

遺伝子組換えウイルス病害抵抗性植物開発に関する研究の 動向調査

東京農工大 学術研究支援総合センター 佐々木 信光

研究の概要

植物ウイルスは、糸状菌（カビ）や細菌（バクテリア）などと同じく、農業作物に甚大な被害をもたらす病原体のひとつである。日本においては、ウイルス病害による農作物の被害総額は年間数百億円であると推定されている。さらに、世界的な温暖化や森林開発さらには自由貿易の拡大など様々な要因により、既存の植物ウイルスの感染範囲の拡大のみならず新規の植物ウイルスの出現リスクに関して懸念が高まっている。最近では、2009年にウメ果実の収穫に対し80%から100%の損失を引き起こすウメ輪紋ウイルス（PPV）が国内（東京）で初めて発見された。また、2010年10月には、イネを萎縮させる新種ウイルス（SRBSDV：仮称）による病害も熊本で報告され、このような新規ウイルス病害の全国への拡大が懸念されている。一方で、植物ウイルスは、感染後の増殖を抑制する方法が確立していないため、感染発生以前の防除作業に多大な労力と資源が費やされている。このような状況下で、ウイルスに対する抵抗性品種の利用は、効果的かつ省資源的なウイルス防除手段であると考えられている。ただし、単一の抵抗性遺伝子を利用するだけでは抵抗性打破ウイルスの出現が問題となっているため、ウイルス抵抗性を持続的に付与するには、複数の抵抗性遺伝子を複合的に利用することが求められる。また、社会のニーズである安心・安全な農作物の開発という観点から、実用化に向けては遺伝子組換えにどのような遺伝子を利用すべきであるか慎重に議論し、選択する必要がある。そこで、本調査研究では、今後の遺伝子組換えウイルス病害抵抗性作物の方向性・発展性を探ることを目的とし、日本における植物ウイルス病害による被害の実態を把握すると同時に、近年における国内外の遺伝子組換え作物の開発状況を調べることにした。調査方法としては、国内外のインターネットで検索可能なデータベースや書籍・文献を利用した。また、学会参加により最新の動向や調査方法に関する情報や助言を得ながら調査を進めた。

ウイルス病害の実態調査

総合病害虫雑草防除情報データベースである JPP-NET を利用し、ウイルス病害の実態調査を行った。2001年以降の病害虫発生現況データを用いた分析の結果、登録されている243種類の病害のうち、ウイルス関連の病害は9種類であり、原因ウイルスが必ずしも特定されていないことがわかった。このように原因ウイルスについて情報不足ではあったが、多くの作物で発生が認められている「モザイク病」について、発生量および被害面積のデータを分析した。発生量については、平年値との比較に基づく評価データを元に分析を行ったが、2001年から2010年においてウイルス病害の発生量の割合に大きな変化は認められなかった。一方で、被害面積については、2005年以降に被害面積が200haを超えるような事例が記載されておらず、被害が低減されていることが考えられた。

また、同データベースを利用し、病害発生予察情報のうち、1996年以降の警報、注意報および特殊報について病害発生予防体制の分析を行った。警報は、重要病害虫の大発生が予想され、早急に防除が必要と判断される場合に発表される。注意報は、警報を発表するほどではないが、重要病害虫の多発生が予想され、早急に防除が必要と判断される場合に発表される。特殊報は、新病害虫を発見した場合や重要病害虫に従来と異なる発生消長が観察された場合に発表される。年によってある程度のばらつきは見られるが、2005年以降には警報、注意報、特殊報の総数の平均が1.7倍程度増加していることがわかった。また、特殊報に注目してみると、1996年から2003年および2004年から2011年の期間に

報告されたウイルスの種類についても、13種類から37種類と大きく増加しており、近年の予防体制の充実がウイルス被害の拡大を抑制する要因となっていることが推測された。

ウイルス病害の拡大を予防する努力が払われている一方で、2009年に青梅で発見されたPPVについては、感染範囲の拡大を食い止めることはできず、これまで処分した分も含め2012年度までに2万本近くの梅の木が伐採・抜根されることとなっている。果樹については特に永年作物であるという性質上、ウイルス感染による被害が他の作物と比較して大きくなるという傾向がある。さらに、PPVの場合、梅が観光資源であるため経済的な損失はさらに大きい。今回のPPVの事例は、様々な予防対策によってウイルス被害を抑えることは可能であるが、ウイルスがそもそも感染しない、あるいは感染範囲が局所的に限定されるような抵抗性植物を開発する重要性を再確認させるものと言える。

遺伝子組換え技術を用いたウイルス病害抵抗性植物の開発状況に関する調査

ISAAAの報告によると、世界における遺伝子組換え作物の栽培面積が2011年では1億6,000万haに達し、1996年と比較して94倍の成長を遂げており、遺伝子組換え技術は近年において最も急速に普及した農作物技術であると指摘されている。特に、2011年の遺伝子組換え作物栽培国29カ国のうち19カ国が発展途上国であり、発展途上国の農業における遺伝子組換え作物の重要性が高まっている。ただし、2009年から2010年にかけて、欧州全体では逆に栽培面積が13%減少している。また、日本では2009年より「青いバラ」が唯一商業栽培されているが、組換え植物に対する消費者の不安感・不信感は大きく、国内圃場での食用あるいは飼料用の遺伝子組換え作物の栽培は行われていない。ただし、日本における主要な輸入穀物の半数以上が組換え作物であるという推計があり、国内の食卓にはすでに多くの遺伝子組換え作物由来の食品が並んでいると言える。

JRC（欧州委員会共同研究センター）の報告によると、世界における遺伝子組換え作物の圃場試験の60%が米国で実行されており、新しい遺伝子組換え作物の研究開発のほとんどは米国に基礎があると言える。1987年から2008年までのデータから、米国および欧州の組換え作物全体の圃場試験数は1998年をピークに横ばい傾向であることを読み取ることができる。さらに、ウイルス抵抗性作物の圃場試験について、ISB（Information Systems for Biotechnology）およびJRCのデータベースを利用して詳細な分析を試みたところ、米国では1998年の196件（全体の13.4%）をピークに2001年以降2桁台前半（全体の1%強）で推移していること、同様に欧州についても1996年をピークに1998年以降は1桁台で推移し、過去5年間では0件から2件程度にとどまっていることが分かった。欧州の研究グループによって運営されているResistVirプロジェクトのウイルス抵抗性関連特許データベースを利用した、ウイルス抵抗性遺伝子組換え植物に関する特許の状況についても調べた。植物ウイルス自身の遺伝子を利用した特許が半数以上であるが、植物を含め多様な生物種に由来する遺伝子特許が含まれていることが分かった。特許自体は多く発行されている一方で、圃場試験にまで至っていない状況にあることが示された。

2011年の遺伝子組換え作物栽培国29カ国のうち19カ国が発展途上国であることから、先進国のみならず発展途上国での組換え作物の研究開発の状況を把握することも重要であると考えられる。71カ国の発展途上国からのデータを元にした2005年のFAO（国際連合食糧農業機関）報告書では、ウイルスに対する遺伝子組換え抵抗性作物の研究開発は、ラテンアメリカで最も進められていることが報告されている。また、アジアにおいて研究開発が最も推進されている途上国は中国であり、2005年時では7品目のウイルス抵抗性組換え作物が圃場実験中とされている。また、農林水産省の海外農業情報調査分析報告書によると、2011年時でウイルス抵抗性組換え作物として3品目（トマト、ピーマン、パパイヤ）が商業化されているが、大規模商業化には至っていないようである。

種々ある植物病原体の中でも、植物ウイルスに関しては、実験室内研究と圃場試験だけでなく商業栽培においても安定した成果が得られており、遺伝子組換え技術が効果的な病害抑制戦略に位置づけられていると言える。ただし、ISAAA のデータベースを分析すると、ウイルス抵抗性遺伝子組換え作物として現在商業化されているのは RNA を介した遺伝子サイレンシング (RNA-mediated gene silencing) の方法を用いたもののみであることが分かった。遺伝子サイレンシング法を介したウイルス抵抗性では、「配列特異的に」ウイルス RNA が分解されたり、ウイルス DNA がメチル化によって不活化されたりする。また、異なるウイルスのゲノム配列を組み込むことにより、複数のウイルスを同時に標的にすることができる。ウイルス抵抗性を付与する方法としては、ウイルス増殖を抑制する働きをもつ抵抗性遺伝子を導入する方法も挙げられるが、抵抗性が限定的であることに加えて、他の遺伝子組換え作物と同様に異種タンパク質の発現による毒性やアレルギーのリスクが懸念されるため、市場に受け入れられにくい手法となっていると推測された。

今後の展望と課題

日本の農業においては、既存のウイルス感染による被害は予防的措置により軽度抑制されていることが読み取れるが、PPV のように海外から新規ウイルスが侵入してくることによる重篤な被害発生のリスクは依然として高いと考えられる。本調査では、できるだけウイルス病害の実態を客観的に把握できる資料を集めたいと考えていたが、予想以上に全国のウイルス被害を体系的にまとめている資料がないことがわかった。各病虫害防除所では詳細な報告書が作成されているようであるが、それらのデータを集約できるようなデータベースの構築を目指すことが今後の課題と言えるであろう。

植物ウイルス抵抗性については、遺伝子サイレンシング法を利用した遺伝子組換え作物の開発が最も効果的かつ期待される研究分野であると言える。遺伝子サイレンシングの作用機作については依然として不明な点が多く、分子メカニズムが解明されることによって、さらに効果的にウイルス増殖を抑制することも可能であると思われる。また、現時点では、遺伝子サイレンシング法以外のウイルス抵抗性遺伝子を導入する手法は商業的に結びつきにくいようではあるが、広範なウイルスに対応できるような抵抗性品種の開発には、遺伝子サイレンシング法のみには頼るのではなく、異なるウイルス増殖抑制技術を複合的に組み合わせる研究を進めていくべきであろう。ただし、闇雲に複数の遺伝子を導入することは効率的ではなく、必要時にのみ遺伝子産物が確実に作られるように、組織特異的あるいは感染特異的誘導プロモーターを用いる技術を同時に開発していく必要がある。さらに消費者が不安感や倫理的問題意識をもつ理由に、本来自然界では起こりえないような異種遺伝子あるいは合成遺伝子の移動が遺伝子組換えによって人為的に行われることがある。これに対しては、育種過程で組換え技術が使われても最終的に出来た品種のゲノムに導入遺伝子が残らない New Breeding Techniques (NBT) の開発や、“cis-genetics” あるいは “all native” と呼ばれる、同一種内の遺伝子あるいは内在性遺伝子のみを利用して組換え遺伝子の発現制御を行うという取り組みが今後有効になると思われる。さらに、近年の分子マーカーの開発および利用により、古典的な育種の効率化が進んでおり、育種にかかる時間や経費あるいは潜在的な有害形質の混入リスクが低減されてきている。とはいえ、分子マーカーを利用する古典的育種法だけでは必ずしも目的とするウイルス抵抗性の形質を得られるとは限らず、遺伝子組換え技術との組み合わせることが望ましい。

ウイルス抵抗性に限らず、どのような有益形質であっても、遺伝子組換え技術を用いて作物に導入することには消費者の根強い抵抗があると思われるが、科学的データに基づく安全性の確保とリテラシー教育を通じた消費者のデータの正確な理解力、そして何より研究者、生産者そして行政への信頼感が「安心・安全な遺伝子組換え作物」の普及に必要であろう。