

学 位 論 文 要 旨	
氏 名	八坂 亮祐
題 目	アブラナ科ウイルスの時間尺度と拡散経路に関する研究 (Study on the timescales and migration routes of the viruses infecting Brassicaceae plants)
<p>動物ウイルスのインフルエンザウイルスやエイズウイルスなどでは、将来のワクチン生産に不可欠であるため、時間尺度や拡散経路に関する研究が精力的に研究されている。一方植物ウイルスではウイルス病防除そして抵抗性植物の育成にこのような研究が必要であるが、1 本鎖 DNA のジェミニウイルス科のウイルス種などに研究が限られている。そこで本研究では、未だ研究の進展していないアブラナ科植物に感染する約 8kb の 2 本鎖 DNA を持つカリフラワーモザイクウイルス (CaMV) と約 9.8kb の 1 本鎖 RNA を持つカブモザイクモザイクウイルス (TuMV) を取り上げ、両ウイルスの時間尺度と拡散経路について解析した。</p> <p>CaMV については、ギリシャ、イラン、トルコおよび日本から 67 分離株を採集し全ゲノム構造を決定後、国際塩基配列データベースに登録されている 9 分離株の塩基配列と合わせた 76 分離株を用いて分子進化的に解析した。多くの CaMV ゲノムに組換え部位が認められたため、組換え体を除き CaMV 集団の進化速度、時間尺度および系統地理学的なパターンを推定した。オープンリーディングフレーム (ORFs) I-V と ORF VI 領域の分子進化的な比較から、両領域は異なる進化的な歴史を持っていたことが明らかになり、分子系統解析から本ウイルス集団は地理的隔離により分化した 4 グループが存在することが認められた。また ORFs I-V および ORF VI 領域の塩基置換速度はそれぞれ 1.71 および 5.81×10^{-4} 塩基/部位/年と算出された。この値を基に CaMV 集団の時間尺度を推定すると、共通祖先と考えられる集団から約 400-500 年前に分岐し、現在のユーラシア大陸諸国に広く拡がっていると思われた。また系統地理学的解析から、トルコとその近隣諸国、また日本およびアメリカ間においても遺伝子流動が起きていることが明らかとなった。</p> <p>TuMV については、オーストラリアおよびニュージーランドから 32 分離株を採集し全ゲノム構造を決定後、国際塩基配列データベースに登録されている 197 分離株の塩基配列と合わせた 229 分離株について解析した。多くの TuMV ゲノム中に組換え部位が認められたため、組換え部位の少ない 3 遺伝子 (HC-Pro*, P3* および NIb*) 領域を用いて分子進化的解析を行った。両国分離株の組換え解析から、本研究では新たに 11 組換え体型が認められ、そのうち 1 組換え体型は両国間で共通していたが、両国の遺伝集団は異なっており、またヨーロッパやアジア諸国の集団とも異なっていた。ベイズ合祖理論に基づいて解析した結果、HC-Pro*, P3* および NIb* 遺伝子領域の塩基置換速度はそれぞれ、1.47, 1.35, 1.30×10^{-4} 塩基/部位/年と算出され、約 80 年以降にヨーロッパから両国に侵入し、basal-B2 分子系統サブグループは world-B2 や world-B3 サブグループよりも以前に両国へと侵入してきたと思われた。</p> <p>以上の結果から、本研究は、アブラナ科植物に感染する CaMV と TuMV の時間尺度と拡散経路を初めて明らかにし、両ウイルスゲノムは似た進化速度を持つこと、また両ウイルスは農業の発展の歴史や人類の移動に関係して進化してきたことを明らかにした。</p>	