サツマイモ斑紋モザイクウイルス強毒系統（SPFMV-S）のゲノムRNAの構造解析：5'末端領域

酒井淳一・森下敏和・森 昌樹・花田 薫・宇杉隆雄・西口正通

九州農業試験場・国際農林水産機構セントラル分析研究所

Jun-ichi SAKAI, Toshikazu MORISHITA, Masaki MORI, Kaoru HANADA, Tomio USUKI and Masanichhi NISHIKI:

Nucleotide Sequence of the Genomic RNA of a Sweet Potato

Leafy Mottle Virus Severe Strain (SPFMV-S): 5'-terminal Region

サツマイモ斑紋モザイクウイルス強毒系統（SPFMV-S）はサツマイモ帯状粗皮病の原ウイルスであり、ポティウイルスグループに属す。本ウイルスゲノムRNAの3'末端側よりクローニングを行いCP, Nb, Nia, 6 Ksb, C I及びP 3タンパク質をコードする領域の塩基配列を決定し、すでに報告した。今、ペルバー成分／プロテアーゼ（HC-Pro）及びP 1タンパク質領域を含む5末端約3.7kbのcDNAクローン（第1図）とゲノムRNAの5'末端塩基配列を決定したので報告する。

1. 研究方法

3.7kbのウイルスcDNAを含むクローンから、Erase-a–Base System（Promega）を用いて一連の欠失クローンを取得し、蛍光DNAシークエンサー（ABI, 370A）で塩基配列を決定した。また、ウイルスRNAを直接総合にし、3.7kbのcDNAクローンの5末端の19塩基をプライマーに与え、これを2Pでラベルし、逆転写反応を行い、ゲノムの5'末端塩基配列を決定した。

2. 結果及び考察

今回決定した3.7kbのcDNAの塩基配列より推定されるオープンリーディングフレーム（ORF）のアミノ酸配列を他のポティウイルスと比較したところ、HC-Proは458アミノ酸残基からなると考えられた（第2図）。このHC-Proのアミノ酸配列をポティウイルスに属するプルモポックスウイルス（PPV）と比較した結果、54%の同種性を示した。HC-Proにはアグラム酸塩の酸のペルバー成分の機能とともにプロテアーゼの機能もあり、HC-ProとP 3間の切断に関与するもの。

SPFMV-SのcDNAクローニング

10 20 30 40 50 60 70 80 90
N-SSTMERFLSG FDNNKFKQIR QDNLHVCRESS YDAEEGQSVA AISHMILPLYM GRTCKCSQIN YVNDMSREDW CEYVRSFISR 90 100 110 120 130 140 150 160
NKILCQGYEK NVFHPLGMQF PLLDSLTVN TNKLFKAFNEQ NLGIDRTDP PSFQCVKLVN LVEQGRKAPD ELIKASENLL 170 180 190 200 210 220 230 240
EVARYKNSP ENIKGSFGQ ERKISQKQES VNHMLCMGQ LDKGKLNQ VWQRYHJSRRF ANYFDVIDPS QOYKVQYIVRE 250 260 270 280 290 300 310 320
NPNGSRKLLG OQVSTTVNFS FVQRMPGEGP IQQJQKLDIV TSLRDGVFYV PCUTCVDLGQ QLESEKFPK TLKHVLNIG 330 340 350 360 370 380 390 400
GDPIKYVIDMP EISIKMIYIAD DQSYTVINFL AMLVLNVEAE ADKPTFDQK VMLKGLNWG TMDVFATACA FMFSFVPFR 410 420 430 440 450
NAELPRILVD HSTKTMVQD SFSGLSVTQY VLKANMTQVL IQFSSSLES EMHYIVGC

第1図 ポティウイルスの遺伝子構造と今回解析したSPFMV-SのcDNAクローン（〜）

第2図 cDNAの塩基配列より推定されたHC-Proのアミノ酸配列

注）下線部はHC-Proのプロテアーゼ活性部位