

学 位 論 文 要 旨	
氏 名	Huy Duc Nguyen
題 目	カブモザイクウイルスの空間的・時間的進化に関する研究 (Studies on the spatial and temporal evolution of <i>Turnip mosaic virus</i>)
<p>空間的・時間的進化の研究が幾つかの動物及び植物ウイルスで報告されてきているが、ポティウイルスについての情報はほとんどなかった。カブモザイクウイルス (TuMV) はポティウイルス科ポティウイルス属に分類され、アブラナ科農作物に感染する代表的なウイルス種であり、世界中に広く分布し甚大な被害を与えている。本研究では TuMV 集団の空間的・時間的進化について検討した。</p> <p>ベトナム産 30 分離株さらに世界中から採集した 105 分離株を使用して TuMV の空間的進化を解析した。ベトナム産分離株を 2006 年から 2008 年にかけてアブラナ属とダイコン属植物から採集した。それら分離株の全塩基配列を決定後、ポリタンパク質コード領域、さらに組換え部位がないと考えられた 4 タンパク質コード領域 [ヘルパー成分プロテアーゼタンパク質 (HC-Pro), 第 3 タンパク質 (P3), 核内封入体 b タンパク質 (NIb) および 外被タンパク質 (CP)] の塩基配列を用いて、系統学的及び集団遺伝学的解析を行った。またベトナムサブ集団と中国や日本サブ集団間の分化や違いについても調査した。その結果、ベトナム産分離株では 9 種のグループ間およびグループ内組換え体型が同定され、その中で 7 組換え体型は本研究で新たに発見された。非組換え体であるベトナム産分離株は全て world-B ゲノム型グループに属し、中国産分離株とクラスターを形成した。遺伝的分化と遺伝子流動の解析から、ベトナム、中国と日本産集団は遺伝的に関連しているが、部分的に創始者効果が認められることも明らかとなった。以上の結果は、東南アジアにおける TuMV の最初の集団遺伝学的研究である。</p> <p>1968 年から 2007 年にかけて、主に世界中のアブラナ科植物から 155 分離株を採集し、TuMV の時間的進化を解析した。アブラナ科植物に感染する系統 (TuMV-BIs) の姉妹系統 (TuMV-OM) をヨーロッパの野生のラン植物から同定した。TuMV-OM 系統について宿主範囲を詳細に調査すると、TuMV-OM 系統の全分離株は生物学的に近い関係であったが、アブラナ科植物へは余り感染せず、TuMV-BI 系統とは明らかに異なる系統と思われた。本研究で解析した新規の塩基配列に既報の塩基配列を加え、3 タンパク質コード領域 (HC-Pro, P3 及び NIb) を用いてベイズ法により時間的進化の解析を行った。年代推定の結果、TuMV-BI 系統は TuMV-OM 系統から約 1000 年前に分岐したことを示唆する結果が得られ、そのわずか 150 年後に現在世界中に拡散している TuMV-BI 系統の 4 ゲノム型グループ (basal-B, basal-BR, Asian-BR 及び world-B) に分岐したと考えられた。以上の結果は、西ヨーロッパにおける農業の拡散の歴史と一致している。</p>	