病原力低下因子の分子学的解析

3 塩基配列解析
白紋病菌分離株 W370 から見出された dsRNA の塩基配列を決定したところ、各塩基は中央に一つの塩基領域をもっていた。各推定アミノ酸配列を相関性検索で解析したところ、S1 がコードすると考えられる推定タンパク質 VP1 は、Reoviridae 科 Coiltivirus 属の Colorado tick fever virus (CTFV) (Arroui et al., 2000)、European Eyach virus (EYAV) (Arroui et al., 2002) の RNA 依存 RNA 多連鎖 (RDRP) のアミノ酸配列と相同性が認められた。S2 の推定タンパク質 VP2 は、CTFV および EYAV の VP2 (メチルトランスフェラーゼに保存されたアミノ酸モチーフをもつ) のアミノ酸配列と相同性が認められた。S4 の推定タンパク質 VP4 は、CTFV の VP4 (細胞結合性タンパク質と考えられる) のアミノ酸配列と相同性が認められた。また、S6 の推定タンパク質 VP6 は、CTFV の VP10 (核酸結合機能をもつ)、Reoviridae 科 Fijivirus 属の Nilaparvata lugens reovirus の第 7 分節がコードするタンパク質と考えられる。