

小西葫芦黄化花叶病毒分离物的 3' 末端序列多态性研究

陈洁云 陈集双* 洪 健

(浙江大学生命科学学院 杭州 310029)

摘 要 研究了来自中国大陆 9 个小西葫芦黄化花叶病毒(ZYMV)分离物的基因组 3'末端核苷酸序列及所推导的外壳蛋白(CP)氨基酸序列以及 3'末端非编码区(UTR)序列,并与其它地区所报道的 16 个 ZMYV 分离物进行了同源性比较。ZYMV CP 基因核苷酸序列具有一定的寄主相关性和地域相关性,但总体上其关联程度不明显;同时,CP 氨基酸序列的寄主适应性程度明显高于地域相关性。25 个 ZYMV 分离物的 CP 氨基酸序列根据其变异程度分为 2 个区: N 端约 41 个氨基酸为高度变异区,CP 核心区和 C 端氨基酸序列为保守区。研究结果初步揭示了 ZYMV 作为单链 RNA 病毒通过与寄主相互作用而表现寄主适应性变异的趋势。

关键词 小西葫芦黄化花叶病毒,序列,同源性分组,CP 保守区,寄主适应性

中图分类号:Q785;S436.421 文献标识码:A 文章编号:1006-6179(2003)03-0388-07

小西葫芦黄化花叶病毒(*Zucchini yellow mosaic virus*, ZYMV)是马铃薯 Y 病毒属(Potyvirus)的重要成员之一。自然条件下 ZYMV 主要侵染葫芦科作物,通过蚜虫在不同植株之间传播扩散,极少由种子传播^[1]。根据近年来的研究结果,ZYMV 为我国特别是浙江地区葫芦科作物病害最主要的病毒之一,其引起的田间症状相当严重,明显影响了葫芦科作物的产量和瓜蔬品质。

由于植物 RNA 病毒具有高变异性和容易受到环境影响的特点,很多病毒表现出基因组序列的多态性,生物学特性也呈现不断变化的趋势,这一特点给病害防治带来了困难^[2]。ZYMV 和其它 Potyvirus 的基因组 3'末端包括外壳蛋白(Coat protein, CP)基因和非编码区(UTR),参与病毒的包装、运输、蚜虫传播等重要过程^[3],是显示 RNA 病毒的寄主和其它环境适应性的分子基础。本研究通过对 9 个 ZYMV 中国大陆分离物基因组 3'末端的基因克隆,以及与其它地区已报道的 16 个 ZYMV 分离物的序列多态性分析比较,以期明确该病毒变异的规律,探索其基因组变异与寄主来源和地域差异的相互关系,为实现 ZYMV 的有效控制提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 毒原与试剂

用于本研究的 9 个 ZYMV 中国大陆分离物毒原分别来源于浙江、北京、陕西、海南和山东等地区自然感病的葫芦科作物。毒原经过 3 次单斑分离纯化后,在西葫芦上保存繁

基金项目 国家 863 项目(2002AA241121),国家自然科学基金资助项目(30270744)

* 通讯作者。Tel/Fax: 86-571-86971586, E-mail: mmlab@zju.edu.cn

作者简介 陈洁云(1977-),女,浙江慈溪人,硕士,主要从事微生物分子生物学研究。

收稿日期 2002-09-20,修回日期 2002-12-30

殖。

用于分子克隆的 pGEM T-easy vector 购自 Promega 公司, RT-PCR 试剂盒、PCR 片段回收试剂盒等分子生物学试剂均为 TaKaRa 公司产品。

1.2 RNA 抽提和第一链 cDNA 合成

病毒 RNA 制备采用本实验室方法制备^[4]。以提取的病毒 RNA 为模板,在 Oligo(dT) 引导下,参照试剂盒说明合成 cDNA 第一链。

1.3 PCR 扩增

参照已发表的 ZYMV 序列(GenBank 序列号 L31350、D13914、AB004641、AB004640、AF127930、AF127929)设计合成 PCR 引物。5' 端引物 ZF 位于 CP 基因上游(NIB 基因 3' 端)3' 端引物 ZR 与 3'-UTR 互补。引物设计如下,ZF:5' AAGGAGACAC(CT)GT(AG)AT-GCTC 3'; ZR:5' GTAAGCTTAGGCTTGCAAACGG 3'。取 10 μ L 逆转录产物为模板,用引物 ZF、ZR 进行常规 PCR 扩增。

1.4 克隆、测序和分析

扩增产物经 PCR 回收试剂盒纯化后,按 Promega T-easy 载体试剂盒说明进行连接反应,转化到 *E. coli* TG1 感受态细胞。在 LB 培养基上 37 $^{\circ}$ C 培养 16h,挑取白色菌落,碱法提取质粒 DNA,经 PCR 扩增及 *Eco*RI 酶切鉴定重组质粒。

采用 BigDye terminator v 2.0 测序试剂在 ABI PRISM 377-96 型 DNA 自动测序仪上进行序列测定。用 DNASTar 软件分析获得的各病毒分离物基因组相应序列,并与美国、日本、中国台湾等地区的 ZYMV 分离物进行核苷酸及氨基酸序列的同源性比较。

2 结果

2.1 序列分析

对阳性重组质粒的插入片段进行序列测定,确认其包括完整的 ZYMV CP 基因和 3'-UTR。获得的 9 个中国大陆分离物的 CP 基因均为 837nt,分别编码 279 个氨基酸,3'-UTR 大小(不包括 PolyA 尾)为 210~211nt。采用 DNASTar 序列分析软件将所获得的序列与 16 个文献报道来源于不同地区、作物的 ZYMV 分离物进行同源性比较(表 1)。

2.2 CP 基因核苷酸序列分析结果

25 个 ZYMV 分离物 CP 基因核苷酸序列的同源性介于 81.7%~99.6% 之间,平均值为 91.3%。CP 基因核苷酸序列变异具有一定的寄主适应性和地域相关性,但关联程度不甚明显。只有中国台湾地区和美国分离物表现出一定的地域相关性,寄主相关性仅体现于丝瓜、冬瓜分离物中。

2.3 CP 氨基酸序列分析结果

根据 CP 核苷酸序列推导对应的氨基酸序列,25 个 ZYMV 分离物 CP 氨基酸序列的同源性明显高于核苷酸序列的同源性,平均值为 95.0%。从总体上分析,CP 氨基酸序列与病毒寄主来源有更紧密的相关性。根据不同分离物 CP 氨基酸序列的变异程度,其可以分为两个区域:N 端约 41 个氨基酸为“高度变异区”,氨基酸的变异主要集中在该区域;“CP 核心区”及 C 端氨基酸序列为保守区,该区域序列保守性较高。为了更好地显示 CP 氨基酸序列地域变异及其与寄主的关系,本文进一步分析了 CP 氨基酸 N 端变异区与核

表 1 参与序列比较的 ZYMV 分离物来源

Table 1 The origins of ZYMV isolates for sequences comparison

分离物 Isolates	国家或地区 Countries or regions	作物 Crops	GenBank 登陆号 GenBank No.	登陆作者 Author
HZ00S1	China (Hangzhou Zhejiang)	<i>Cucurbita moschata</i>	AF435425	Chen J S
SX01W6	China (Shanxi)	<i>Benincasa hispida</i>	AY074808	Chen J S
BJ01S3	China (Beijing)	<i>C. moschata</i>	AY074809	Chen J S
CX01M2	China (Cixi Zhejiang)	<i>Cucumis melo</i>	AY074810	Chen J S
DY01S4	China (Dongyang Zhejiang)	<i>C. moschata</i>	AF486822	Chen J S
HN01B5	China (Hainan)	<i>B. hispida</i> var. Chieh-qua	AF486823	Chen J S
SD02W7	China (Shandong)	<i>B. hispida</i>	AF513552	Chen J S
SY02S8	China (Shangyu Zhejiang)	<i>C. moschata</i>	AF513550	Chen J S
NB02S9	China (Ningbo Zhejiang)	<i>C. moschata</i>	AF513551	Chen J S
RI	Fance (Reunion Island)	Unkown	L29569	Wisler G C
Cu	Korea	<i>Cucumis sativus</i>	AF062518	Yoon J Y
Con	USA (Connecticut)	<i>Cucurbita pepo</i>	D00692	Grumet R ^[5]
Flo	USA (Florida)	Unkown	D13914	Quemada H
Cal	USA (California)	Unkown	L31350	Wisler G C
M	Japan	Unkown	AB004641	Ohshima K ^[6]
I69	Japan	Unkown	AB004640	Kundu A K ^[6]
TW-CY2	China (Taiwan)	<i>Luffa cylindrica</i>	AF127930	Lin S S
TW-TN3	China (Taiwan)	<i>L. cylindrica</i>	AF127929	Lin S S
TW-PT5	China (Taiwan)	<i>Momordica charantia</i>	AF127934	Huang C H
TW-NT1	China (Taiwan)	<i>C. sativus</i>	AF127933	Lin S S
TW-TNML1	China (Taiwan)	<i>C. melo</i>	AF127932	Lin S S
TW-TC1	China (Taiwan)	<i>Cucurbita maxima</i>	AF127931	Lin S S
Sin	Singapore	Unkown	AF014811	Lee K C
10	Hungary	<i>C. sativus</i>	AJ251527	Tobias I
NAT	Israel	Unkown	M35095	Gal-On A

心及 C 端保守区的同源性。

2.3.1 CP 氨基酸 N 端序列分析结果 CP 氨基酸变异区集中在 N 端前 41 个氨基酸, 聚类分析结果基本上为两两聚合, 不能获得明显的分组结果。25 个分离物 CP N 端氨基酸序列的同源性在 41.0% ~ 100%, 平均值为 80.7%。此区不同分离物间的同源性差异很大, 如台湾黄瓜分离物 TW-NT1 与杭州南瓜分离物 HZ00S1 的同源性高达 100%, 而 TW-NT1 与法国分离物 RI 的同源性仅为 41.0%, 该区域序列变化较大, 其同源性超出种内保守性

范围。

2.3.2 CP 氨基酸保守区序列分析结果 :CP 氨基酸保守区表现为明显的同源性分组趋势,所有分离物的同源性在 92% ~ 100% 之间,平均同源性为 97.4%,有 38 对分离物组合的同源性达到 100%。该区域的氨基酸序列同源性比较结果如图 1 和表 2 所示。

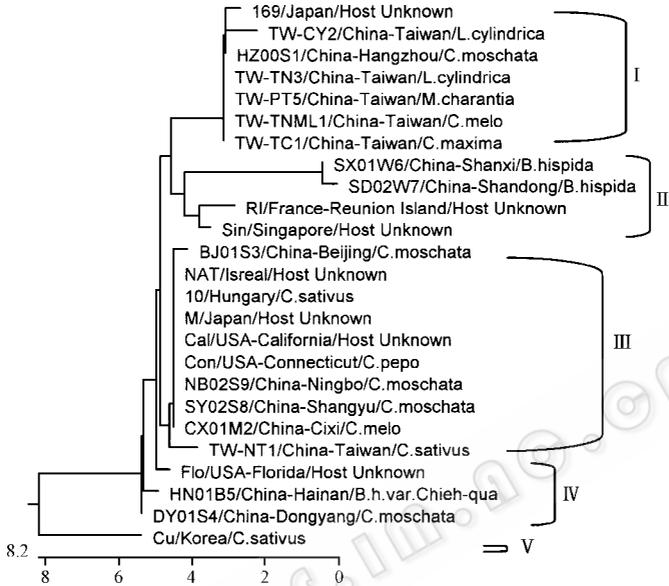


图 1 25 个 ZYMV 分离物 CP 氨基酸核心区及 C 端序列的遗传关系树状图

Fig.1 Dendrogram of genetic relationships among center-region and C terminal of CP of 25 ZYMV isolates

根据聚类趋势和限定同基因型内各成员之间的序列同源性在 95% 以上,包括 9 个中国大陆分离物在内的 25 个分离物可以分为 5 个基因型。其中,分离物 169、TW-CY2、HZ00S1、TW-TN3、TW-PT5、TW-TNML1、TW-TC1 组成 I 型,基因型内同源性为 98.7% ~ 100%,平均为 99.7%。分离物 SX01W6、SD02W7、RI 和 Sin 组成 II 型,II 型内的同源性为 95.0% ~ 99.6%,平均为 96.5%。分离物 BJ01S3、NAT、10、M、Cal、Con、NB02S9、SY02S8、CX01M2 与分离物 TW-NT1 组成 III 型,该基因型内分离物之间的同源性为 98.7% ~ 100%,平均为 99.8%。组内除 BJ01S3 与 TW-NT1 外,其余 8 个分离物间的同源性均达到 100%。分离物 Flo、HN01B5、DY01S4 形成 IV 型,基因型内的同源性在 98.7% ~ 99.6% 之间,平均为 99.2%。分离物 Cu 与其它分离物的同源性均低于 95%,形成独立的 V 型。

从病毒的地域相关性分析,在中国台湾分离物上表现较为明显,除 1 个中国台湾分离物 TW-NT1 属于 III 型,其余 5 个中国台湾分离物都属于 I 型。中国大陆 9 个分离物以及来自浙江省 5 个分离物在分组上均比较离散。2 个美国分离物 Con 与 Cal 同属于 III 型,分离物 Flo 属于 IV 型。两个日本分离物 169、M 分别属于 I 型和 III 型。

CP 保守区氨基酸序列的分组结果表现出相对较高的寄主适应性。两个冬瓜分离物 SD02W7、SX01W6 同属于基因型 II,两个丝瓜分离物 TW-CY2、TW-TN3 属于 I 型。南瓜分离物中 NB02S9、SY02S8、BJ01S3 属于 III 型,同源性高达 99.6% ~ 100%,但其余两个分离物 DY01S4、HZ00S1 分别属于 IV 型和 I 型。黄瓜分离物 TW-NT1、10 属于基因型 III,另一黄瓜

表 2 25 个 ZYMV 分离物 CP 核心区与 C 端氨基酸的序列比较

Table 2 Comparison of center region and C. terminal of CP among 25 ZYMV isolates

Isolates	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1 HZ00S1	-	94.5	97.5	97.9	97.9	97.5	94.1	97.9	97.9	97.5	92.9	97.9	97.9	97.9	97.9	99.6	99.2	100	100	97.5	100	100	97.1	97.9	97.9
2 SX01W6	5.7	-	95.0	95.4	95.4	95.0	99.6	95.4	95.4	95.4	89.9	95.4	95.4	95.4	94.1	93.7	94.5	94.5	94.5	94.5	94.5	94.5	95.4	95.4	95.4
3 BJ01S3	2.6	5.2	-	99.6	98.7	98.3	94.5	99.6	99.6	97.1	93.3	99.6	98.7	99.6	99.6	97.1	96.6	97.5	97.5	98.7	97.5	97.5	98.3	99.6	99.6
4 CX01M2	2.1	4.8	0.4	-	99.2	98.7	95.0	100	97.5	93.7	100	99.2	100	100	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	99.2	97.9	97.9	98.7	100
5 DY01S4	2.1	4.8	1.3	0.8	-	99.6	95.0	99.2	99.2	96.6	94.5	99.2	99.2	99.2	99.2	97.5	97.1	97.9	97.9	98.7	97.9	97.9	97.9	99.2	99.2
6 HN01R5	2.6	5.2	1.7	1.3	0.4	-	94.5	98.7	98.7	96.2	94.1	98.7	98.7	98.7	97.1	96.6	97.5	97.5	98.3	97.5	97.5	97.5	98.7	98.7	98.7
7 SD02W7	6.1	0.4	5.7	5.2	5.7	-	95.0	95.0	95.0	89.5	95.0	95.0	95.0	93.7	93.3	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	95.0	95.0
8 SY02S8	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	-	100	97.5	93.7	100	99.2	100	100	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	97.9	97.9	98.7	100
9 NB02S9	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	-	97.5	93.7	100	99.2	100	100	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	97.9	98.7	100	100
10 RI	2.6	4.8	3.0	2.6	3.4	3.9	5.2	2.6	2.6	-	91.6	97.5	97.5	97.5	97.5	97.1	96.6	97.5	97.5	96.6	97.5	97.5	98.7	97.5	97.5
11 Cu	7.5	10.9	7.1	6.6	5.7	6.1	11.3	6.6	6.6	8.9	-	93.7	94.1	93.7	93.7	92.4	92.0	92.9	92.9	93.3	92.9	92.9	92.4	93.7	93.7
12 Con	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	0.0	2.6	6.6	-	99.2	100	100	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	97.9	98.7	100	100
13 Flo	2.1	4.8	1.3	0.8	0.8	1.3	5.2	0.8	0.8	2.6	6.1	0.8	-	99.2	99.2	97.5	97.1	97.9	97.9	98.3	97.9	97.9	97.9	99.2	99.2
14 Cal	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	0.0	2.6	6.6	0.0	0.8	-	100	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	97.9	98.7	100	100
15 M	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	0.0	2.6	6.6	0.0	0.8	0.0	-	97.5	97.1	97.9	97.9	99.2	97.9	97.9	98.7	100	100
16 I69	0.4	6.1	3.0	2.6	2.6	3.0	6.6	2.6	2.6	3.0	8.0	2.6	2.6	2.6	2.6	-	98.7	99.6	99.6	97.1	99.6	99.6	96.6	97.5	97.5
17 TW - CY2	0.8	6.6	3.4	3.0	3.0	3.4	7.1	3.0	3.0	3.4	8.5	3.0	3.0	3.0	1.3	-	99.2	99.2	96.6	99.2	99.2	96.2	97.1	97.1	97.1
18 TW - TN3	0.0	5.7	2.6	2.1	2.1	2.6	6.1	2.1	2.1	2.6	7.5	2.1	2.1	2.1	2.1	0.4	0.8	-	100	97.5	100	100	97.1	97.9	97.9
19 TW - PT5	0.0	5.7	2.6	2.1	2.1	2.6	6.1	2.1	2.1	2.6	7.5	2.1	2.1	2.1	2.1	0.4	0.8	0.0	-	97.5	100	100	97.1	97.9	97.9
20 TW - NT1	2.6	5.7	1.3	0.8	1.3	1.7	6.1	0.8	0.8	3.4	7.1	0.8	1.7	0.8	0.8	3.0	3.4	2.6	2.6	-	97.5	97.5	97.9	99.2	99.2
21 TW - TNML1	0.0	5.7	2.6	2.1	2.1	2.6	6.1	2.1	2.1	2.6	7.5	2.1	2.1	2.1	2.1	0.4	0.8	0.0	0.0	2.6	-	100	97.1	97.9	97.9
22 TW - TC1	0.0	5.7	2.6	2.1	2.1	2.6	6.1	2.1	2.1	2.6	7.5	2.1	2.1	2.1	2.1	0.4	0.8	0.0	0.0	2.6	0.0	-	97.1	97.9	97.9
23 Sin	3.0	4.8	1.7	1.3	2.1	2.6	5.2	1.3	1.3	1.3	8.0	1.3	2.1	1.3	1.3	3.4	3.9	3.0	3.0	2.1	3.0	3.0	-	98.7	98.7
24 10	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	0.0	2.6	6.6	0.0	0.8	0.0	0.0	2.6	3.0	2.1	2.1	0.8	2.1	2.1	1.3	-	100
25 NAT	2.1	4.8	0.4	0.0	0.8	1.3	5.2	0.0	0.0	2.6	6.6	0.0	0.8	0.0	0.0	2.6	3.0	2.1	2.1	0.8	2.1	2.1	1.3	0.0	-

Note: The above-right part presents sequence similarity, and the low-left part presents sequence diversity.

分离物 Cu 形成独立的基因型:V 型。甜瓜分离物 TW-TNML1 与 CX01M2 分别属于 I 型和 III 型,这可能与甜瓜繁多的品种有关。

2.4 3'-UTR 核苷酸序列分析结果

25 个 ZYMV 分离物的 3'-UTR 长度不一,主要在 209~211nt 之间,而分离物 RI 全长为 245nt,在靠近 UTR 5' 端有 3 个短序列的连续插入。

3'-UTR 的序列变异没有表现明显的分组规律。所有分离物的同源性基本上在 90% 以上,平均值为 95.5%,高于 CP 核苷酸序列的平均同源性和 CP 氨基酸序列的平均同源性,但低于 CP 保守区的同源性。3'-UTR 序列的地域相关性与寄主适应性表现均不明显;UTR 序列的变异与 CP 基因序列没有明确的对应关系。

3 讨论

前人研究中根据氨基酸残基所处的空间结构,将 Potyvirus 的 CP 氨基酸分为 N 端(约 41 个氨基酸,暴露于粒子表面)、核心区(与病毒粒子形成具有密切关系)和 C 端(约 20 个氨基酸,暴露于粒子表面)3 个功能区^[7-8]。本研究结果显示,ZYMV CP N 端氨基酸同源性较低,变化较大,一些分离物之间同源性低于 50%,超出种内氨基酸同源性的范畴,而不同来源的个别分离物组合的同源性却达到 100%。因此,选择 CP 可变区作为基因型分组的区域,显然容易受到高突变率的影响。Lin 等^[9]对来源于不同地区的 11 个 ZYMV 分离物进行了 3'末端序列的多态性研究,并将其分为 4 个不同的基因型(Genotype)。该研究主要强调了 CP 可变区与地域来源的关系,而且没有直接显示 ZYMV 的寄主来源与基因型差别的联系。本研究根据更多分离物的比较结果显示,CP 可变区序列既不能反映该病毒的地域相关性,也不能显示其寄主适应性。

本研究表明来自世界各地的 ZYMV CP 保守区序列与寄主来源的相关性高于地域相关性。此结果在一定程度上说明了 ZYMV 作为单链 RNA 病毒,在不同寄主上通过基因组序列的突变和群体筛选,快速适应寄主——病毒作用的分子机制,从而产生适应性变异的可能性;同时,由于世界大部分地区存在多种葫芦科植物混合栽培和病毒在不同作物之间交互侵染的现象,因此,其序列变异和同源性、与地域相关性的程度相对较弱。我们在研究同样是 Potyvirus 的芜菁花叶病毒(TuMV)时,发现其序列变异既有寄主适应性因素,也有地域相关性因素的现象^[10]。由此可见,Potyvirus 通过基因组 RNA 的快速突变适应寄主关系的现象比较普遍。

致谢 感谢东南大学生物医学工程系孙啸教授、傅静同学在序列同源性分析过程中给予的协助。

参 考 文 献

- [1] Desbiez C, Lecoq H. Zucchini yellow mosaic virus. *Plant Pathology*, 1997, **46**: 809~829.
- [2] Mahgoub H A, Desbiez C, Wipf-Schebel C, et al. Biological and serological variability of Zucchini yellow mosaic virus in Sudan. *Phytopathol Phytopathologische Zeitschrift*, 1998, **146**(7): 333~337.
- [3] Urcuqui-Inchima S, Anne-Lise H, Bernardi F. Potyvirus proteins: a wealth of functions. *Virus Res*, 2001, **74**: 157~175.
- [4] 陈集双,张耀洲,冯明光. 黄爪花叶病毒萝卜分离株卫星 RNA 的克隆及其与 12 个卫星 RNA 核苷酸序列的比

较. 浙江大学学报(农业与生命科学版) 2001, 27(3): 249 ~ 254.

- [5] Grumet R, Fang G W. cDNA cloning and sequence analysis of the 3'-terminal region of Zucchini yellow mosaic virus RNA. *J Gen Virol*, 1990, 71(7): 1619 ~ 1622.
- [6] Kundu A K, Ohshima K, Sako N. Nucleotide sequences of the coat protein genes of two Japanese Zucchini yellow mosaic virus isolates. *Acta Virol*, 1997, 41(5): 297 ~ 301.
- [7] Shukla D D, Ward C W. Amino acid sequence homology of coat proteins as a basis for identification and classification of the Potyvirus group. *J Gen Virol*, 1988, 69: 2703 ~ 2710.
- [8] Shukla D D, Strike P M, Tracy S L, et al. The N and C termini of the coat protein of Potyvirus are surface-located and the N terminus contains the major virus-specific epitopes. *J Gen Virol*, 1988, 69: 1497 ~ 1508.
- [9] Lin S S, Hou R F, Yeh S D. Heteroduplex mobility and sequence analyses for assessment of variability of Zucchini yellow mosaic virus. *Virology*, 2000, 90(3): 228 ~ 235.
- [10] Ohshima K, Yamaguchi Y, Hirota R, et al. Molecular evolution of Turnip mosaic virus: evidence of host adaptation, genetic recombination and geographical spread. *General Virol*, 2002, 83(5): 1511 ~ 1521.

Sequence Diversity of the 3' End Genome for Zucchini Yellow Mosaic Virus Isolates

Chen Jieyun Chen Jishuang* Hong Jian

(Faculty of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China)

Abstract : The present study analyzed the 3' end sequence of nine mainland isolates of Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) genome including the coat protein (CP) gene and 3' end un-translated region (UTR). Obtained sequence data was compared with previously reported sequences of 16 ZYMV isolates from other regions of the world. In a certain degree, similarity of nucleic acid sequence for CP gene was found being related with the host origin and geological distribution, but not very obvious. Similarity of the CP amino acid sequences deduced from nucleic acid sequences of the 25 ZYMV isolates reached a higher sequence similarity and a clearer relationship to the host origins than to the geological distributions. According to its variation, the amino acid sequence of ZYMV CP was divided into two parts——“ the high variable region ” contains about 41 amino acids at its N end, while “ the conservative region ” includes CP core-region and C termini amino acids. Our results showed that the trend of ZYMV variation for its rapid adoption for fitness of the ecological condition, especially to host interaction by mutation of its genomic RNA.

Key words Zucchini yellow mosaic virus, Sequence, Similarity alignment, Conservative region of CP, Genomic mutation correspondent to host origin

Foundation item : Chinese National Programs for high Technology Research and Development(2002AA24121); Chinese National Natural Science Fund(30270744)

* Corresponding author. Tel/Fax : 86-571-86971586 ; E-mail : mmlab@zju.edu.cn

Received date 09-20-2002

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 <http://journals.im.ac.cn>