令和４年度　植物防疫専攻者への育英費の支給

左　ショウテイ（東京農業大学大学院農学研究科博士前期課程・指導教員：岩波　徹）
『温州萎縮近縁ウイルスの系統分類及び精密な同定方法の確立に向けたゲッキツの葉緑体ゲノムの解析』

中村　奈輔（新潟大学大学院自然科学研究科博士前期課程・指導教員：湊　菜未）
『鑑賞ユリに壊疽病徴を引き起こす植物ウイルス抵抗性機構の解明』

齊藤　光（鳥取大学大学院持続性社会創生科学研究科博士前期課程・指導教員：上中　弘典）
『アーバスキュラー菌根菌の感染による植物の病害抵抗性誘導メカニズムの解明』

南　斗真（宮崎大学大学院農学研究科修士課程・指導教員：安達　鉄矢）
『タバコカスミカメの共生細菌が宿主におよぼす影響の解明』

温州萎縮近縁ウイルスの系統分類及び精密な同定方法の確立に向けたゲッキツの葉緑体ゲノムの解析

東京農業大学大学院農学研究科
農学専攻博士前期課程２年
左　ショウテイ

温州萎縮ウイルス(satsuma dwarf virus, SDV)は，ウンシュウミカンの葉を萎縮させ，樹勢を低下させて深刻な被害をもたらしている．SDVの近縁ウイルスとして，カンキツモザイクウイルス（citrus mosaic virus, CiMV)，ナツカン萎縮ウイルス（Natsudaidai dwarf virus, NDV)，ネーブル斑葉モザイクウイルス(navel orange infectious mottling virus, NIMV)などが知られている．本研究ではこれまで未知であったNIMV日本株とNDVのRNA1の塩基配列を次世代シークエンサーを用いて決定し，データベースに登録されている既報のSDV, CiMV及びNIMV中国株を用いて系統解析を行った．その結果，NDVはCiMVに近縁で，NIMVはSDVやCiMVとはやや遠縁のウイルスであることが示された．

一方，カンキツグリーニング病の病原細菌を媒介するミカンキジラミの宿主植物であるゲッキツは，近縁植物のナガミゲッキツ（ミカンキジラミの宿主植物かどうか不明）との形態的な識別が困難であったので，精密なDNA鑑定方法の確立に向けたゲッキツの葉緑体ゲノムの解析を行った．その結果，日本産ゲッキツの９樹について，約160 kbpの全塩基配列が決定され，日本のゲッキツを精密にDNA鑑定する基盤が構築された．また，ゲノム中 30 か所で個体変異が認められ，ゲッキツには形態学的な違いがほとんどないものの，DNAレベルでは種内遺伝的変異があり，そのような遺伝的に変化するゲッキツ樹が日本に広く分布していることが判明した．

鑑賞ユリに壊疽病徴を引き起こす植物ウイルス抵抗性機構の解明

新潟大学大学院 博士前期課程 1 年 中村奈輔

鑑賞ユリに壊疽病を引き起こすオオバコモザイクウイルス（PlAMV）は野草が自然宿主となっている場合が多く、宿主特異性の変化によって野草からユリへのホストジャンプが起きた可能性が考えられている。これまでに、タチツボスミレから分離された PlAMV-Vi 分離株はベンサミアナタバコにほとんど無病徴で全身感染し、シロイヌナズナ Col-0 系統には全身感染しないことが示されている。しかし、Vi 分離株に対する抵抗性機構は未解明であった。そこで、本研究ではベンサミアナタバコを用いて PlAMV Vi 分離株を元に構築された外被タンパク質と融合して GFP を発現するウイルスベクター（$\mathrm{PlAMV\text{-}Vi_{GFP}}$）の継代接種を行い病原性の変化を解析するとともに、Col-0 系統が持つ $\mathrm{PlAMV\text{-}Vi_{GFP}}$ 抵抗性メカニズム解明の足掛かりとして、感受性系統の探索を行った。

まず、植物ウイルスが同種の宿主植物での長期感染が宿主適応に及ぼす影響を調べるため、ベンサミアナタバコを用いて $\mathrm{PlAMV\text{-}Vi_{GFP}}$ を継代接種し病原性の変化およびウイルス蓄積量を調査した。その結果、継代 5 代目において出現した縮葉病徴を呈するウイルスおよび明らかな病徴が観察されなかった継代 14 代目のウイルスは、継代前と比較して約 1-2 週間早く非接種上葉へ移行・全身感染し、ウイルス蓄積量が有意に増加した。このことから、PlAMV においては無病徴感染性ウイルスの継代感染が病原性の激化および宿主適応に寄与する可能性が示唆された。続いて Col-0 系統が持つ $\mathrm{PlAMV\text{-}Vi_{GFP}}$ 抵抗性に関わる領域特定の足掛かりとして、シロイヌナズナ野生系統を用いて感受性系統のスクリーニングを行ったところ、感受性候補系統が見出された。これまで植物病原体の宿主特異性は植物および病原体の種依存的であると考えられてきたが、本研究によって植物およびウイルスの種内変異によって宿主特異性が影響を受ける一例が示唆された。今後、Col-0 系統が持つ抵抗性に関わる領域の絞り込みに向けて研究を進めていきたい。

アーバスキュラー菌根菌の感染による植物の病害抵抗性誘導メカニズムの解明

鳥取大学 大学院持続性社会創生科学研究科
農学専攻 博士前期課程 1 年
齊藤 光

アーバスキュラー菌根（AM）菌は陸生植物の約 7 割の植物と相利共生を行う有益糸状菌の一種であり、植物に対して必須栄養素であるリンを供給します。その作用から AM 菌は、農業において土壌中のリン酸供給能を改善する目的で使用できるため、政令指定土壌改良資材として指定されており、その効能は広く認められています。また、AM 菌は植物に感染し、共生することで植物の病害抵抗性を誘導することも判明しています。しかしながらそのメカニズムについては不明な部分が多いため、AM 菌を用いた病害防除技術の実用化には課題が残されています。そこで私は、AM 菌を利用した植物の病害防除技術の確立を最終目標として、AM 菌の感染による植物の病害抵抗性誘導メカニズムを解明すべく、研究に取り組みました。本年度は AM 菌が形成する菌根の形態に着目し、異なる形態の菌根を形成するトマトにおいて誘導される病害抵抗性を調査しました。一般的には植物が AM の形態を規定していますが、トマトは例外的に異なる AM 菌を接種することでアラム型もしくはパリス型の菌根を根で形成することができます。具体的には、それぞれの形態型を示す菌根を形成したトマトの比較トランスクリプトーム解析を実施しました。その結果、パリス型の菌根を形成したトマトでのみ病害抵抗性に関わる遺伝子群の発現量が有意に増加することが明らかとなりました。そのため、パリス型の菌根を形成できる AM 菌を接種することで、トマトでは根圏の病原菌に対する抵抗性が向上すると期待されます。今後はトマトに感染する病原菌の接種試験を行うことでその検証を行うことで、新たな植物の病害防除技術の確立に貢献できる基盤的な知見を得たいと考えております。

タバコカスミカメの共生細菌が宿主におよぼす影響の解明

宮崎大学農学研究科植物生産環境科学コース修士２年
南 斗真

タバコカスミカメ *Nesidiocoris tenuis* (Reuter)は，カメムシ目カスミカメムシ科に属する雑食性カメムシであり，コナジラミ類やアザミウマ類などの微小害虫に対する捕食性天敵として利用されている．多くの昆虫には共生細菌が感染しており，生存や繁殖能力，食性などのさまざまな性質に対して多大な影響を及ぼす．イスラエルのタバコカスミカメにはリケッチア *Rickettsia* とボルバキア *Wolbachia* が感染していることが知られているが，日本のタバコカスミカメの共生細菌叢は明らかになっていない．そこで，日本のタバコカスミカメの共生細菌叢および細菌の感染状況，本種に及ぼす影響を調査した．アンプリコン解析の結果，日本のタバコカスミカメにはリケッチアおよびボルバキア，スピロプラズマなどが感染していることが分かった．リケッチアの感染率が最も高く，感染系統と非感染系統を用いた室内実験の結果からリケッチアはタバコカスミカメの「熱耐性」および「植物質餌の利用」に関与している可能性が示唆された．