

# 我が国に分布するコムギ縞萎縮ウイルスのゲノム配列から見た多様性

農研機構 北海道農業研究センター おおき木 たけひろ 健 広

## はじめに

小麦の自給率は10%台で推移しているが、めん用小麦‘きたはなみ’や超強力小麦‘ゆめちから’等特色のある品質の良い小麦品種が開発され、さらなる自給率向上に向け安定生産の努力が続けられている。小麦の安定生産を阻害する要因はいろいろあげられるが、土壤伝染性ウイルス病の発生もその一つである。近年、小麦の主産地である北海道においても、小麦の過作化などにより、土壤伝染性ウイルス病の一つであるコムギ縞萎縮病の発生が目立つようになった。‘ゆめちから’は強い縞萎縮病抵抗性を示すため、縞萎縮病対策としても期待される一方、‘ゆめちから’の抵抗性はウイルスの感染を完全に防ぐものではなく、気象条件などによっては発病する場合もある(大木・眞岡, 2014)。ウイルス抵抗性の詳しい仕組みがわからない状況で、抵抗性品種のみに頼ったウイルス防除は抵抗性を打破する新系統のウイルスの発生を助長しかねない。そこで、筆者らは、小麦のウイルス抵抗性の作用機作を明らかにすることを最終目標に、まずウイルス側の病原性にかかわる因子を明らかにするため、日本各地から採集したコムギ縞萎縮ウイルス(*Wheat yellow mosaic virus*: WYMV)のゲノム配列の解析を行った。その結果、日本におけるWYMVの遺伝的多様性の一端が明らかとなったので、本稿でご紹介したい。

## I コムギ縞萎縮ウイルスの発生状況

WYMVは、1960年代にコムギ縞萎縮病の病原ウイルスとして報告されて以降、日本各地で発生している。世界的には、中国と日本のみで発生が報告されている。WYMVは、小麦において、著しい株の萎縮や葉の黄化等の症状を引き起こし、収量の減少をもたらす。WYMVは、土壤中に存在するネコブカビ類 *Polymyxa graminis* によって媒介されるが、*P. graminis* の感染適温は13~15℃と考えられるため、秋まき小麦の場合、播種後1~1か月半の間にWYMVが媒介されると考えら

れる(大藤, 2005)。その後、冬期に少しずつウイルスが増殖し、春先に発病する(大藤, 2005)。

北海道においても、1994年に発生が確認されて以降、抵抗性「弱」コムギ品種‘ホクシン’の作付けの拡大や連作の増加等の理由により、発生地域が全道に拡大している(堀田ら, 2011)。媒介生物である *P. graminis* は耐久性のある休眠胞子塊を作り、体内にウイルスを取り込んだまま、長期間土壤中に残存する。そのため、一度WYMVが発生すると根絶は難しく、輪作によっても抑えることができない。土壤くん蒸剤の使用は、一定の防除効果が認められるがコスト・労力的に現実的ではなく、晩種などの耕種的方法是初期生育が確保できないなど問題がある。そのため、抵抗性品種の利用が唯一有効な防除手段と考えられ、近年、WYMVに対する抵抗性遺伝子のゲノムマッピングが精力的に行われている(Nishiro et al., 2010; Zhu et al., 2012; Kojima et al., 2015; Suzuki et al., 2015)。

## II 日本各地から採集したWYMVの病原型とゲノム配列の解析

WYMVは、I~III型の病原型に分かれる複数の系統が存在することが報告されている(大藤, 2006)。病原型の判別は、検定品種として‘フクホコムギ’、‘ナンプコムギ’、‘北海240号’の3品種を用い、葉にWYMVを接種し、感染性の違いで判別する。I型は‘フクホコムギ’と‘ナンプコムギ’、II型は‘ナンプコムギ’、III型は3品種ともに感染する。今回、日本各地からWYMVを14株採集し、改めて上記3品種に接種したところ、以前の結果と同じく病原型I~IIIに分かれた(図-1)。また、その分布には地域性が見られ、北日本にはII型、関東以南にはI型、九州地方にはIII型のWYMVが存在しており、以前の調査時点から病原型の地域的な分布は変化していなかった(図-1)。

次に、病原型を決めているウイルス側の要因、すなわち病原型に関与するウイルスゲノム配列のアミノ酸残基を明らかにするため、各株の全ゲノム配列を決定し、アミノ酸配列を比較した(Ohki et al., 2014)。WYMVは、*Potyviridae* 科 *Bymovirus* 属ウイルスで、約7,600塩基のRNA1ゲノム、約3,600塩基のRNA2ゲノムの2文節ゲ

Diversity of Genomic Sequence of *Wheat yellow mosaic virus* in Japan. By Takehiro Ohki

(キーワード: コムギ縞萎縮ウイルス, ゲノム配列, 遺伝子型)