

## 研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		社会性ハチ目昆虫の交尾繁殖様式と関連するウイルスの生態解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Ecology of novel virus related to mating system of Hymenopteran host			
研究氏 代 表 名 者	カナ CC	姓)コヤマ	名)サトシ	研究期間 B	2013 ~ 2014 年
	漢字 CB	小山	哲史	報告年度 YR	2014 年
	ローマ字 CZ	KOYAMA	SATOSHI	研究機関名	東京農工大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		農学研究院・助教			
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>これまでの研究により、ヤマヨツボシオオアリ、ヒラズオオアリ、ヒメアリ、アミメアリに、ウイルス由来と考えられる二本鎖 RNA 因子(dsRNA)が見つかった。そこで当該ウイルスの基礎生態を解明するため、まず採集・飼育の容易なヤマヨツボシオオアリを用いて、ウイルスの RNA シーケンスを決定した。その結果、当該ウイルスは 2 つの ORF を有する 5707bp から成るゲノムを持つことが判明した。このゲノム情報を基に分子系統解析を行った結果、当該ウイルスはトチウイルス科の一種である可能性が高いことが判明した。以下、当該ウイルスを <i>Camponotus yamaokai virus</i> (CYV) と呼称することとする。</p> <p>次に、ヤマヨツボシオオアリ女王アリを解剖して卵巣を取り出し、超薄切片を作成して、CYV の電子顕微鏡撮影を行った。その結果、卵巣の細胞内に直径約 30nm のウイルス様粒子が観察された。また同様のウイルス様粒子が卵細胞内にも観察された。dsRNA が見られないナワヨツボシオオアリの卵巣には、そのようなウイルス様粒子は観察されなかった。これらの結果から、卵巣内に観察されたウイルス様粒子は CYV である可能性が非常に高い。</p> <p>卵細胞内にウイルス様粒子が観察されたため、CYV は垂直感染によりアリコロニー内で維持されていると考えられる。そこで卵内の CYV が成虫まで維持されるか検証するため、ヤマヨツボシオオアリ卵をナワヨツボシオオアリコロニーに移入し、成虫まで養育させ、CYV ゲノムの有無を解析した。その結果、卵内の CYV は成虫まで維持されることが判明した。</p> <p>他種アリにおけるウイルスの解析を行ったところ、ヒラズオオアリに内在する dsRNA は CYV 用に設計したプライマーを用いた PCR では増幅しなかった。また、ヒメアリ、アミメアリからのウイルスゲノム抽出は再現性が乏しく、また個体群による差が生じている可能性が高かった。そのため、他種アリにおけるウイルス感染状況に関しては、更なる検証が必要であると考えられる。</p>					
キーワード FA	CYV	アリウイルス	トチウイルス	ヤマヨツボシオオアリ	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

#### 欧文概要<sup>EZ</sup>

We previously found double-stranded RNA elements (dsRNA), presumably originated from virus, in *Camponotus yamaokai*, *C. nipponicus*, *Monomorium intrudens* and *Pristomyrmex punctatus*. In this study, we sequenced dsRNA in *C. yamaokai* to study the fundamental ecology of the virus. The viral genome consists of 5,707 bp in length with two ORFs. Based on the phylogenetic analysis with the viral genome, the virus is most likely a novel member of family Totiviridae. We designated the virus as *Camponotus yamaokai* virus (CYV).

Next, we performed electron microscopic analysis on ovary of *C. yamaokai* queen. Virus particles with approximately 30 nm in diameter were observed in cytoplasm of *C. yamaokai* ovary and egg cell, while no such particles were seen in *C. nawai* in which no dsRNA elements were observed. These results suggest that the virus particle in *C. yamaokai* is CYV.

Virus particles were observed in egg cells. Thus, CYV is likely to propagate through vertical transmission. To examine whether CYV propagates through vertical transmission, we transferred *C. yamaokai* eggs into *C. nawai* colony. The transferred *C. yamaokai* grew up into adult, still possessing CYV genome. These results strongly suggest that CYV is maintained in *C. yamaokai* ant through vertical transmission.

To analyze the dsRNA elements in other ant species, we performed RT-PCR with the dsRNA element in *C. nipponicus* using primer pairs designed on CYV sequence. However, the RT-PCR did not amplify nucleic acids. Extraction of the dsRNA elements in *Monomorium intrudens* and *Pristomyrmex punctatus* show low repeatability, suggesting the variation in virus among ant populations. Thus, further studies are needed on the virus in other ant species than *C. yamaokai*.