

大学名	宇都宮大学		
University	Utsunomiya University, Japan		
外国人研究者	アサド・アリ		
Foreign Researcher	Dr. Asad Ali		
受入研究者	夏秋 知英	職名	教授
Research Advisor	Professor Dr. Tomohide Natsuaki	Position	Professor
受入学部/研究科	農学部		
Faculty/Department	Agriculture		

<外国人研究者プロフィール/Profile>

国籍	パキスタン
Nationality	Pakistan
所属機関	ペシャワール農業大学
Affiliation	The University of Agriculture, Peshawar Pakistan
現在の職名	准教授
Position	Associate Professor
研究期間	2015年7月1日～9月27日
Period of Stay	July 1, 2015 to Sep 27, 2015 (89 days)
専攻分野	分子植物ウイルス学
Major Field	Moleculare Plant Virology



研究室のデスクのパソコンで塩基配列の解析を行うAsad

<外国人研究者からの報告/Foreign Researcher Report>

①研究課題 / Theme of Research

Cucurbit viral diseases are a world wide problem. CGMMV has been reported as the most prevalent virus infecting cucurbits in Pakistan. We previously reported mild isolates that could cross protect plants against severe isolates. Present study is planned to determine the full length genome sequences of both severe and mild isolates figuring out pathogenicity determinant.

②研究概要 / Outline of Research

To determine the pathogenicity determinant of Cucumber green mottle mosaic virus.

③研究成果 / Results of Research

Complete nucleotide sequences were determined for the three CGMMV isolates each comprised of 6423 nts showing 99 % identity. Sequence analysis of deduced amino acid revealed high (99 %) identity in all the coding regions. There was only one amino acid change each in MP and CP region while 11 to 15 amino acid differences in RdRp which is the possible region containing pathogenicity determinant.

④今後の計画 / Further Research Plan

As a next step, infectious clones will be generated for mild and severe isolates of CGMMV. A number of chimera viruses will be produced exchanging the different segments of the genomes. The recombinant chimera viruses will be inoculated onto Cucumis sativus plant through gene gun inoculation for symptom expression to figure out which particular amino acids are responsible for pathogenicity.

<受入研究者からの報告/Research Advisor Report>

①研究課題 / Theme of Research

キュウリ緑斑モザイクウイルスの病原性決定遺伝子領域の解析

②研究概要 / Outline of Research

キュウリ緑斑モザイクウイルス(CGMMV)は以前は日本でも恐れられていたウリ科の最重要病原ウイルスのひとつであり、現在はパキスタンで多発している。このCGMMVを防除するには種子伝染や土壌伝染という伝染環を絶ち切ることであるが、検出方法が普及していないパキスタンではなかなか困難である。そこで、弱毒ウイルスをワクチンのように苗に接種して防除する方法を検討している。その過程で得られた、CGMMVの3株の強毒株、弱毒株の全塩基配列をまず決定し、病原性を変化させるウイルス遺伝子領域を推定した。

③研究成果 / Results of Research

まず、6423塩基からなるCGMMVパキスタン分離株の全塩基配列を決定したところで、塩基配列は99%一致した。推定されるアミノ酸配列では、やはり各翻訳領域は高い相同性を示し、外被タンパク質領域(CP)と細胞間移行タンパク質領域(MP)では1アミノ酸の違いしかなかった。RNAポリメラーゼ領域では11-15アミノ酸の変異が見出され、RNAポリメラーゼ領域が病原性の決定に関与していると思われた。

④今後の計画 / Further Research Plan

今後は、RNAポリメラーゼ領域が病原性を決定していることを証明するために、分離株ごとに感染性クローンを構築し、その遺伝子領域を組み替えたキメラウイルスを作成し、遺伝子銃でキュウリに接種して、どの遺伝子領域のどのアミノ酸変異が病原性(病徴発現)に関与しているかを検討したい。



小型遠心機を操作してDNA抽出をするアサド・アリ氏



電気泳動を行うアサド・アリ氏