

26. パパイア奇形葉モザイクウイルス (PLDMV) の全塩基配列

〔要約〕 東南アジア各国への蔓延が懸念されているパパイア奇形葉モザイクウイルス (PLDMV) の全塩基配列の解読により、その遺伝子構造を明らかにした。

国際農林水産業研究センター沖縄支所・作物保護研究室				連絡先	09808(3)9111
部会名	国際農業	専門	診断予防	対象	果樹類
				分類	研究

〔背景・ねらい〕

パパイアのウイルス病は果実に病斑を生じ商品価値を著しく損なうため、沖縄以南の熱帯アジア地域をはじめ世界中で大きな問題になっている。その病原の一つとして知られているパパイア奇形葉モザイクウイルス (PLDMV) は、これまでわが国の固有のウイルスとされてきたが、近年台湾各地でも発生が報じられ、東南アジア各国への蔓延が懸念されている (図 1、図 2)。

そこで本研究では、これまで明らかにされていなかった PLDMV の全塩基配列を解明し、その遺伝子構造を明らかにすることにより、分子生物学的手法による同病制御法の開発をめざした。

〔成果の内容・特徴〕

1. PLDMV 遺伝子の既知配列をもとに、5'RACE などの手法を用いて cDNA 断片群を得、そのシーケンスから、全塩基配列を決定した。
2. PLDMV は、10,153 塩基の RNA からなっている。5' 末端にはポリ A 配列とそれに続く 134 塩基からなる非翻訳領域が見いだされ、135 塩基目から 9,942 塩基目にかけて長大な読み取り枠 (ORF) が存在する。3' 末端には 208 塩基からなる非翻訳領域とポリ A 配列が存在する。ORF は、3,269 アミノ酸により構成され、10 種類のタンパク質がコードされている (図 3、表 1)。アミノ酸配列にもとづいた各タンパク質のホモロジー検索では、高い相同性を示すウイルスは見いだされず、PLDMV が他種ウイルスとの組換えによってできたウイルスなどではなく、独立したウイルス種であることを示している。
3. PLDMV と同時に発生しているパパイア輪点ウイルスパパイア系統 (PRSV-P) の各タンパク質のアミノ酸配列を PLDMV のそれと比較すると、これまで両者の識別に用いてきた CP は他のタンパクに比べ相同性が高く (図 4 右端)、P1 (図 4 左端) が最も相同性が低いことが明らかになった。

〔成果の活用面・留意点〕

1. PLDMV 遺伝子の P1 タンパク部分を識別することで RT-PCR などにより精度の高い遺伝子診断ができる。
2. 本遺伝子を用いた、PRSV-P・PLDMV 抵抗性組換えパパイアの作出を、アメリカ農務省・コーネル大学・JIRCAS との共同研究として実施中である。

〔具体的データ〕



図 1 PLDMV に感染したパパイアの果実

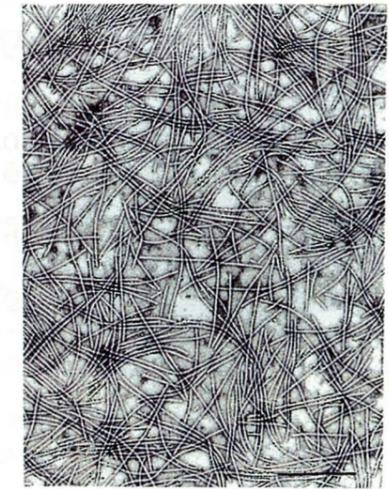


図 2 純化 PLDMV 粒子 バーは 500nm

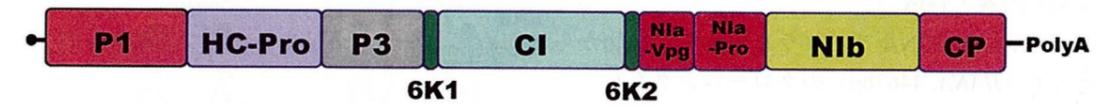


図 3 PLDMV の遺伝子構造

表 1 PLDMV のタンパク質と機能

名称	アミノ酸数	機能
P1	480	細胞間移行、プロテアーゼ
HC-Pro	458	アブラムシ伝搬、プロテアーゼ
P3	348	プロテアーゼ関連因子?
6K1	52	?
CI	635	ヘリカーゼ
6K2	52	?
Nla-Vpg	187	ゲノム結合タンパク
Nla-Pro	243	プロテアーゼ
Nib	521	ポリメラーゼ
CP	293	外被タンパク

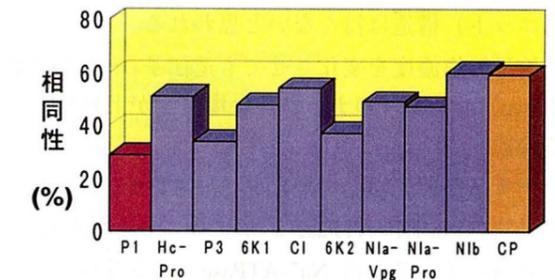


図 4 PLDMV と PRSV-P のタンパク質の相同性
これまで両者の識別に用いてきた CP より P1 のアミノ酸配列が最も相同性が低い。

〔その他〕

研究課題名：植物ウイルス遺伝子を用いたパパイアウイルス病抵抗性植物の作出
 予算区分：経常
 研究期間：平成 12 年度 (11 ~ 13 年度)
 研究担当者：眞岡哲夫・野田千代一
 発表論文等：投稿準備中