



大阪科学・大学記者クラブ 御中

(同時提供先：文部科学記者会、科学記者会、農林記者会、農政クラブ)

2024年5月23日
大阪公立大学

マイコウイルスに感染した植物病原菌は 特定の農薬に弱くなることを明らかに

<ポイント>

- ◇植物病原性のモデル卵菌*1に対するマイコウイルス感染の影響を解析。
- ◇マイコウイルスを活用した、新たな植物病害の防除法開発に期待。

<概要>

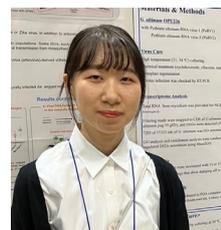
近年、農作物へ被害を及ぼす植物病原菌を含む真菌や卵菌などに感染するマイコウイルスが注目されています。これまで、卵菌の一つであるピシウム菌に感染するマイコウイルスが発見されていましたが、マイコウイルスに感染した際のピシウム菌の状態や遺伝子発現に与える影響は明らかになっていません。

大阪公立大学大学院農学研究科の樋口 愛華大学院生(当時博士前期課程2年)、望月 知史准教授らの研究グループは、マイコウイルスへの感染がモデルピシウム菌 *Globisporangium ultimum* に及ぼす影響を解析しました。その結果、マイコウイルスの一種であるトティウイルス (PuRV2) 感染株と非感染株には遺伝子の発現量に差があり、ウイルス感染株では薬剤耐性に関わる遺伝子群が減少することが分かりました。また、卵菌防除に使用される4種類の農薬への感受性を解析したところ、PuRV2感染株は特定の農薬(メタラキシル)へのみ感受性が高くなることを突き止めました。今後は、他の卵菌での効果の解析を進め、ウイルスを活用した新たな卵菌防除法の開発へ繋がることを期待されます。

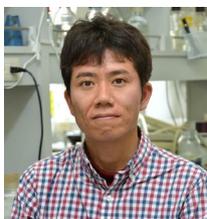
本研究成果は、2024年5月3日に国際学術誌「Microbiological Research」のオンライン速報版に掲載されました。



病原菌の防除において、殺菌剤に対する感受性や耐性は重要な観点です。本研究では、植物病原卵菌へのウイルス感染により、宿主菌の殺菌剤に対する感受性が変化していることが分かりました。先輩から引き継いだ研究で新たな知見が得られたことを嬉しく思うと同時に、近縁種の卵菌に感染するウイルスを用いた今後の研究に期待しています。



樋口 愛華大学院生



望月 知史准教授

本研究により、ウイルス感染の宿主菌へ影響は特定の条件下においてのみ見られる場合があることが分かりました。一見、ウイルス感染が何も影響していなさそうでもさまざまな視点から解析していく必要があります。本研究のほとんどの時間をウイルスフリー株の作出と薬剤感受性試験に費やしました。地道な実験を根気よく頑張ってくれたおかげです。

<研究の背景>

近年、真菌や卵菌などの菌類に感染するマイコウイルスが注目されています。農作物へ被害を及ぼす植物病原卵菌に感染するマイコウイルスも多く発見されていますが、ウイルス感染が卵菌へ及ぼす影響についての報告は多くありません。本研究グループでも、北極域のコケや温帯土壤に生息するピシウム菌に感染するウイルスをいくつか発見してきましたが、宿主菌の性状（菌糸生育や菌糸形態）への影響は見られませんでした。

ウイルス感染の影響を詳細に解析するには、宿主菌の遺伝子発現レベルから調べる必要があると考え、全ゲノム配列が解読されているモデルピシウム菌 *Globisporangium ultimum* を用いた研究を始めました。*G. ultimum* は世界の熱帯から温帯地域の土壤に広く存在しており、多くの農作物に立枯病などを起こす重要な植物病原菌です。

<研究の内容>

これまで、*G. ultimum* に感染しているマイコウイルス、フザリウイルスの *Pythium ultimum* RNA virus 1 (PuRV1) と、トティウイルスの PuRV2 を発見しており、本研究では、PuRV2 への感染が宿主菌の性状や遺伝子発現パターンに及ぼす影響を解析しました。菌の性状は菌株によって異なるため、ウイルス感染の影響を調べるためにはウイルス感染株からウイルスを除去したウイルスフリー株が必要です。本研究では、日本の土壤から分離された *G. ultimum* UOP226 株から高温培養によって PuRV2 を取り除き、ウイルスフリー株を作出しました。次に、ウイルス感染が宿主菌へ及ぼす影響を遺伝子発現レベルで明らかにするため、RNA-seq 解析^{*2} を用いて UOP226 株とウイルスフリー株間で遺伝子発現パターンを比較しました。UOP226 株において、ウイルスフリー株より発現量が 2 倍以上あるいは 2 分の 1 以下に変化した発現量変動遺伝子の数はそれぞれ 1008 個と 539 個で、*G. ultimum* の全 15,322 遺伝子のうち約 10 の 1 の遺伝子の発現量が PuRV2 感染により変動していました。また、Gene Ontology 解析^{*3} により、発現量が増加した遺伝子には RNA 合成に関わる遺伝子群が多く含まれ、発現量が減少した遺伝子には物質の膜輸送に関わる ABC トランスポーター^{*4} 遺伝子群が含まれていることが分かりました。

ABC トランスポーターは卵菌類の薬剤耐性に関わることが知られているため、農薬に対する感受性も解析しました。まず、UOP226 株とウイルスフリー株の通常培地での菌糸生育と菌糸形態では、両者に差は見られませんでした。続いて、卵菌類に対する 4 つの農薬（メタラキシル、ピカルブトラゾクス、プロパモカルブ、ヒドロキシイソキサゾール）をそれぞれ含んだ培地での生育を比較した結果、メタラキシルを含んだ培地での UOP226 株の生育が、ウイルスフリー株と比べて著しく阻害されました（図 1）。他の 3 つの農薬ではこのような違いは見られなかったため、PuRV2 感染によりメタラキシルに対してのみ感受性が高くなっていることが明らかになりました。

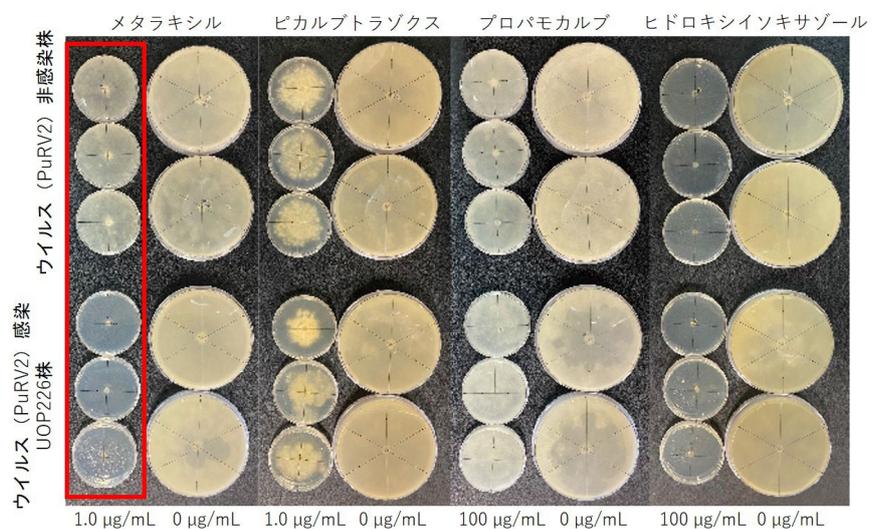


図 1 ウイルス (PuRV2) 感染株と非感染株の薬剤感受性の比較

<期待される効果・今後の展開>

本研究により、マイコウイルス感染が宿主 *G. ultimum* の農薬感受性を高めることが明らかになりました。メタラキシルは植物病原卵菌に対する主要な農薬のため、メタラキシルが使用される農業環境下では、*G. ultimum* の生態にウイルス感染が負の影響を及ぼしていることが示唆されます。PuRV2 と類似したトティウイルスは *G. ultimum* 以外の卵菌でも発見されているため、今後は他の卵菌においてもウイルス感染が宿主菌の農薬感受性を高めるのか、宿主菌の ABC トランスポーター遺伝子群の発現量が減少するのか、を解析する必要があります。これらの研究を進めることで、卵菌による植物病害の防除にマイコウイルスを利用する道が拓くことを期待します。

<資金情報>

本研究は、JSPS 科研費（19K06059、23K05245）の支援を受けて行われました。

<用語解説>

※1 卵菌

真菌（菌界）と同じく菌糸体を持つ微生物だが、真菌とは界レベルで分類が異なり、クロミスタ界に属する微生物。19 世紀末にアイルランドで大飢饉をもたらしたジャガイモ疫病菌（*Phytophthora infestans*）が有名。

※2 RNA-seq 解析

ハイスループットシーケンサーを用いて、細胞や組織から抽出した全 RNA の配列情報を網羅的に読み取り、その得られた配列情報から、どの RNA がどれくらい発現しているかを網羅的に調べる解析手法。

※3 Gene Ontology 解析

発現が変動した遺伝子群を抽出した際に、その遺伝子群がどのような機能に関与しているのかを解釈するために用いられる解析手法。

※4 ABC トランスポーター

膜貫通型のタンパク質で、アデノシン三リン酸を加水分解して得られるエネルギーを利用して化合物を能動輸送する機能を持つ。

<掲載誌情報>

【発表雑誌】 Microbiological Research

【論文名】 Sensitivity of *Globisporangium ultimum* to the fungicide metalaxyl is enhanced by the infection with a toti-like mycovirus.

【著者】 Aika HIGUCHI, Motoaki TOJO, Tomofumi MOCHIZUKI

【掲載 URL】 <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127742>

【研究内容に関する問い合わせ先】

大阪公立大学大学院農学研究科
准教授 望月 知史（もちづき ともふみ）
TEL : 072-254-8459
E-mail : tomochi@omu.ac.jp

【報道に関する問い合わせ先】

大阪公立大学 広報課
担当：竹内
TEL : 06-6605-3411
E-mail : koho-list@ml.omu.ac.jp