

園芸作物に感染するウィロイドの生物学的特性に関する研究

松下陽介（農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門）

yousuken@affrc.go.jp

はじめに

ウィロイドは一本鎖環状 RNA からなる最小の植物病原体である。その中でポスピウロイド属のウィロイドは野菜・花きで病害を引き起こす。その代表種であるジャガイモやせいもウィロイド (PSTVd) は植物防疫法で検疫有害動植物に指定され国際的にも重要視されている要警戒病害体である。PSTVd をはじめとするこれらのウィロイドは国際貿易の発展による感染種子や無病徴感染苗の移動に伴い世界各地で発生し、植物検疫や種苗業界において重大なリスクとなっている。

我が国初の検疫有害ウィロイドの発生発見及び終息への貢献

2006 年、PSTVd の近縁種であるトマト黄化萎縮ウィロイド (TCDVd) が国内で初めて発生したことを発見した¹⁾。1 万本以上のトマトの苗への被害が確認されたため、農林水産省の要請に応じ緊急対策事業を実施した。その結果、①TCDVd がナス科・キク科に広く無病徴感染し野生ナス科雑草にも感染すること、②非常に強力な耐熱性を保持することを明らかにした²⁾。これらの成果に基づき国が感染株・周辺雑草等の徹底的な処分を行った結果、当地における TCDVd の終息に成功するとともに、本成果を基に TCDVd 総合対策マニュアルを策定・公表した。また、PSTVd は、TCDVd と近縁種であることから一般の PCR での種の区別が困難である。そこで両者を一度に検出・同定できる系を開発した。本法を用いて圃場検定を実施したところ、2009 年、福島県のトマトから国内初となる PSTVd を発見した³⁾。

植物防疫法施行規則の改正への貢献

PSTVd の発見を受けて植物防疫制度の見直しが急務となり、農林水産省の要請に基づき、国内未発生のポスピウロイド等 4 種 (PSTVd、TCDVd、トマトアピカルスタントウィロイド、コルムネアラテントウィロイド) の侵入リスクの科学的根拠を調査した。その結果、これらのウィロイドは①ナス科・キク科の野菜花きに広く感染すること、②ナス科で高率に種子伝染することを明らかにした⁴⁾。特に、種子伝染に関しては、輸入量の多い植物種において、これらのウィロイドの種子伝染が認められた。これらの成果を基に、農林水産省は植物防疫法施行規則を改正し、輸入検疫に係る植物防疫制度が強化された（平成 26 年 2 月 24 日農林水産省令第十二号[規則第 231 次改正]）。

ポスピウイルスの種子伝染機構解明に基づく検疫体制強化への貢献

ポスピウイルスを防除するためにはその伝染機構の解明が必須だが、主な侵入経路が種子伝染であることが知られているのみであり、その伝染機構についての知見はなかった。そこでウイルスの伝染機構を調査し、世界で初めて種子伝染機構および花粉を通じた水平伝染の機構を明らかにした。PSTVd は①分裂組織に侵入すること、②卵や花粉の形成時には感染が完了すること、③感染した卵等から発生した胚に感染することで種子伝染することが判明し、種子検査に必要な種子の汚染領域も明らかにした⁵⁻⁹⁾。また、汚染花粉を通じてウイルスが水平伝染する機構を初めて明らかにした¹⁰⁾。これらの成果は植物防疫における種苗検査体制の強化に貢献した。さらに汚染種子からこれらウイルスを同時診断可能な系を開発した¹¹⁾。この系は国内の植物防疫所に配備・活用され、ウイルスの国内再侵入の阻止に貢献している。

以上、本成果は PSTVd 等ウイルスの生物学的特性を明らかにすることを通じて、国内植物防疫および国内外の種苗業界の種苗検査制度の強化に貢献した。

残された課題と今後の展望について

本研究によって、高率に種子伝染するウイルスは花芽発達の早い段階で卵や花粉に感染し、胚珠内部に到達していることが判明したが、一方で、種子伝染しないウイルスがなぜこれらの生殖組織に感染することができないのか、その機構解明は今後の課題である。それらが明らかになれば種子伝染を阻害させる技術の開発または、育種課題の1つになると考えられる。

栽培現場におけるウイルスの発生要因の1つは種子伝染であるが、それとは別に、潜伏中の感染個体から感染拡大するリスクが存在する。園芸作物において、ウイルスは感染してから発病するまでの潜伏期間が長く、宿主植物種によっては、発病まで1年～数年を要する例があり、栄養繁殖体の場合、その潜在感染個体の増殖によってウイルスが各地へ伝播する危険性がある。このようにウイルスが長期間潜伏する理由やそれが増殖するきっかけとなる因子は不明である。これは健全種苗の生産と輸入検疫に関わる問題であり、今後明らかにする必要がある。

ウイルスは一本鎖環状 RNA のみで構成されており、その RNA はタンパクをコードしない、non-coding RNA (ncRNA) である。近年、次世代シーケンサーを用いた解析によって様々な環状 ncRNA が発見され、細胞内で機能的に働いているものも報告されている。今後はこのような ncRNA と宿主細胞との関係性が明らかになることで、ウイルスの研究も進むかもしれない。一方で、数ある ncRNA の中でも、ウイルスは自律複製能を獲得し、他の個体への伝染能まで有している存在は特異的であり、どのような DNA または RNA から進化した結果の産物であるのか、ウイルスの起源については興味深い問題である。また、その進化過程を知ることは、今後のウイルスの変異リ

スクについて知るための知見となり、新たな変異体の発生予測と侵入リスクを知る上で植物防疫上、重要な視点と思われる。今後は AI 技術の利用によってそのような予測・評価も可能になるかもしれない。

謝辞

本賞の受賞にあたっては、日本植物病理学会および農業・食品産業技術総合研究機構野菜花き研究部門からのご推薦をいただきました。久保康之会長をはじめ学会関係者の先生方、坂田好輝部門長をはじめ野菜花き研究部門の関係者の方々に厚く御礼申し上げます。本研究は農研機構・野菜花き研究部門および中央農業研究センターにおいて、津田新哉博士（現、法政大学）、宇杉富雄博士のご指導および柳澤広宣博士（中央農研）のご協力により実施されたものです。また、関連事業の推進にあたりご協力いただいた農林水産省植物防疫課および植物防疫所、広島県の皆様にこの場を借りて厚くお礼を申し上げます。

引用文献

- 1) Matsushita Y., Usugi T. and Tsuda S.: J Gen Plant Pathol 74: 182-184 (2008).
- 2) Matsushita Y., Usugi T. and Tsuda S.: Eur J Plant Pathol 124: 349-352 (2009).
- 3) Matsushita Y., Usugi T. and Tsuda S.: Eur J Plant Pathol 128: 165-170 (2010).
- 4) Matsushita Y. and Tsuda S.: Eur J Plant Pathol 141: 193-197 (2015).
- 5) Matsushita Y., Usugi T. and Tsuda S.: Eur J Plant Pathol 130: 441-447 (2011).
- 6) Matsushita Y. and Tsuda S.: Phytopathology 104: 964-969 (2014).
- 7) Matsushita Y. and Tsuda S.: Eur J Plant Pathol 145: 1007-1011 (2016).
- 8) Yanagisawa H. and Matsushita Y.: Eur J Plant Pathol 149:211-217 (2017).
- 9) Matsushita Y. and Yanagisawa H.: Virus Genes 54: 124-129 (2018).
- 10) Yanagisawa H. and Matsushita Y.: Virology 516:258-264 (2018).
- 11) Yanagisawa H., Shiki Y., Matsushita Y. et al.: Eur J Plant Pathol 149:11-23(2017).