

SECUENCIA DEL GENOMA DE UN AISLAMIENTO DEL VIRUS DE LA TRISTEZA DE LOS CÍTRICOS

GENOME SEQUENCE OF A CITRUS TRISTEZA VIRUS ISOLATE

Jesús Di Carlo Quiroz Velásquez¹, Ma. de los Ángeles Peña del Río², Ma. Antonia Cruz Hernández¹,
Susana Fernández Dávila¹, Maurilio González Paz y Alberto Mendoza Herrera*

¹ Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo, Biotecnología Vegetal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Blvd. del Maestro/Elías Piña, s/n Col. Narciso Mendoza, Cd. Reynosa, Tam. 77810. Tel: (52-899) 924-36 27, Fax: (52-899)9 25-16-56. ² Campo experimental General Terán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. AP 67400. General Terán NL.

*Autor para correspondencia (amendozah@ipn.mx)

RESUMEN

El genoma de un aislamiento severo del virus de la tristeza de los cítricos (VTC) de México (CBG-VTC1) se secuenció en su totalidad. Los 19 300 nucleótidos (nt) del genoma se dividen en 12 marcos de lectura abierta (ORF's) que codifican para 15 proteínas y dos regiones no traducibles (5' y 3'-UTR). El primer marco de lectura abierta inició en el nucleótido 108 con un tamaño de 9587 nt, y codificó para tres proteínas traslapadas, una poliproteína de 357 kDa que contiene dos proteasas contiguas (P-PRO), una metiltransferasa (MTR) y una helicasa (HEL). El segundo ORF traslapó en los últimos 55 nt de las proteasas; éste codifica para una ARN polimerasa ARN-dependiente (RdRp) con un peso molecular de 47 kDa cuya función es la replicación. Los ORF's del 2 al 10 codificaron 10 productos proteicos con un rango que va de 6 a 65 kDa. El genoma CBG-VTC1 presentó similitud con genomas ya reportados, y difirió solamente en 2 a 74 nt. La región 5'-UTR del CBG-VTC1 mostró 55 % de identidad con T30, 57.9 % con SY568, 100 % con T36 y solamente 58.9 % con VT, mientras que la región 3'-UTR tuvo 96 % de identidad en todos los aislamientos. La identidad aminoacídica promedio fue de 87.0 % con un aislamiento débil (T30) y de 85.9 %, 93.7 % y 85.13 % con las razas severas SY568, T36 y VT, respectivamente.

Palabras clave: *Clusterovirus*, virus de la tristeza de los cítricos, genoma, secuenciación.

SUMMARY

The genome of a citrus tristeza virus severe strain from México was completely sequenced. The 19 300 nt genome has 12 open reading frames (ORFs) encoding for 15 proteins and two UTRs (5' and 3' -UTR). The first ORF starts at the nucleotide 108 position and comprises 9587 nt, and it encodes for three overlapping proteins, a large polyprotein of 357 kDa that contains two papain-like proteases (P-PRO), a methyltransferase (MT) and a helicase (HEL). The second ORF overlaps on the last 55 nt of the papain-like proteases and encodes for a 47 kDa putative RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) with a replication function. The following ORFs encode for 10 proteins from 6 to 65 kDa. Both genomes had 55 % identity at 5'UTR, 57.9 % at T30, 100 % at SY568, 58.9 % at T36 and VT, and 96 % identity at 3' UTR for all isolates. Average of putative amino acid sequences identities showed of 87.0 % with a mild isolate (T30) and 85.9 %, 93.7 % and 85.13 % with severe isolates T30, SY568, T36 and VT, respectively.

Key words: *Clusterovirus*, citrus tristeza virus, genome, sequence.