

サツマイモ斑紋モザイクウイルス普通系統の塩基配列の解析：HC-Pro, P1 遺伝子領域

酒井淳一・内田敦士・花田 薫 (九州農業試験場)

Junichi SAKAI, Atushi UCHIDA and Kaoru HANADA :

Nucleotide Sequence of the Sweetpotato Feathery Mottle Virus Ordinary Strain: HC-Pro and P1 Genes

サツマイモ斑紋モザイクウイルス普通系統 (SPFMV-O) のゲノム RNA の塩基配列については、すでに3' 末端から順に外被タンパク質, N1b タンパク質, N1a タンパク質, 細胞質封入体タンパク質, P3 タンパク質の各領域について報告した¹⁾²⁾。今回、さらに上流部のクローニングを行い、ヘルパーコンポーネント・プロテアーゼ (HC-Pro) および P1 タンパク質遺伝子の塩基配列を決定した。塩基配列から推定される HC-Pro および P1 タンパク質のアミノ酸配列についてサツマイモ斑紋モザイクウイルス強毒系統 (SPFMV-S)³⁾ と比較した。

1. 試験方法

SPFMV-O 感染アサガオ葉よりウイルス粒子を純化後、ウイルス RNA を精製した。既知の SPFMV-O の塩基配列からプライマーをデザインし、Gubler and Hoffman 法により、ウイルス RNA から cDNA を合成した。これをプラスミド Bluescript SK の EcoRV 切断部位に挿入しクローニングを行った。その結果得られた2つのクローンについて蛍光 DNA シークエンサー (ABI, 373A) を用いて塩基配列を決定した。

2. 結果および考察

塩基配列よりアミノ酸配列を推定したところ、SPFMV-O の HC-Pro の構成アミノ酸数は 458 個、P1 タンパク質の構成アミノ酸数は 689 個であった。これを SPFMV-S と比較すると、HC-Pro については構成アミノ酸数は同じで相同性は 93.2% であった。一方、P1 タンパク質においては構成アミノ酸数は SPFMV-S より 25 個多く、相同性は 84.2% であった (第1表)。HC-Pro は SPFMV-O が属するポティウイルスグループに特有のタンパク質であり、アブラムシによる伝搬性に関与するとともにプロテアーゼ活性を持つことが報告されている⁴⁾。SPFMV-O の HC-Pro の N 末端部にはシステインクラス

ター (cystein cluster) と呼ばれる特徴的な配列が、C 末端部には PTK box と呼ばれるアブラムシ伝搬に不可欠な配列およびプロテアーゼ活性部位 (proteinase active sites) が他のポティウイルスと同様に見出された (第1図)。

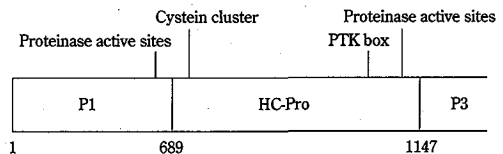
SPFMV-O と SPFMV-S との間で外被タンパク質, N1b タンパク質, N1a タンパク質, 細胞質封入体タンパク質, P3 タンパク質, HC-Pro および P1 タンパク質のそれぞれのアミノ酸配列を比較すると、P1 タンパク質以外では構成アミノ酸数は同じで相同性はいずれも 90% 以上であった。現在までのところ P1 タンパク質についてはプロテアーゼ活性をもつことその他、ウイルスの複製に補助的な働きをしていることが報告されている⁵⁾ のみで、他のウイルスタンパク質と比べてその機能についての知見は少ない。多くのポティウイルスにおいて、P1 タンパク質の病徴発現への関与は明らかではないが、SPFMV 両系統の病原性の差異が他のウイルスタンパク質と比べて相同性が低い P1 タンパク質に起因しているのかどうかを今後、検討する必要がある。

引用文献

- 1) Mori, M., Usugi, T., Hayashi, T. and Nishiguchi, M.: Biosci Biotech. Biochem. 58, 965-967, 1994.
- 2) 内田敦士・酒井淳一・岡田吉美・花田 薫: 日植病報 63, 483, 1997.
- 3) Sakai, J., Mori, M., Morishita, T., Tanaka, M., Hanada, K., Usugi, T. and Nishiguchi, M.: Arch. Virol. 142, 1553-1562, 1997.
- 4) Maia, I., G., Haenni, A. and Bernardi, F.: J. Gen. Virol. 77, 1335-1341, 1996.
- 5) Verchot, J. and Carrington, J., C.: J. Virol. 69, 3668-3674, 1995.

第1表 SPFMV-OとSPFMV-Sとのアミノ酸配列の比較

| | P1 | HC-Pro |
|------------------------------|---------|---------|
| 構成アミノ酸数 (SPFMV-O/SPFMV-S) | 689/664 | 458/458 |
| 相同性 (%) | 84.2 | 93.2 |



第1図 SPFMV-OのゲノムRNA5'末端領域の塩基配列より推定された遺伝子構造