

국내에서 분리된 Tropivirus에 대한 major capsid protein (MCP) gene의 비교

김위식, 신이치 키타무라, 정성주, 김영진, 정태성*, 오명주
여수대학교 수산생명의학과, *경상대학교 수의학과

서론

이리도바이러스과는 Iridovirus, Chloriridovirus, Ranavirus, Lymphocystisvirus 속으로 구성되어 있다 (Williams et al., 2000). 그러나 최근 Sudthongkong et al. (2000)에 의해 새로운 Tropivirus속이 제안되었다. Tropivirus속에 대표적인 바이러스는 Red sea brem iridovirus (RSIV)이며, 31종의 양식 어류에 감수성이 있음이 보고되었다 (Kawakami and Nakajima, 2002). 바이러스에 감염된 어류는 전신성 감염으로 거대세포가 다양한 조직에서 관찰되며, 신장과 비장의 괴사가 나타난다. 본 연구에서는 국내에서 분리되는 tropical iridovirus들의 major capsid protein (MCP) gene을 sequencing한 후, 국내외 strains간의 차이를 비교·분석하였다.

재료 및 방법

바이러스 : 바이러스는 1999년부터 2002년까지 거대세포를 특징으로 하여 대량 폐사 된 참돔, 돌돔, 농어 그리고 터봇의 비장조직을 사용하여 분리하였다.

DNA 분리 및 유전자 증폭 : 분리된 바이러스로부터 TRIZOL (GIBCO BRL)과 chloroform을 사용하여 DNA를 분리하였으며, Sudthongkong et al. (2000)이 보고한 MCP gene을 기초로 primer (IF, IR)를 제작하여 PCR을 실시하였다.

염기서열 분석 : PCR products를 정제 후, cloning하여 염기서열을 확인하였고 모든 결과는 GENETYX를 사용하여 분석하였다. 또한 Sudthongkong et al. (2000)이 보고한 strains의 MCP gene과도 비교분석하였다.

결과 및 요약

Tropical iridovirus들의 MCP gene을 sequencing한 후, 국내외 strains간의 차이를 비교·분석해 본 결과, 3개의 genogroups을 발견할 수 있었다. Genogroup 1은 일본에서 보고된바 있는 RSIV와 99%이상의 높은 homology를 보였으며, genogroup 2는 95.07%의 homology, type 3은 94.3%의 homology를 보였다 (Fig. 1).

Genogroup 1에 속하는 strains은 566-1299 bp 염기서열 사이에 mutation이 관찰되지 않았으며, deduced amino acid sequences 분석결과, strains간에 99.77% 이상의 homology를 보였다. Genogroup 2는 인도네시아와 말레이시아에서 서식하는 열대 관상용 어류에서 분리한 strains로서, genogroup 1, 3의 염기서열과는 다른 형태의 mutation 부위가 전체 염기서열에서 관찰되었다. deduced amino acid sequences 분석결과, strains간에 99.77%의 homology를 보였다. Genogroup 3은 터북에서 분리한 strain으로서 genogroup 1과는 전혀 다른 형태의 mutation이 전체 염기서열에서 관찰되었다. 이상의 결과, 국내에서 분리된 Tropivirus는 genogroup 1, 3으로 나눌 수 있었다.

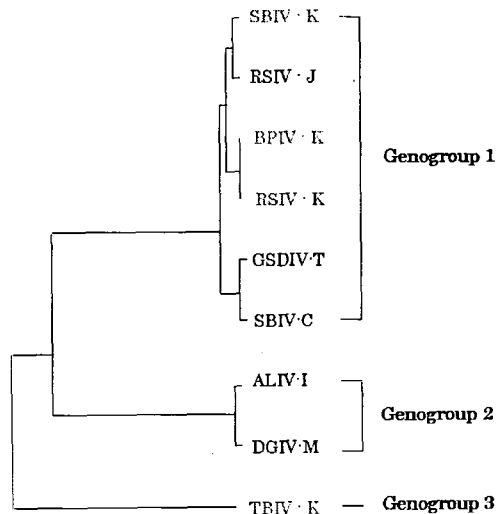


Fig 1. Phylogenetic tree represents the relationship of Tropivirus based on nucleotide sequences of MCP gene.

참고 문헌

- Kawakami H, Nakajima K (2002) Cultured fish species affected by red sea bream iridoviral disease from 1996 to 2000. *Fish Pathol* 37(1): 45-47.
- Sudthongkong C, Miyata M, Miyazaki T (2002) Viral DNA sequences of genes encoding the ATPase and the major capsid protein of tropical iridovirus isolates which are pathogenic to fishes in Japan, South China Sea and Southeast Asian countries. *Arch Virol*. 147: 2089-2109.
- Williams T, Chinchar G, Darai G, Hyatt A, Kalmakoff J, Seligy V (2000) Family Iridoviridae. In: Van Regenmortel MHV, Fauquet CM, Bishop DHL, Carstens EB, Estes MK, Lemon SM, Miniloff J, Mayo MA, McGeoch DJ, Pringle CR, Wickner RB (eds) *Virus taxonomy*. Academic Press, San Diego, p 167-182.