

氏名	TAN SIANG HEE
授与した学位	博 士
専攻分野の名称	学 術
学位授与番号	博甲第 1769号
学位授与の日付	平成 10年 3月 25日
学位授与の要件	自然科学研究科生物資源科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文題目	Molecular Biological Studies on Tobamoviruses Causing Diseases in Cucurbitaceous Plants ウリ科作物を発病させるトバモウイルスの分子生物学的研究
論文審査委員	教授 本吉 總男 教授 野田 和彦 教授 武田 和義 教授 玉田 哲男 教授 積木 久明

学 位 論 文 内 容 の 要 旨

Kyuri green mottle mosaic virus (KGMMV) and cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) are members of tobamovirus group. Their main hosts are almost limited to cucurbitaceous species, and their host range is completely different from those of other tobamoviruses such as tobacco mosaic virus, tomato mosaic virus, etc. In this study, cDNAs of KGMMV-Y, KGMMV-C and CGMMV-W RNA were cloned and sequenced. Comparison of the deduced amino acid sequences of proteins encoded by the genome of these strains and another CGMMV strain, CGMMV-SH (Ugaki et al., 1991) showed that there are intraspecific variations among strains in KGMMV as well as in CGMMV, and that KGMMV and CGMMV are significantly remote in relationship. The phylogenetic trees constructed based on identity of the deduced amino acid sequences of the viral proteins showed that CGMMV strains form one cluster which does not include any other tobamoviruses, suggesting that KGMMV is closer to CGMMV than to other tobamoviruses. The genome of an attenuated strain, CGMMV-SH33b was also completely sequenced using cloned cDNAs. In comparison of the nucleotide sequence with that of its parental wild-type strain SH, nine base changes were found, and five of them were responsible for amino acid substitutions. The two amino acids substitutions occurred at the highly conserved residues and the one substitution in the coat protein region may contribute singly or in combination for the attenuation of disease symptom.

論文審査結果の要旨

本論文は、2つのパートから成っている。第1のパートは、ウリ科植物を主たる宿主とする2種のトバモウイルス、kyuri green mottle mosaic virus (KGMMV)とcucumber green mottle mosaic virus (CGMMV)のゲノムの全塩基配列の比較から、これらウイルスの分子的特異性を比較解析している。第2のパートでは、CGMMVの弱毒株のゲノムの全塩基配列を決定し、親の強毒株との比較を行っている。

(1) ウリ類を宿主とするトバモウイルスの比較研究

KGMMVは、日本では、その発見以来今日まで、CGMMVの系統として分類されてきた。しかし国際的にはかなり以前から、CGMMVとは別種のウイルスであり、KGMMVとよぶべきであることが指摘されていた。本研究でその分子的違いが明示されたので、本論文では、KGMMVをCGMMVと区別して記載した。KGMMV内およびCGMMV内、すなわち種内の系統の比較の結果、KGMMVの系統YとC、CGMMVの系統WとSHの間では、すでにタンパク質のアミノ酸配列のレベルで、かなりの変異がみられた。また、KGMMVとCGMMVの種間のタンパク質アミノ酸配列の相同性は、推定RNAレプリカーゼタンパク質で58%、ウイルス移行タンパク質で60%、外被タンパク質で45%であり、この2種のウイルス間には、他のトバモウイルスには見られない、相同性の高い領域が、推定レプリカーゼと移行タンパク質上に存在した。この領域と宿主域との関係は、今後の課題として興味深い。

(2) CGMMVの弱毒株SH33bゲノムの親株SHとの比較

CGMMVはマスクメロンに病害を与え続けてきたウイルスであり、その対抗策として弱毒株SH33bが選抜され、予防接種に利用され、現地で大きな防除効果を挙げた。本研究では、SH33bゲノムの全塩基配列を親株SHのそれと比較し、SH33bの弱毒性は、移行タンパクとは関係なく、レプリカーゼまたは外被タンパク質のどちらか、または双方の変異によって引き起こされたものと考えられた。

以上の研究は、ウリ科植物を宿主とするトバモウイルス2種のゲノム構造を他のトバモウイルスとの比較において始めて明らかにしたこと、CGMMV弱毒株のゲノムにおける変異を明らかにしたことにより、今後、ウイルス研究の重要な材料であるトバモウイルスの研究に重要な貢献をすることが期待できる。したがって、本論文は博士(学術)の学位に値するものと判定する。