

## 植物防疫基礎講座：植物ウイルスの分類学(4)

サドワウイルス属 (*Sadwavirus*)

果樹研究所 <sup>いわ</sup>岩 <sup>なみ</sup>波 <sup>とおる</sup>徹

## はじめに

コモウイルス科ネポウイルス属は、直径約 25 ~ 30 nm の小球形状のウイルス粒子をもち、線虫によって伝搬されると考えられているウイルス種から構成される。あるウイルス種が本属に帰属するかの重要な基準は、線虫伝搬性、種子伝染性、ウイルス粒子形状、細胞内所見等に加えて、宿主範囲が広いこと、多くの場合感染植物で症状の回復が観察されること、1成分で分子量約 55,000 ダルトンの外被タンパク質をもつことである。この中で線虫伝搬性に関しては、厳密に線虫伝搬を証明することは技術的に困難であるため、ネポウイルス(ネマトーダ=線虫)という名前のわりには分類基準として重要視されていない。

日本のカンキツ栽培で問題となる温州萎縮ウイルス (*Satusma dwarf virus*, SDV) は、ウイルスの粒子形状や大きさ、細胞内所見、種子伝染性等からネポウイルス属に近いと考えられてきたが、外被タンパク質が分子量約 48 kDa と約 24 kDa の 2成分から構成されることで、外被タンパク質を一つしかもたないネポウイルス属のメンバーから区別され暫定種とされてきた。SDV と同様に 2成分の外被タンパク質をもつ *Strawberry latent ringspot virus* (SLRSV), *Lucerne Australian symptomless virus* (LASV), *Rubus Chinese seed-borne virus* (RCSV) 等も暫定種とされてきた (BARBARA et al., 1985; REMAH et al., 1986)。しかしながら、近年 SDV や SLRSV の遺伝子構造や塩基配列に関する知見が増大し、系統樹解析なども進んだ結果、SDV を代表種とした *Sadwavirus* (サドワウイルス) 属が提案され、国際ウイルス分類委員会の第 8 次報告に正式な属として記載されることになった (Le GALL et al., 2005)。

## I 特 徴

## 1 理化学的性状

サドワウイルス属には、SDV, SLRSV に加えて

*Strawberry mottle virus* (SMoV) が正式な種として含まれる。SMoV はアブラムシで伝搬され、これまでネポウイルスの暫定種になったことはない。このほかにサドワウイルス属の暫定種として、LASV と RCSV が記載されている。ウイルス粒子は球形状 1 種で直径約 25 ~ 30 nm であり、被膜はもたない。外被タンパク質にゲノムを構成する 2 成分のプラスセンス 1 本鎖 RNA が別々に包まれて、浮遊密度が異なる (1.43 ~ 1.46) 2 成分の粒子を構成している。外被タンパク質は 2 成分で、それぞれ 40 ~ 45 kDa および 21 ~ 29 kDa である。

## 2 遺伝子構造と系統樹解析

サドワウイルス属が属として認識されたのは、独自の遺伝子構造をもつことと、RNA 依存 RNA 複製酵素のアミノ酸配列に基づく系統樹解析で、SDV, SMoV, SLRSV がコモウイルス属やネポウイルス属と区別されることなどが主な理由である (IWANAMI et al., 1999; KARASEV et al., 2001; THOMPSON et al., 2002; TZANETAKIS et al., 2006)。

サドワウイルス属、コモウイルス属、ネポウイルス属のそれぞれの代表種として、SDV, カウピーモザイクウイルス (*Cowpea mosaic virus*, CPMV), トマト輪点ウイルス (*Tomato ringspot Virus*, ToRSV) の遺伝子構造を図-1 に示した。サドワウイルス属の遺伝子構造は、外被タンパク質が 2 成分である点はコモウイルス属に近いが、RNA-2 のサイズはネポウイルス属に近い。また、SDV は RNA-1 と RNA-2 の 5' 末端に約 150 残基の共通するアミノ酸配列をもつが、同様な共通配列はネポウイルス属の ToRSV にも認められている。なお、この共通配列は同じサドワウイルス属の SMV や SLRSV では認められておらず、またネポウイルス属の中でもブドウファンリーフウイルス (*Grapevine fanleaf virus*, GFLV) など本共通配列をもたない。したがって、RNA-1 と RNA-2 の 5' 末端共通アミノ酸配列は分類上あまり重要視されていないといえる。全体的に見て、サドワウイルス属の遺伝子構造は、コモウイルス属とネポウイルス属の中間的な配置になっている (図-1)。

RNA 依存 RNA 複製酵素のアミノ酸配列に基づく系統樹解析では、SDV はコモウイルス属やネポウイルス属およびコモウイルス科のもう一つの属であるファバウイ

Plant Virus Classification. (4) The Genus *Sadwavirus*. By Toru IWANAMI

(キーワード: サドワウイルス属, 温州萎縮ウイルス, カンキツモザイクウイルス)

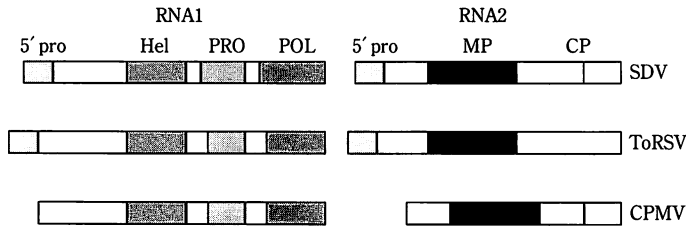


図-1 SDV (サドワウイルス属), ToRSV (ネボウイルス属), CPMV (コモウイルス属) の遺伝子構造の比較

5' pro, Hel, Pro, Pol, MP, CP はそれぞれ 5' 共通タンパク質, NTP 結合ヘリカーゼ, プロテアーゼ, RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ, 細胞間移行関与タンパク質, 外被タンパク質を示す。

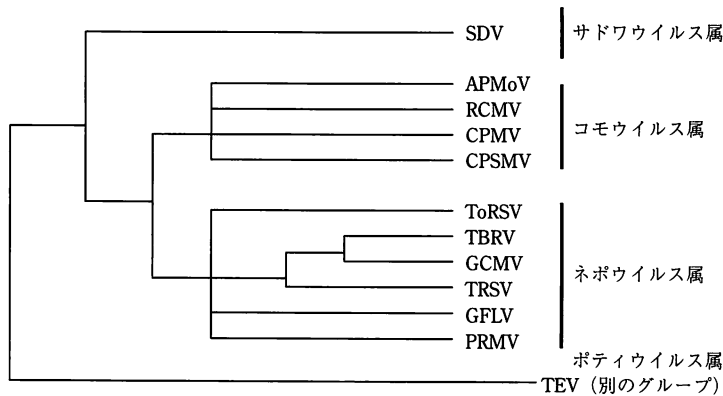


図-2 RNA 依存性 RNA ポリメラーゼの保存領域のアミノ酸配列から作成した系統樹

本系統樹では SMV, SLRSV は含まれていないが, SMV は SDV とクラスターを形成し (THOMPSON et al., 2002), また SLRSV は SDV, SMV とは別の位置に来る (TZANETAKIS et al., 2006)。

ルス属とは離れた位置に来る (図-2)。同様な解析で SMoV は SDV に最も近い位置に来ることが報告された (THOMPSON et al., 2002)。最近では, SLRSV の全塩基配列と遺伝子構造が明らかにされ, 系統樹解析の結果, SDV や SMoV とはやや離れた位置に枝分かれすることが判明している (TZANETAKIS et al., 2006)。なお, サドワウイルス属の暫定種である LASV と RCSV の塩基配列は解読されていないので, 遺伝子構造等は不明である。

### 3 生物学的性状と血清学的性状

SDV と SMoV の自然発生は多くの場合カンキツとイチゴに限られ, SDV では例外的にカンキツ園の防風樹に用いられているサンゴジュ (*Viburnum odoratissimum* var. awabuki, スイカズラ科ガマズミ属) での感染が確認されている。SLRSV はイチゴのほかにブドウ, オリーブ, モモ, ラズベリーなど多くの果樹に自然感染が認められる。LASV はアルファルファでのみ, RCSV はキ

イチゴ類 (種未同定) でのみ自然発生の記録がある。これらのウイルスは実験的には汁液接種で比較的多くの植物に感染する。また, サドワウイルス属のウイルス種および暫定種間では, 血清関係は認められない。

## II SDV 近縁ウイルスの分類的位置

従来, 日本のカンキツ産地では 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), ネーブル斑葉モザイクウイルス (*Navel orange infectious mottling virus*, NIMV), ナツカン萎縮ウイルス (*Natsudaidai dwarf virus*, NDV) の発生が知られていた。これらのウイルスはカンキツの特定品種で独特の症状を引き起こすことで SDV とは区別されるほか, 血清学的性状も若干異なる。CiMV は感染したウンシュウミカン樹の果実にモザイク症状を起こし, NIMV はネーブルオレンジの葉に特徴的な斑紋を生じ, NDV はナ

ツダイダイやラフレモンの葉に萎縮症状を出す。さらに近年ヒュウガナツから SDV, CiMV, NIMV, NDV との アミノ酸配列の相同性が低い Hyuganatsu virus (HV) も報告されている (Iro et al., 2004)。

実際の圃場では、血清学的性状は典型的な CiMV あるいは NIMV, NDV に近いが、ウンシュウミカンの果実にモザイクを出さない、ネーブルオレンジにほとんど症状を出さないなど、カンキツにおける症状は SDV に近い変異系統も多数存在する。これらの変異系統は塩基配列も SDV, CiMV, NIMV, NDV, HV の代表株のいずれとも若干異なる。SDV と SDV, CiMV, NIMV, NDV, HV の間では、アミノ酸配列の相同性は約 80 ~ 90% である (IWANAMI et al., 2001; Iro et al., 2004)。一方、サドワウイルス属内の種の基準としては、ベクターや生物学的性状の差異、血清反応や干渉作用のないことに加えて、大きなほうの外被タンパク質遺伝子、プロテアーゼと RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ領域のアミノ酸配列の相同性が 75% 未満とされた。これにより、CiMV, NIMV, NDV および HV はウイルス種ではなく、SDV の系統として扱われることになった。

### おわりに

サドワウイルス属に分類されたウイルスの中で、SDV と SMOV は系統樹解析で既知のどのウイルスよりも比

較的に近くに位置するが、SMOV がイチゴケナガアブラムシ、ワタアブラムシなどのアブラムシで伝搬されるのに対し、SDV はアブラムシで伝搬される可能性は極めて低いと考えられている。また、SLRSV は系統樹解析で SDV や SMOV とクラスターを形成せずに独自の分岐を示しており、これらのウイルスをひとまとめにするのはやや無理があるように思われる。さらに、暫定種である LASV と RCSV に関しては塩基配列が解読されていないので、系統樹解析で SDV や SMOV に近く位置するかどうかは不明である。今後、系統樹解析と生物的性状の解明が進むと、これらのウイルスはすべて別の属となり、1 属 1 種になってしまう可能性も考えられる。伝統的に暫定ネポウイルスとされてきた一群のウイルスのバランスのとれた分類を目指して、これからもウイルス国際ウイルス分類委員会で活発な議論がされることを期待したい。

### 引用文献

- 1) BARBARA, D. J. et al. (1985) : Ann. Appl. Biol. 107 : 45 ~ 55.
- 2) Iro, T. et al. (2004) : Arch. Virol. 149 : 1459 ~ 1465.
- 3) IWANAMI, T. et al. (1999) : J. Gen. Virol. 80 : 793 ~ 797.
- 4) ——— et al. (2001) : Arch. Virol. 146 : 807 ~ 813.
- 5) KARASEV, A. V. et al. (2001) : Virus Genes 23 : 45 ~ 52.
- 6) Le GALL, O. et al. (2005) : Virus Taxonomy, Elsevier, San Diego, California, p. 799 ~ 802.
- 7) THOMPSON, J. R. et al. (2002) : J. Gen. Virol. 83 : 229 ~ 239.
- 8) TZANETAKIS, I. E. et al. (2006) : Virus Res. 121 : 199 ~ 204.
- 9) REMAH, A. et al. (1986) : Ann. Appl. Biol. 109 : 307 ~ 315.

## 世界におけるいもち病研究の軌跡

—21 世紀の研究発展をめざして—

浅賀宏一・加藤 肇・山田昌雄・吉野嶺一 編 B5 判 261 頁  
定価 9,975 円税込み (本体 9,500 円) 送料 340 円

1971 年以降に世界で発表された稲いもち病の関係論文延べ 6,000 件以上を分類別に収録し、その分野の専門家に研究内容の概論を執筆いただきました。巻末には「日本植物病理学会」のいもち病関係の講演要旨も収録してあります。いもち病研究に不可欠な書です。

お申し込みは直接当協会へ、前金 (現金書留・郵便振替) で申し込むか、お近くの書店でお取り寄せ下さい。

社団法人 日本植物防疫協会 出版情報グループ 〒170-8484 東京都豊島区駒込 1-43-11

郵便振替口座 00110-7-177867 TEL (03)3944-1561 FAX (03)3944-2103 メール: order@jppa.or.jp