

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 横井寿郎

イネ科植物の病原菌類に存在するウイルスのうち、イネ黄化萎縮病菌を宿主とする *Sclerophthora macrospora* virus A および B (SmV A, SmV B) と、イネいもち病菌を宿主とする *Magnaporthe grisea* virus (MgV) に関して、各ウイルスのゲノム構造を解析し、既知の菌類ウイルスとの分子分類学的な比較を行った。

1. *Sclerophthora macrospora* virus A

S. macrospora は、広くイネ科植物に黄化萎縮病を引き起こす病原菌類で、鞭毛菌亜門卵菌綱に属する。SmV A は、*S. macrospora* を宿主とする径約 30nm で表面に約 4nm の突起を有する小球形ウイルスで、3 分節の 1 本鎖 RNA をゲノムとする。ゲノム RNA から cDNA クローンを作製し、その全長の配列を決定した結果、SmV A のゲノム構造は以下のように推定された。すなわち、RNA 1 (2927 nt) には ORF 1a (2697 nt) と 3' 端付近の ORF 1b (870 nt) が、RNA 2 (1982 nt) には ORF 2 (1269 nt) がそれぞれ存在する。RNA 3 (977 nt) にはタンパク質をコードしている ORF は存在せず、サテライト RNA であると考えられた。各 ORF の予想されるアミノ酸配列から、ORF 1a は RNA-directed RNA polymerase (RdRp)、ORF 2 は 2 成分の構造タンパク質 (CP 1: 約 39kDa, CP 2: 約 43kDa) をコードしていると推定されたが、ORF 1b の機能は不明であった。なお、39kDa タンパク質は 43kDa タンパク質の翻訳後プロセシング産物であると推定された。以上の結果から、SmV A のゲノム構造は他の既知の菌類ウイルスとは大きく異なり、むしろ、昆虫や魚類を宿主とする *Nodaviridae* 属ウイルスと類似していることが明らかになった。

2. *Sclerophthora macrospora* virus B

SmV B は、SmV A と同じく、*S. macrospora* を宿主とする径約 32nm で表面平滑な小球形ウイルスで、単一の 1 本鎖 RNA をゲノムとする。ゲノム RNA から cDNA クローンを作製し、その全長の配列を決定した結果、SmV B のゲノム構造は以下のように推定された。すなわち、ゲノム RNA (5533 nt) には A リッチな 135 nt の非翻訳領域をはさんで、ORF 1 (3840 nt) と ORF 2 (1113 nt) が存在する。ORF 1 には、セリンプロテアーゼ、ゲノム結合タンパク質 (Vpg) および RdRp と推定される領域がそれぞれ存在し、約 145kDa のポリプロテインとして発現すると推定された。セリンプロテアーゼおよび Vpg 領域は菌類 RNA ウイルスの *Mushroom bacilliform virus* (MBV) や植物ウイルスのインゲンマメ南部モザイ

クウイルス(SBMV)およびジャガイモ葉巻ウイルス(PLRV)などと、また、RdRp 領域はプラス1本鎖RNAウイルス supergroup 1に属するウイルスの多くと、それぞれ類似性を示した。CP 領域では類似性を示す既知のウイルスは存在しなかった。以上の結果から、本ウイルスのゲノム構造は、既知の菌類 RNA ウイルスとは大きく異なることが明らかになった。

3. *Magnaporthe grisea* virus

M. grisea は、イネいもち病を引き起こす病原菌類であるが、MgV は同菌を宿主とする径約 36nm の小球形ウイルスで、単一2本鎖RNAをゲノムとする。ゲノムRNAからcDNAクローンを作製、その全長の配列を決定した結果、MgVのゲノム構造は以下のように推定された。すなわち、ゲノムRNA(5350 nt)には2塩基の非翻訳領域をはさんでORF 1(2241nt)とORF 2(2499 nt)が存在する。どちらのORFも *Totiviridae* 属ウイルスと高い類似性を示し、ORF 1はCPを、ORF 2はRdRpをそれぞれコードしていると推定された。以上の結果から、本ウイルスは *Totiviridae* 属の新種ウイルスであると結論された。

以上を要するに、3種のイネ病原菌類ウイルス SmV A, SmV B, MgV のゲノムRNA全長についてその全塩基配列を決定し、遺伝子構造を解析した結果、SmV A, SmV Bのゲノムはそれぞれ既知の菌類RNAウイルスとは大きく異なる新たなウイルスグループに属すると推測された。一方、MgVは *Totiviridae* に属すると推測された。本研究で得られた成果は学術上、応用上寄与するところが大きい。よって審査委員一同は、本論文が博士(農学)の学位論文として価値あるものと認めた。