

温州蜜柑萎缩病毒3'端克隆与序列分析

孙现超¹ 刘颖¹ 杨方云² 青玲¹ 杨水英¹ 周常勇^{2*}

(1.西南大学植物保护学院植物病毒学研究室, 重庆 400716;

2.中国农业科学院柑桔研究所, 重庆 400716)

温州蜜柑萎缩病毒(*Satsuma dwarf virus*, SDV)是一种对柑橘产量造成损害的病原之一, 主要为害温州蜜柑。自从1937年发现以来已经遍及各个柑橘产区。据报道, 我国发生的SDV是20世纪80年代从日本引种过程中, 引进了携带SDV的柑橘品种造成的。随后, 随着引进品种的推广而在我国扩散。日本1998年, 已经对其S-8株系进行了全序列报道。而在我国, SDV传入后, 经过长期的环境适应, 其基因序列是否发生变异, 目前国内尚无人报道。我们对采自浙江黄岩和重庆奉节的4个感染SDV柑橘样品(保存在中国农业科学院柑桔研究所)进行了3'末端克隆分析。从4个样品中获得的SDV 3'末端序列测定表明, 其长度均为975bp, 其中包括了完整的SDV小外壳蛋白序列(small coat protein, SCP)。用DNASTar软件把4个样品中SDV 3'末端序列与Genbank登录的日本报道的SDV S-8株系序列(AB009959)进行对比分析。结果表明, B和B1与S-8的同源性均为99.7%, A1与S-8的同源性为98.7%, A与S-8的同源性为98.4%。4个样品中包含的SCP大小均为654bp, 预测编码218个氨基酸, 与S-8的SCP大小一致。氨基酸序列对比显示, 只有A和A1与S-8有99.5%的同源性, 只有A和A1与S-8在第54残基处有一个氨基酸发生突变, 由A突变为V。B和B1与S-8有100%的同源性, 表明4个样品中SDV序列在SCP处的碱基突变多为无意突变。基于对比序列的SCP氨基酸生成的系统发育树提示, 浙江黄岩本宫品种感染的SDV与S-8系同一株系, 而重庆奉节宫川品种上感染的SDV可能是由于S-8株系引进我国后, 在适应环境或品种的过程中发生了变异。这种变异是否在我国其他地区或其他品种上发生, 还要进一步采样分析。