

サツマイモ斑紋モザイクウイルス普通系統 (SPFMV-O) の3'末端領域の塩基配列

森 昌樹・*宇杉富雄・林 隆治・西口正通

(九州農業試験場・*熱帯農業研究センター沖縄支所)

Masaki MORI, Tomio USUGI, Takaharu HAYASHI and Masamichi NISHIGUCHI :

Nucleotide Sequence at the 3'-terminal Region of Sweet

Potato Feathery Mottle Virus (Ordinary Strain, SPFMV-O) RNA

サツマイモ斑紋モザイクウイルス (SPFMV) には普通系統と強毒系統があることが宇杉らにより明らかにされ、普通系統は、SPFMV-O株、強毒系統はSPFMV-S株と命名された¹⁾。本ウイルスはpotyvirusに属し1本鎖(+)鎖RNAゲノムを持つ。またSPFMV-S株は帯状粗皮病の原因ウイルスであることが明らかになっている¹⁾。当研究室では既にSPFMV-O株のゲノミックRNAを用いて、3'末端部を含む2.3kbのcDNAのクローニングに成功している²⁾ので、本研究では上記cDNAの全塩基配列を決定することにした。

1. 試験方法

塩基配列はdideoxy法で決定した。デリーションクローンを取得する方法と合成DNAをプライマーとして使用する方法を併用した。デリーションクローンはタカラのキロシークエンス用デリーションキット及びPromega社のErase-a-Baseキットを用いて取得した。合成DNAはABI社のDNAシンセサイザーを用いて作製した。

2. 結果及び考察

クローニングされていたcDNAは2290塩基対(3'末端部のポリA配列を除く)であった。塩基配列より推定される読み取り枠(ORF)は688アミノ酸残基(a.a.)で1個のORFをコードしていた。他のpotyvirusでの報告³⁾を参考にすると、C末端部より315a.a.の位置に核封入体(NiB)タンパク質と外被タンパク質の境界領域に特徴的な配列VYHQ/Sが見いだされた。したがってこのcDNAはNiBタンパク質のC末端側373a.a.及び外被タンパク質315a.a.(第1図)をコードしていると推定された。SalomonはSPFMV外被タンパク質のトリプシン処理により生じたペプチド断片の部分アミノ酸配

列(DVNVGTVGTF)を決定している⁴⁾が、これと同じ配列が第1図のN末端側から81番目から見いだされたことから、本ORFが外被タンパク質をコードしていることが明らかになった。3'末端の非翻訳領域はポリA配列を除いて224塩基であった。

同じpotyvirusであるpotato virus Y (PVY)⁵⁾, tobacco etch virus (TEV)⁶⁾のアミノ酸配列と比較した。第1図に外被タンパク質部分を比較した結果を示す。SPFMV-O株では他の2種に比べ長いN末端を持ち、14番目から37番目にかけてプロリン(P)が9つも含まれる点の特徴的である。またC末端部(80番目以降、特に160番目以降)は3種ウイルスで相同性が高いのに対しN末端部は相同性が低く、ウイルス間で変化しやすい領域と考えられた。PVY、TEVとの相同性はNiBタンパク質領域でそれぞれ65%及び63%、外被タンパク質領域で共に50%であった。なお3'末端の非翻訳領域では顕著な相同性は見いだされなかった。

引用文献

- 1) 宇杉富雄・中野正明・大貫正俊・林隆治：日植病報 56, 423, 1990.
- 2) 西口正通・森昌樹・上原泰樹・宇杉富雄・中野正明・林隆治：日植病報 56, 413, 1990.
- 3) Robaglia, C., Durand-Tardif, M., Tronchet, M., Boudazin, G., Astier-Manificier, S. and Casse-Delbart, F.: J. Gen. Virol. 70, 935-947, 1989.
- 4) Salomon, R.: J. Gen. Virol. 70, 1943-1949, 1989.
- 5) Allison, R., Johnston, R.E. and Dougherty, W. E.: Virology 154, 9-20, 1986.

	20	40	60	80
SPFMV-O	SGEKTEFKDAGANPPDPKSKINPPPTITEIVDPEDPKQAALKAARAXQPATIPESYGEDTSKEKESIVGTSXIG-VRDK			
PVY-D	ANDTIDAGESSKKDARPEQSGIVGNPNKG--KDK			
TEV-NAT	GGTVASAD-VGKKKQDKDDEVAEQASKDR			
	100	120	140	160
SPFMV-O	DVNVGTVGTFVVRVEMWNAHKRQPMVNGRAIINFQHLSTYEPPEQYEVANTESTEQEQFQAWYEGVXGQYVDDTGMGILL			
PVY-D	DVNAGTSGTHVPRIKAITAKMRMPRESIGATVLEHLLLEYPQQIDISHTKATQSQPDTWYEAVRMAYDIGETEMPTVM			
TEV-NAT	DVNAGTSGTFSYPRIMAMATKLQYPRMKGVEVVNLNHLGLYKQQIDLSNARATHEQFAAWHQAVMTAYGVNEEQMILL			
	180	200	220	240
SPFMV-O	NGLMVVCIENGTSPNINGVWMDGDEQVYPIKPLLDHAYVTFRQIMTHFSDVAEAYIEMRNRTKAYMPRYGLQENLTD			
PVY-D	DGLMVVCIENGTSPNINGVWMDGNEQVYPLKPIVENAKPTLRQIMAHPSDYAEAYIEMRNKKEPYMPRYGLIENLTD			
TEV-NAT	NGFMVVCIENGTSPNINGVWMDGEBQVSYPLKPIEMNAQPTLRQIMTHFSDLAEAYIEMRNRRERPYMPRYGLQRNITD			
	260	280	300	
SPFMV-O	MSLARYAFDFYELHSTTPARAKAEHLQMKAAALKNARNRNLPLGLDGNVSTQEBEDTERHTTTDVTNRNINHLNMGVQ			
PVY-D	VGLARYAFDFYVSTTPYRAREAHIQMKAAALKSAQPELPLGLDGGISTQEBENTERTTDEYSPSMHTLLGVKN			
TEV-NAT	MSLSRYAFDFYELTSTPYRAREAHMQKAAAVRNSGTEPLPLGLDGNVGTAEEDTERHTAHVNRNHTLLVQRV			

第1図 外被タンパク質領域のアミノ酸配列の比較

注) * : 3種のウイルスで保存されているアミノ酸