

サツマイモ斑紋モザイクウイルス徳島系統のゲノムRNA 3' 末端領域の構造解析 酒井淳一・大貫正俊・森 昌樹¹⁾・宇杉富雄²⁾・花田 薫

(九州農業試験場・¹⁾ 農業生物資源研究所・²⁾ 国際農林水産業研究センター沖縄支所)

Junichi SAKAI, Masatoshi ONUKI, Masaki MORI, Tomio USUGI and Kaoru HANADA :
Nucleotide Sequence of 3'-Terminal Region of the Genomic RNA of
Sweet Potato Feathery Mottle Virus Tokushima Strain

サツマイモ斑紋モザイクウイルス徳島系統 (SPFMV-T) は徳島県の 'なると金時' から分離され, その血清学的性質はSPFMV-S (強毒系統), -O (普通系統) とやや異なることが明らかにされている¹⁾。本研究では, SPFMV-TのゲノムRNAのクローニングを行い, 3' 末端より約2.4kbの塩基配列を決定し, 既報のSPFMV-S²⁾, -O³⁾と比較した。

1. 試験方法

純化ウイルスよりRNAを抽出し, oligo dTをプライマーとしてクローニングを行い, 約2.4kbのDNAクローンを得た。このクローンをもとに, Erase-a-Base-System (Promega) を用いて一連の欠失クローンを作製し, 蛍光DNAシーケンサー (ABI, 370A) で塩基配列を決定した。

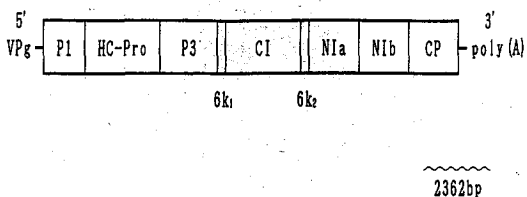
2. 結果及び考察

今回, 決定したSPFMV-TのゲノムRNAの3' 末端領域は2362塩基であり, これをアミノ酸に翻訳したところ, 715アミノ酸からなるオープンリーディングフレーム (ORF) が見いだされた。このORFのアミノ酸配列を解析した結果, SPFMV-Tの外被タンパク質 (CP) は332アミノ酸からなり, 383アミノ酸はNIbの一部であると推定された (第1図)。SPFMV-TのCPのアミノ酸数はSPFMV-S, -Oより17ア

ミノ酸多くなっていた。また, CPのアミノ酸配列 (第2図) にはアブラムシ伝搬に関与するとされているDA G配列が見いだされた。SPFMV-Tのゲノムの3' 末端非翻訳領域 (3' UTR) は216塩基からなり, SPFMV-S, -Oより8塩基少なかった。CPのアミノ酸配列の相同性はSPFMV-S, -Oとそれぞれ70%, 71%, Tobacco etch virus (TEV)⁴⁾とは54%, Pulum pox virus (PPV)⁵⁾とは61%であった。NIbのC末端側374アミノ酸の相同性はSPFMV-S, -Oとは, ともに79%, TEVとは66%, PPVとは70%であった。3' UTRの塩基配列の相同性はSPFMV-S, -Oとは, ともに77%, TEVとは55%, PPVとは53%であった。以上のように, SPFMV-TのNIb, CPのアミノ酸配列及び3' UTRの塩基配列を系統の異なるSPFMV-Sや-Oと比較したところ, 系統間としては相同性が低かったが, 別種ポティウイルスと比較した場合より明らかに高い相同性を示した。

引用文献

- 1) 宇杉富雄・真岡哲夫: 日植病報 59, 331-332, 1993.
- 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) Mori, M., Usugi, T., Hayashi, T. and Nishiguchi, M.: *Biosci Biotech. Biochem.* 58, 965-967, 1994.
- 4) Allison, R. F., Johnston, R. E. and Doughty, W. G.: *Virology* 154, 9-20, 1986.
- 5) Maisse, R., Timpe, U., Briske, A., Jilkmann, W., Casper, R., Himmler, G., Mattanovich, D. and Katinger, H. W. D.: *J. Gen. Virol.* 70, 513-524, 1989.



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

| | | | | | | |
|----|--------------------|------------|------------|------------|-------------|------------|
| | 10 | 20 | 30 | 40 | 50 | 60 |
| N- | SGTEETK DAG | TPTPGKLVKT | RTGQTQPLKA | PEGSMPTDP | PPPTVEEIIIE | EETPAQKALR |
| | 70 | 80 | 90 | 100 | 110 | 120 |
| | EARGKQPAKQ | PSYTYGRDTC | PRSPRQVTTT | SGVRDRDVNA | GTVGFTVPR | LQITSSKKRL |
| | 130 | 140 | 150 | 160 | 170 | 180 |
| | PIVDGRPVIN | LDHLAVYDPE | QTNLANTRST | QEQFKAWYDG | VKGDYGVSDA | EMGILLNGLM |
| | 190 | 200 | 210 | 220 | 230 | 240 |
| | VWCIENGTSP | NINGMWVMD | GEEQVTYPIK | PLLDHAVPTF | RQIMTHFSDI | AEAYIEKRN |
| | 250 | 260 | 270 | 280 | 290 | 300 |
| | IKAYMPRYGL | QRNLTDMSLA | RYAFNFYELH | SNTPVRAREA | HMQMKAALK | NAQNRLFGLD |
| | 310 | 320 | 330 | | | |
| | GNVSTQEEDT | ERHTTIDVTR | NIHNLLMGRG | VQ* | -C | |

第2図 SPFMV-TのcDNAの塩基配列より推定されたCPのアミノ酸配列

(注) 下線部はアブラムシ伝搬に関与するとされている配列