

アジアの稲作地帯に発生するテヌイウイルスのゲノム構造の解析

環境生物部微生物管理科寄生菌動態研究室 高橋 真実
元環境生物部微生物管理科上席研究官 鳥山 重光

はじめに

イネ縞葉枯病は、時に稲を枯死させることもある、日本の稲作における重要な病害の一つです。この病害は、ヒメトビウンカが媒介するイネ縞葉枯ウイルス (RSV) によって引き起こされるもので、ロシア、中国、台湾などで発生が認められます。RSVは、4分節の一本鎖RNAからなる糸状の粒子で、テヌイウイルス属を代表する標準種となっています。同じくテヌイウイルスに属するイネの病原ウイルスの一つに、イネグラッシースタントウイルス (RGSV) があります。このウイルスは、トビイロウンカによって媒介され、主に東南アジア、南アジアで発生が認められますが、日本でも九州地方で発生し、被害がでたことがあります (図1)。この二つのウイルスの核酸を解析し、遺伝子を比較した結果を紹介します。

RSVとRGSVのゲノム構造

RSVのゲノムは、4本の分節RNAから構成されていますが、このうち一番長いRNA 1には、ウイルスRNAの複製酵素であるRNAポリメラーゼがコードされています。このRNA 1を除く3分節には、それぞれ二つの蛋白質の遺伝子が存在しており、遺伝子の一つはウイルスRNAの配列上に、もう一つはウイルスRNAの相補的配列上にコードされています。このようなコード様式を持つRNAは、アンビセンスRNAとよばれており、テヌイウイルスのゲノムに共通する特徴の一つです。テヌイウイルス以外でアンビセンスRNAを持つウイルスは、

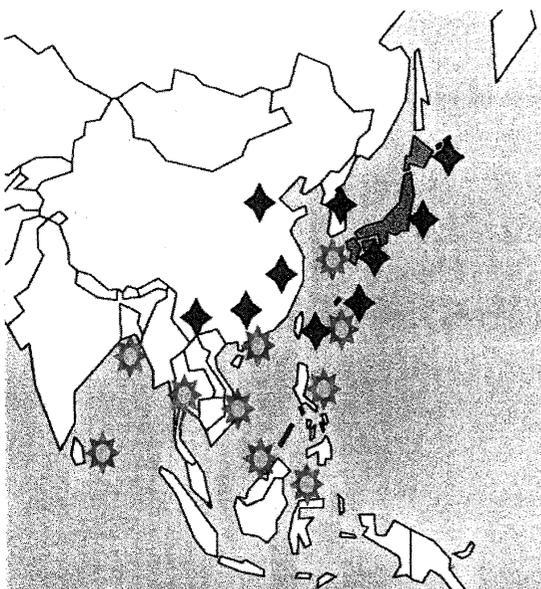


図1 アジアの稲作地帯におけるRGSVの発生分布

☀ :RGSV ◆ :RSV

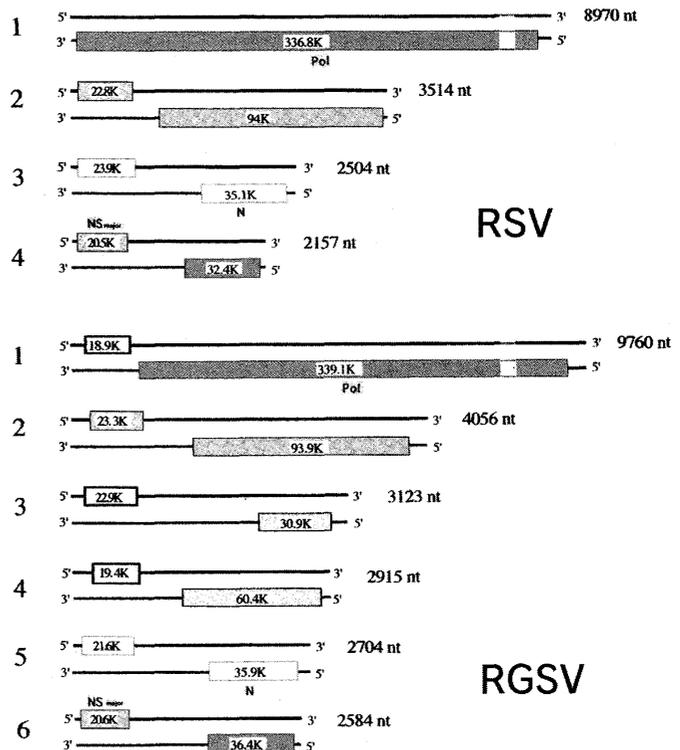


図2 RSVおよびRGSVゲノム構造の模式図

左の数字は、RNAの番号を示す。ウイルス鎖のRNAは、黒色線で、ウイルス相補鎖は、灰白色で示す。右端の数字はRNAの塩基数。各RNA分子上の蛋白質の遺伝子を長方形で示し、同色の長方形は対応する遺伝子であることを示す。

Pol : RNAポリメラーゼ
N : 核酸を包む外皮蛋白質
NSmajor : 感染特異蛋白質

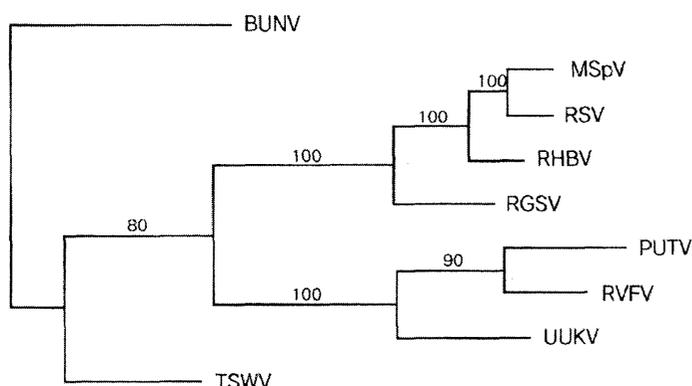


図3 最大節約法によるテヌイウイルス、フレボウイルス、トスポウイルスの系統樹

外皮蛋白質、膜蛋白質（フレボウイルス、トスポウイルス）、RNA2の3' 端にコードされる蛋白質（テヌイウイルス）の配列から作成した。PUTV, RVFV, UUKV: いずれもフレボウイルス属の一種
TSWV: トマト黄化えそウイルス（ブニヤウイルス科トスポウイルス属）

ブニヤウイルス科とアレナウイルス科のウイルスに限られており、かなり特殊なコード様式といえます（図2）。

RSV, RGSV以外にトウモロコシストライプウイルス (MSPV), イネオーハーブランカウイルス (RHBV) の二つがテヌイウイルスとして分類されていますが、いずれのウイルスのゲノム構造もRSVとよく似通っています。RHBVは、4分節からなり、ゲノム構造はRSVと同じですし、MSPVは5分節ですが、蛋白質の遺伝子の一つコードする低分子量のRNA 5を除くとRSVと類似の構造を持っています。対応する蛋白質のアミノ酸配列の相同性（一致するアミノ酸の割合）でもRSV, RHBV, MSPV間では、40～

70%と高く、これら3種は近縁のウイルスであることがわかります。

RGSVは、6分節のRNAをゲノムとして持っています。このうち、RNA 3とRNA 4は、他のテヌイウイルスには存在しない固有の分節RNAです。RGSVの6分節はすべて、アンビセンスRNAであり、RSVと比較して、5種類も多くの蛋白質の遺伝子をコードしています（図2）。RNAポリメラーゼは、RNA 1にコードされており、RSVのポリメラーゼとの相同性は38%と比較的高い値を示します。しかし、RGSVと他の3種テヌイウイルス間の、ポリメラーゼ以外の蛋白質の相同性は、20～30%とかなり低く、RGSVは、他の3種のテヌイウイルスとは類縁性が低いと考えられます。現在RGSVは、RSV, MSPV, RHBVの3種と同じテヌイウイルス属として分類されています。しかし、RGSVは他の3種のウイルスとゲノム構造が大きく異なり、遺伝子の類似性も低いことから、RGSVの分類については、再度検討する必要があると考えています。

テヌイウイルスの進化

テヌイウイルスは、植物ウイルスですが、動物ウイルスであるフレボウイルスとの間で、ゲノムにコードされている蛋白質に相同性が見られます。特にRNAポリメラーゼの相同性は、非常に高く、テヌイウイルスとフレボウイルスは、同じ祖先から進化したものと考えられています。RSVとRGSVのRNA 2にコードされている分子量の大きい蛋白質は、フレボウイルスの粒子の膜構造の蛋白質と類似しています。しかし、テヌイウイルスの粒子は、膜構造を持っていません。この蛋白質の遺伝子の役割は今のところ不明ですが、テヌイウイルスの祖先ウイルスは膜構造を持っており、その膜蛋白質遺伝子が何らかの必要性から保持し続けられたものだと考えられます。

図3は、ゲノムにコードされている2種類の蛋白質の相同性をもとに作成した系統樹です。祖先ウイルスからフレボウイルスとテヌイウイルスに分岐した後、4種のテヌイウイルスのなかでRGSVは早くに分岐し、他のテヌイウイルスとは異なる独特のゲノムを持つように進化したものと思われます。

RGSVの媒介虫であるトビイロウンカは、イネ単食性で他の植物では生育することができません。これに対して、RSVを媒介するヒメトビウンカは、イネの他、麦類やイネ科雑草なども寄主として

おり、RSV自体も20種以上のイネ科植物に感染、増殖することができます。RGSVが独自のゲノム構造を持つように進化を遂げたことには、トビイロウンカーイネという、閉じられた環境下に置かれたことが関係しているかもしれません。

おわりに

これまでRSV、RGSVのゲノム解析を進めてきましたが、遺伝子のコード様式やウイルス粒子を構成する蛋白質の遺伝子については明らかにできたものの、その他の蛋白質の機能についてはよくわかりません。RSVの場合、ゲノムにコードされている7種の蛋白質の内、機能などの情報があるものは、わずか3種にすぎません。今後は、これら蛋白質のウイルスの感染・増殖における役割についても検討を行っていく予定です。

系統分析は、調査計画研究室の三中信宏氏の協力によりおこなわれました。

2001年1月