

## 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・\*宇杉富雄・\*\*西口正通  
(九州農業試験場・\*国際農林水産業研究センター沖縄支所・\*\*農業生物資源研究所)

Jun-ichi SAKAI, Toshikazu MORISHITA, Masaki MORI, Kaoru HANADA, Tomio USUGI and Masamichi NISHIGUCHI :

Nucleotide Sequence of the Genomic RNA of a Sweet Potato  
Feathery 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病原ウイルスであり<sup>1)</sup>, 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, Nib, NIa, 6 K<sub>2</sub>, 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<sup>1,2,3,4,5,6)</sup>。

今回, ヘルパー成分/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<sup>6)</sup> (第 1 図) とゲノム RNA の 5'末端部の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 を直接鋳型にし, 3.7kb の cDNA クローンの 5'末端の 19塩基をプライマーに用い, これを<sup>32</sup>P でラベルし, 逆転写反応を行い, ゲノムの 5'末端部の塩基配列を決定した。

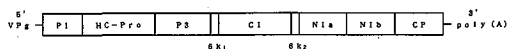
### 2. 結果及び考察

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 plum pox virus (PPV) <sup>7)</sup> と比較した結果, 54% の相同性を示した。HC-Pro にはアブラムシ伝搬の際のヘルパ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 間の切断に参与する<sup>8)</sup>。HC-Pro のアミノ酸

配列の C 末端側には, ポティウイルス間で共通した本プロテアーゼの活性部位, グリシン (G) - チロシン (Y) - シスチン (C) - Y-71 アミノ酸 - ヒスチジン (H) が見いだされた (第 2 図)。P 1 タンパク質にもプロテアーゼの機能があり, P 1 タンパク質と HC-Pro 間の切断に参与する<sup>9)</sup>。P 1 タンパク質のアミノ酸配列の C 末端側にはポティウイルス間で共通した配列が存在しており, P 1 タンパク質のプロテアーゼ活性部位であると推察された。また, SPFMV-S の 5'末端部の塩基配列は他のポティウイルスの 5'末端部とよく類似していた。

### 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, 436, 1990.
- 2) 森 昌樹・酒井淳一・林 隆治・宇杉富雄・西口正通: 日本分子生物学会年会講演要旨集 p. 136, 1991.
- 3) 森 昌樹・酒井淳一・林 隆治・宇杉富雄・西口正通: 日本農芸化学会誌 66, 487, 1992.
- 4) 森 昌樹・酒井淳一・林 隆治・宇杉富雄・西口正通: 日植病報 58, 636, 1992.
- 5) 酒井淳一・田中正美・森 昌樹・花田 薫・宇杉富雄・西口正通: 日植病報 59, 55, 1993.
- 6) 酒井淳一・田中正美・森 昌樹・花田 薫・宇杉富雄・西口正通: 日植病報 59, 341, 1993.
- 7) Maisse, E., Timpe, U., Briske, A., Jelkmann, W., Casper, R., Himmler, G., Mattanovich, D. and Katinger, H. W. D.: J. Gen. Virol. 70, 513-524, 1989.
- 8) Carrington, J. C., Cary, S. M., Parks, T. D. and Dougherty, W. G.: EMBO Journal 8, 365-370, 1989.
- 9) Verchot, J., Koonin, e. v. and Carrington, J. C.: Virology 185, 527-535, 1991.



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 (~~~~)

	10	20	30	40	50	60	70	80
N-	SSTMERFLSG	FDNFKFKIRQ	TDLNHVCESS	YDAEQAGSVA	AISHHMLYPM	GRTTCKSCIN	NVEDMSRDEW	CEYVRSFISR
	90	100	110	120	130	140	150	160
	NKILCQSEYK	NFVHLPQIMD	FLSDSLVNTN	KNLKAFNEIQ	NLIGDRTDAP	FTSVCEVNVK	LVKGGRAKPD	ELIKASENLL
	170	180	190	200	210	220	230	240
	EVARYLKNRT	ENIKKGSLSQ	FRNKISQKSS	VNLALMCDNQ	LDKNGNLIWG	ERGYHSKRFF	ANYFDVIDPS	QGYEKYVIRE
	250	260	270	280	290	300	310	320
	NPNGSRKLAI	GKLIIVSTNFS	VFREQMKGEP	IQKQKLDNHC	TSLRDGNFVY	PCCCVTLDDG	QPLESEFKLP	TKNHLVIGNS
	330	340	350	360	370	380	390	400
	GDPKYVDMPP	EISKKMYIAK	DGYCYVNIPL	AMLVNVNEAE	AKDFTKQVRD	VLMEKLGKVP	TMFDVATACA	FMSVFPETR
	410	420	430	440	450			
	NAELPRILVD	HSTKTMHVVD	SFGLSTGYH	VLKANTVSQL	IQFSSSSLES	EMKHYIVG	-C	

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