

平成 21 年 6 月 29 日現在

研究種目：若手研究 (B)
 研究期間：2007 ～ 2008
 課題番号：19780033
 研究課題名 (和文) オオムギ縞萎縮ウイルスの病原性決定ウイルス因子の解明と抵抗性品種選抜法の迅速化
 研究課題名 (英文) Analyses of pathogenicity-related factors of *Barley yellow mosaic virus* and establishment of method for rapid selection of virus-resistant cultivar.
 研究代表者 西川 尚志 (NISHIGAWA HISASHI)
 宇都宮大学・バイオサイエンス教育研究センター・助教
 研究者番号：60361614

研究成果の概要：日本に発生するオオムギ縞萎縮ウイルスの全系統の全塩基配列を決定し、系統解析、病原性決定ウイルス因子の解析、抵抗性品種選抜法の迅速化に向けた解析を行った。

交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2007 年度	1,700,000	0	1,700,000
2008 年度	1,500,000	450,000	1,950,000
年度			
年度			
年度			
総計	3,200,000	450,000	3,650,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・植物病理学

キーワード：BaYMV ビール麦 VPg

1. 研究開始当初の背景

オオムギ縞萎縮ウイルス (*Barley yellow mosaic virus*, BaYMV) は大麦に感染して収量と品質に甚大な影響を及ぼしている。また、根に絶対寄生する菌 (*Polymyxa graminis*) によって媒介される。休眠胞子は根に大量に作られ 10 年以上も安定して存在するため、いったん病気が発生するとその圃場を土壤消毒により無毒化することは不可能である。そのため、現在最も適切な防除法は BaYMV 抵抗性品種の作出に限られている。しかし、BaYMV 抵抗性品種の抵抗性遺伝子の実体が不明であることや、抵抗性品種の選抜には交配で得られた多くの個体を実際の発生圃場に植えて発病するかどうかを観察するしかない。すなわち、1 年に 1 回しか接種試験が

出来ないため、BaYMV 抵抗性品種の育種には時間がかかるのが現状である。

ビール麦の生産高が日本一の栃木県では、以前より BaYMV 抵抗性品種がいくつも育種・導入されてきたが、その 4 割を占めているミカモゴールドンに対して抵抗性を打破する新たな BaYMV 系統が出現する等、今後発生地域の拡大が懸念されている。また、BaYMV は病原性の違いから現在 4 つの系統に分類されているが、変異や組換えなどにより新たなウイルスが出現する可能性があり、その対策も大きな課題となっている。

2. 研究の目的

まず BaYMV 各系統の感染性全長 cDNA クロ

ーンを構築し、確実な BaYMV 接種法を確立する。これに基づき各 BaYMV 系統の病原性決定因子の解明と、BaYMV 系統簡易識別法の開発、および抵抗性遺伝子検出用 DNA マーカーを確立することで BaYMV 抵抗性品種選抜を迅速化することを目的とする。

3. 研究の方法

- (1) BaYMV の各系統の塩基配列を決定する
- (2) 系統ごとの感染性クローンの作出とビール麦への接種（感染）実験系の確立
- (3) 病原性決定因子の探索
- (4) 簡易診断法の確立

4. 研究成果

(1) BaYMV各系統の塩基配列の決定
まず、ビール麦の各品種の感染植物より全RNAを抽出し、cDNAを合成した。さらに、5' RACE法およびデータベースに登録されている他のBaYMVのゲノム情報よりPCR用プライマーを設計し、クローニングした。その後それらをシーケンスすることでゲノムの全塩基配列を決定した。このことから、本研究により日本で発生する4系統全ての全塩基配列が決定されたことになり、系統間の比較解析が可能となった。

CPのアミノ酸配列とVPgのアミノ酸配列を用いて系統解析を行ったところ、CPよりもVPgの方が変異が大きいこと、日本のII型と韓国系統は近いこと、I型は中国系統と近いことなどが明らかとなった（図）。

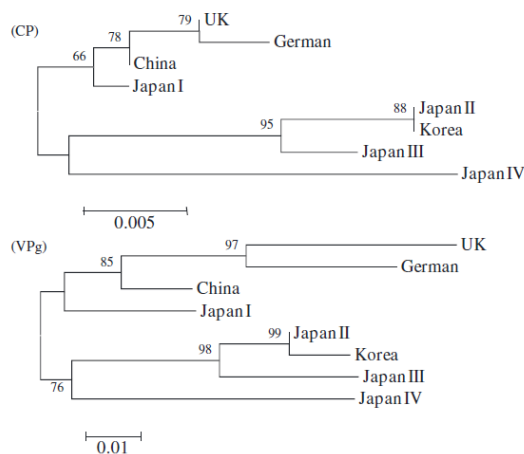


図 CPとVPgのアミノ酸配列を用いた系統樹

(2) 病徴決定因子の解析

近年発生が報告されている新たな系統（V型）の全塩基配列を決定し、病徴決定因子のひとつと考えられるVPg遺伝子の塩基配列を元にした系統識別法を開発した。

(3) 抵抗性遺伝子検出用DNAマーカーの構築
現在、ビール麦の各品種の感染植物よりウイ

ルス抵抗性遺伝子のクローニングとシーケンスを進めている。また、VPgとの相互作用の確認のための実験系も確立中である。

5. 主な発表論文等

（研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線）

〔雑誌論文〕（計 1 件）

- ① Nishigawa, H., Hagiwara, T., Yumoto, M., Sotome, T., Kato, T. and Natsuaki, T. Molecular phylogenetic analysis of Barley yellow mosaic virus. *Archives of Virology* 153 1783-1786 (2008) 査読有

〔学会発表〕（計 4 件）

- ① 萩原智美・湯本真理・西川尚志・五月女敏範・加藤常夫・夏秋知英 オオムギ縮萎縮ウイルスにおける分子系統解析 平成 19 年度日本植物病理学会関東部会 2007 年 9 月 14 日 東京農業大学農学部（厚木キャンパス）

- ② 西川尚志・萩原智美・湯本真理・五月女敏範・加藤常夫・夏秋知英 オオムギ縮萎縮ウイルスの系統と VPg の変異 平成 20 年度日本植物病理学会大会 2008 年 4 月 27 日 島根県松江市くにびきメッセ

- ③ 湯本真理・萩原智美・西川尚志・五月女敏範・加藤常夫・夏秋知英 オオムギ縮萎縮ウイルスの系統判別法の確立 平成 20 年度日本植物病理学会大会 2008 年 4 月 27 日 島根県松江市くにびきメッセ

- ④ Nishigawa, H., Hagiwara, T., Yumoto, M., Sotome, T., Kato, T. and Natsuaki, T. Molecular Phylogenetic Analysis of Japanese Strains of Barley yellow mosaic virus 7th Symposium of the International Working Group on Plant Viruses with Fungal Vectors 2008 年 9 月 2 日 ドイツ・Quedlinburg

6. 研究組織

(1) 研究代表者

西川 尚志 (NISHIGAWA HISASHI)

宇都宮大学・バイオサイエンス教育研究センター・助教

研究者番号：60361614