保弘法, Jamal Atif, 鈴木信弘, 千葉壮太郎
2. 発表標題 糸状菌ウイルスゲノム中の新規IRES探索とゲノム比較
3. 学会等名 令和2年度 日本植物病理学会 (開催中止・発表扱い)
4. 発表年 2019年～2020年

1. 発表者名 太田綺弥・水谷行善・佐藤育男・竹本大吾・川北一人・藤森文啓・千葉壮太郎
2. 発表標題 本邦産 Fusarium 属菌に感染するマイコウイルスの探索および生物学的解析
3. 学会等名 平成31年度 日本植物病理学会
4. 発表年 2018年～2019年

1. 発表者名 水谷行善・Adane Abraham・上坂一馬・近藤秀樹・須賀晴久・鈴木信弘・千葉壮太郎
2. 発表標題 Fusarium boothii 病原性衰退株BL13に感染する新規Tymovirales目ウイルスの性状解析
3. 学会等名 平成31年度 日本植物病理学会
4. 発表年 2018年～2019年

1. 発表者名 村田佳乃子・Atif Jamal・久保弘法・鈴木信弘・千葉壮太郎
2. 発表標題 メガビルナウイルスRnMBV1のIRES領域の同定
3. 学会等名 平成31年度 日本植物病理学会
4. 発表年 2018年～2019年

1. 発表者名 Sotaro Chiba, Annisa Aulia, Sakae Hisano, Lin YuHsin, Hideki Kondo, Satoko Kanematsu, Hajime Yaegashi, and Nobuhiro Suzuki
2. 発表標題 Host-specific RNA silencing (Dicer)-mediated virus interference revealed by characterizing a new fungal partitivirus
3. 学会等名 4th International Mycovirus Symposium (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yukiyoshi Mizutani, Adane M Abraham, Haruhisa Suga, Nobuhiro Suzuki, Sotaro Chiba
2. 発表標題 Characterization of mitoviruses found in Ethiopian isolates of Fusarium spp.
3. 学会等名 4th International Mycovirus Symposium (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 村田佳乃子・Matteo Calassanzio・鈴木信弘・千葉壮太郎
2. 発表標題 菌類ウイルス新規IRESエレメントの探索および多重遺伝子発現系への応用
3. 学会等名 令和3年度植物病理学会
4. 発表年 2020年～2021年

1. 発表者名 佐藤優貴子・生川千晶・佐藤育男・竹本大吾・鈴木信弘・千葉壮太郎
2. 発表標題 植物共生菌Epichloe festucaeの抗ウイルス防御機構
3. 学会等名 令和2年度日本植物病理学会関西支部
4. 発表年 2020年～2021年

1. 発表者名 ニアン ソックティ・シュバ ダス・近藤秀樹・鈴木信弘・荒川征夫・ラッタナクリータク チャイナロン・ポンピスッタ ラティア・千葉壮太郎
2. 発表標題 タイ産イネ褐色菌核病菌に感染する新規アルファパルティティウイルスの性状解析
3. 学会等名 令和2年度日本植物病理学会関西支部会
4. 発表年 2020年～2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

原著論文 https://nagoyaplantpathol.wixsite.com/nagoya-plant-pathol/blank-8 植物病理学研究室 原著論文 https://nagoyaplantpathol.wixsite.com/nagoya-plant-pathol/blank-8

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	藤森 文啓 (Fujimori Fumihiro) (50318226)	東京家政大学・家政学部・教授 (32647)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
イタリア	University of Bologna			
パキスタン	National Agricultural Research Centre			
エチオピア	Addis Ababa S & T University			

共同研究相手国	相手方研究機関			
イタリア	University of Bologna			
パキスタン	National Agricultural Research Centre			
エチオピア	Addis Ababa S & T University			