

令和 4 年 5 月 31 日現在

機関番号：17201

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2021

課題番号：18K05653

研究課題名(和文) 新興病原ウイルスの拡散年代と分子疫学的世界地図

研究課題名(英文) Dispersal and epidemiological world map of emergent viruses

研究代表者

大島 一里 (Kazusato, Ohshima)

佐賀大学・農学部・教授

研究者番号：00176869

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：広域でのサンプリングが困難なため、植物ウイルスの進化や系統地理学的な歴史はほとんど分かっていない。植物ウイルスは地球規模で農業に影響を及ぼしており、それらの移動時期や経路を解明することは、植物保護に有益である。本研究の系統地理学的・分子時計的解析から、野菜の重要な病原体であるカブモザイクウイルスが、ユーラシア大陸の歴史的な交易路であるシルクロードを辿って17世紀頃から西から東へ移動していることが明らかになり、一方ジャガイモウイルスYは、ヨーロッパがハブとなって世界各地に拡散しているようであった。本研究により、重要な植物ウイルスの感染経路やその時間について複雑かつ詳細に明らかにすることができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

スーパーコンピューターを利用することにより解析時間の短縮に成功したことから、結果を効率よく出せるようになり、IFの高い論文数報を公表することができた。植物ウイルスが、かつての交易路であるシルクロードと関係して地中海沿岸や中東地方の本ウイルスの発生中心から拡散し始めたこと、さらには17世紀ごろから大陸を西から東へ拡散し始めたことなど、歴史学上からも解明でき、また地球規模での拡散経路から、ヨーロッパが植物ウイルスのハブになっていることも明らかにできたことは、将来の植物保護への貢献、さらには今後のウイルス学の基礎的な拡散メカニズム解明などに大きな影響を与えると思われる。

研究成果の概要(英文)：The evolutionary and phylogeographic history of plant viruses in the world remains largely unknown because of the difficulties in sampling across large areas. Plant viruses have agricultural impacts on a global scale and resolving the timing and route of their spread can aid crop protection and inform control strategies. Here we showed that turnip mosaic virus, significant pathogens of vegetables, spread from west to east across Eurasia from about the 17th century CE. Our phylogeographic and molecular clock analyses showed that the migration pathways of this virus have retraced some of the major historical trade arteries in Eurasia, a network that formed the Silk Road. On the other hands, potato virus Y spread from Europe to other parts of the world, and Europe seemed to be a place of hub of this virus. Our studied presented a complex and detailed picture of the timescale and major transmission routes of important plant viruses.

研究分野：植物病理学

キーワード：分子疫学 新興病原ウイルス 植物ウイルス 拡散年代 世界地図

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

アブラナ科野菜類の多くは地中海沿岸から中東地方を起源、またナス科植物の多くは南米大陸を起源としており、農耕開始から現代まで人類の食料としてだけでなく、病原体の侵入や拡散に大きな影響を与えてきた。これまで特にユーラシアの一部やオセアニア大陸の野菜類から病原ウイルスを採集後、網羅的にゲノム解析し分子進化的に分析してきた。その結果ヨーロッパの雑草のウイルスが農作物に感染する新興病原ウイルスとなり、新宿主へ適応するために組換えや再集合そして変異を行いながら、地中海沿岸地方や中東地方の発生中心から時間をかけて世界中に拡散し、現在のように様々な国々で多様化してきたことを明らかにしてきた。

2. 研究の目的

本研究では、これまで分析してきた大陸や大陸の一部に加えて、日本、周辺諸国そして全大陸にも対象地域を拡げ、移動の年代分析を伴ったアブラナ科やナス科ウイルスそしてそれらに関連するウイルスなどの分子疫学的な拡散経路世界地図を植物病原体として世界で初めて完成させると共に、次世代の病原体の未来進化予測の基盤を作ることを目的とした。

3. 研究の方法

これまで、アブラナ科の野菜類などを宿主とする複数の異なるゲノム構造を有する代表的な植物ウイルスについて、組換え、再集合、宿主適応現象などの分子進化、さらに年代を伴った拡散経路を世界に先駆けて報告してきた。最近では、現代農業でアブラナ科植物に被害を与えているカブモザイクウイルス(TuMV)は、ドイツで見つかった単子葉植物の野生ランに感染するウイルスが起源であり、その後発生の中心である地中海沿岸地方や中東地方で農業が発展した10世紀頃から、新興病原ウイルスとして農作物としてのアブラナ科栽培作物に感染・適応しながら、世界中の国々に拡散してきたことを世界で初めて明らかにした。また新興のTuMV分子系統型を日本で我々が初めて発見したが、中国でその系統型が最近蔓延しアブラナ科野菜類に甚大な被害を与えていることが報告された。本研究では、長年に渡り積み上げてきた情報に、新たに年代分析を含めた大陸規模そして地球規模の伝播経路の解明という情報を加えることで、これまでの行ってきた分子進化の集大成研究を目指す。

本研究では、日本全国、周辺諸国さらに比較的安全な国々で海外協力者がおり着実に実行できると思われる国々を考慮し、ユーラシア、南米やアフリカ大陸などの国などを今回は選定した。採集したウイルスのゲノム構造と病原性を解析し、分子疫学的・進化的基礎研究を通じて得られる新知見をもとに、病原性進化を分析評価し、日本に辿り着く侵入経路を含めて、地球規模での農作物の伝播、人の移動及び農業の発達に関わる総合的な考察を行った。

具体的な調査対象国としては、南アジア多東南アジア諸国、日本、アフリカ大陸なども調査した。数年間かけて採集した植物ウイルス分離株のゲノムシーケンスデータの分析結果に基づいて、ワークステーション更にはスーパーコンピューターを用いて今回調査した国々に発生するウイルスとこれまで情報を蓄積してきたヨーロッパ・中東・アジア・オセアニア諸国で分離されたウイルスの種内及び変異株間の多様性を比較した。その後、分子進化・分子疫学的な分析から、宿主間、病原体の種間・種内或いは変異株間にみられるウイルスの関連性を評価し、地球規模での進化拡散経路の地図を作成した。対象としてはアブラナ科ウイルスやナス科ウイルスそして進化的にそれらに関連するウイルスについて、推定拡散年代と共に、拡散移動経路の連続した世界地図そして日本地図をを Google Earth 上で描いた。

4. 研究成果

アブラナ科野菜類の多くは地中海沿岸から中東地方を起源としており、農耕開始から現代まで人類の食料としてだけでなく、病原体の侵入や拡散に大きな影響を与えており、代表者はこれまでユーラシアやオセアニア大陸などの野菜類から病原ウイルスを採集後、網羅的にゲノム解析し分子進化的に分析してきた。その結果、新宿主へ適応するために組換えや再集合そして変異を行いながら、雑草のウイルスが農作物に感染する新興病原ウイルスとなり起源地や発生中心から時間をかけて拡散し現在のように様々な国々で多様化してきたことを明らかにした。現代の農業において主にアブラナ科野菜に感染し被害を与えているポティウイルス属のカブモザイクウイルスについてユーラシア大陸全土からのゲノムデータを基に、推定拡散年代と拡散移動経路について解析した。その結果、地中海沿岸や中東地方の本ウイルスの発生中心から拡散し始めたこと、さらにはかつての交易路であるシルクロードと関係して17世紀ごろから大陸を西から東へ拡散し始めたことを解明した。

同じくポティウイルス属に属するが主にナス科植物に感染し世界中のジャガイモやタバコ被害を与えているジャガイモYウイルスについて世界中のゲノムデータを基に、推定拡散年代と拡散移動経路について解析した。その結果、ヨーロッパが本ウイルスのハブになっていることが明らかとなり、地球規模での拡散経路が明らかとなった。

同じくポティウイルス属に属し、分子系統学的にカブモザイクウイルスと関連の深い、ネギ

属，特に野生のノビル感染するノビルモザイクウイルスについて，推定拡散年代と拡散移動経路について解析した。本ウイルスは日本以外中国から報告がなされているが，他には報告がなかったために，日本全国から無症状のノビルを採集し，それらからノビルモザイクウイルスを調査し検出後，全ゲノム構造を解析した。その後国内における拡散移動経路について解析し報告した。

以上の結果を，カブモザイクウイルスについては米国アカデミー紀要（IF > 10）で公表され，ジャガイモYウイルスについてはVirus Evolution（IF > 7），ノビルモザイクウイルスについてはFrontier in Microbiology（IF > 5）で公表し，分子疫学的な拡散経路世界地図を植物病原体として世界で初めて完成させ，次世代の病原体の未来進化予測につながる成果となった。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Ohshima Kazusato, Ishibashi Rikako, Kawakubo Shusuke	4. 巻 10
2. 論文標題 Complete Genome Sequence of Isolate Bari 1, a Mild Strain of Cauliflower Mosaic Virus	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/MRA.00534-21	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 Ohshima Kazusato, Kawakubo Shusuke, Muraoka Satoshi, Gao Fangluan, Ishimaru Kanji, Kayashima Tomoko, Fukuda Shinji	4. 巻 12
2. 論文標題 Genomic Epidemiology and Evolution of Scallion Mosaic Potyvirus From Asymptomatic Wild Japanese Garlic	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3389/fmicb.2021.789596	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 Gao Fangluan, Kawakubo Shusuke, Ho Simon Y W, Ohshima Kazusato	4. 巻 6
2. 論文標題 The evolutionary history and global spatio-temporal dynamics of potato virus Y	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Virus Evolution	6. 最初と最後の頁 なし
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/ve/veaa056	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 Kawakubo Shusuke, Gao Fangluan, Li Shifang, Tan Zhongyang, Huang Ying-Kun, Adkar-Purushothama Charith Raj, Gurikar Chennappa, Maneechoat Phoowanarth, Chiemombat Pissawan, Aye Seint San, Furuya Naruto, Shevchenko Oleksiy, Spak Josef, Skoric Dijana, Ho Simon Y. W., Ohshima Kazusato	4. 巻 118
2. 論文標題 Genomic analysis of the brassica pathogen turnip mosaic potyvirus reveals its spread along the former trade routes of the Silk Road	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 なし
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1073/pnas.2021221118	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 川久保修佑・大島一里	4. 巻 54
2. 論文標題 分子系統と分岐年代解析法	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 植物感染生理談話会論文集	6. 最初と最後の頁 109-118
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	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 Korkmaz S, Cevik B, Karanfil A, Onder S, Ohshima K.	4. 巻 156
2. 論文標題 The phylogenetic relationships and genetic structure of populationsof Turnip mosaic virus in Turkey.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 European Journal of Plant Pathology	6. 最初と最後の頁 559-569
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10658-019-01905-w	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 Gibbs AJ, Hajizadeh M, Ohshima K, Jones RAC	4. 巻 12(2)
2. 論文標題 The potyviruses: An evolutionary synthesis is emerging	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 132
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/v12020132 - 22	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 Adachi Shuhei, Honma Tomoki, Yasaka Ryosuke, Ohshima Kazusato, Tokuda Makoto	4. 巻 13
2. 論文標題 Effects of infection by Turnip mosaic virus on the population growth of generalist and specialist aphid vectors on turnip plants	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0200784
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0200784	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 Laina JA, Matsumoto K, Setoyama T, Kawano S, Ohshima K.	4. 巻 未定
2. 論文標題 Pepper veinal mottle virus in Japan is closely related to isolates from other Asian countries, but more distantly to most of those from Africa.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Virus Genes	6. 最初と最後の頁 in press
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11262-019-01656-0	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 -

〔学会発表〕 計10件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 川久保修佑・大島一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルス日本産分離株の組換え年代推定
3. 学会等名 日本植物病理学会九州部会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石橋璃可子・大島一里
2. 発表標題 カリフラワーモザイクウイルス Bari 1 分離株の全ゲノム構造
3. 学会等名 日本植物病理学会九州部会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 川久保修佑・大島一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルスはかつての交易路を辿って拡散してきた
3. 学会等名 日本植物病理学会本大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 石橋璃可子・大島一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルスの地球規模でのゲノム型パターン
3. 学会等名 日本植物病理学会本大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 川久保 修佑・大島 一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルスの連続空間における継時的拡散速度解析
3. 学会等名 日本植物病理学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石橋璃可子・川久保修佑・大島一里
2. 発表標題 ポティウイルス外被タンパク質遺伝子配列の拡散経路解析における可能性：カブモザイクウイルスを例として
3. 学会等名 日本植物病理学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 川久保修佑・大島一里
2. 発表標題 分子系統と分岐年代解析法
3. 学会等名 日本植物病理学会植物感染生理談話会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 松岡弘記・富高保弘・大島一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルス日本集団の組換え型
3. 学会等名 日本植物病理学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 川久保修佑・大島一里
2. 発表標題 カブモザイクウイルスの進化速度推定
3. 学会等名 日本植物病理学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 平野優徳・松岡弘記・大島一里
2. 発表標題 東アジア諸国におけるカブモザイクウイルスの組換え体について
3. 学会等名 日本植物病理学会九州部会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>植物ウイルス病制御学分野 https://www.ag.saga-u.ac.jp/main/67.html 植物ウイルス病制御学研究室（大島一里研究室） http://plantvirology.ag.saga-u.ac.jp/ 植物ウイルス病制御学研究室（大島一里研究室）のホームページで公表論文 http://plantvirology.ag.saga-u.ac.jp/sub3.html 佐賀大学農学部植物ウイルス病制御学ホームページ http://plantvirology.ag.saga-u.ac.jp/ 佐賀大学教員活動データベース http://research.dl.saga-u.ac.jp/profile/ja.d9e4832763b5fa2d59c123490551be02.html</p>

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
--	---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------