

西日本のメロンに発生した MNSV6 分離株の CP 遺伝子の塩基配列の比較

小山 麻希¹⁾・酒井 淳一²⁾・相原 弘和¹⁾・花田 薫²⁾

(¹⁾協和種苗株式会社長南研究農場・²⁾九州農業試験場)

Comparison of nucleotide sequence of the coat protein gene of six MNSV isolates found in West Japan. Maki Oyama¹⁾, Jun-ichi Sakai²⁾, Hirokazu Aihara¹⁾ and Kaoru Hanada²⁾

(¹⁾ Kyowa Seed Co., Ltd., Chonan, Chiba 297-0142, Japan. ²⁾ Kyushu National Agricultural Experiment Station, Nishigoshi, Kumamoto 861-1192, Japan)

Key words: coat protein gene, isolates, *Melon necrotic spot virus*, nucleotide sequence, RT-PCR

緒 言

メロンえそ斑点ウイルス (*Melon necrotic spot virus*, MNSV) は, *Carmovirus* 属に属する球形ウイルスである。メロンえそ斑点病は1959年に静岡のメロンに発生し, 以来メロンのハウス栽培の普及とともに発生地域を拡大して, 現在では北海道から沖縄に至る全国の産地で発生し問題となっている (岸, 1966; Matsuo et al., 1991)。葉に大・小の病斑, 茎にえそ, 根に褐変などの病徴をあらわす。汚染土壌, 発病植物, 汚染種子などを伝染源とし, 土壌伝染・汁液伝染・種子伝染によって伝染する (岸, 1966)。土壌伝染は, 土壌中に生息するべん毛菌類の一種 (*Olpidium cucurbitacearum* Barr et Dias) によって媒介される (古木, 1981)。

我が国で発生する MNSV には, 寄生性や血清型の異なる静岡系統 MNSV-S, および2つの長崎系統 MNSV-NH と MNSV-NS (Matsuo et al., 1991) が知られている。また, 海外ではカリフォルニア株 MNSV-C (Riviere and Rochon, 1990) などが報告されている。特に MNSV-NH は, 他の系統に比べてメロンへの全身感染率が高く, 大きな被害を及ぼすことが知られている。現在までに, 分子生物学的手法により, 各系統の塩基配列の解析や RT-PCR 法による系統特異的検出などが行われてきた (松尾ら, 1998)。しかし, MNSV の塩基配列レベルの変異性の検討や, 既報の系統以外の変異株の存在の可能性についてはあまり報告されていない。

そこで本報告では, 西日本で発生している MNSV 6 分離株について, 外被タンパク質 (CP) 遺伝子の塩基配列を決定し, 比較することによってその変異性を調査した。

材料および方法

西日本で MNSV の発生が確認されたメロン圃場から各分離株の採集を行った (第1図)。沖縄, 大分, 山口, 島根, 高知, 滋賀の各県から, それぞれ MNSV-yo, MNSV-OT, MNSV-YF, MNSV-si, MNSV-u, MNSV-ta の各分離株を採集した。

MNSV-OT, MNSV-u については発病土壌にメロンを播種し, 2-4 週間後, 生育したメロンの根から total RNA を抽出した。他の分離株については発生地の病葉を採集し, これらから total RNA を抽出した。RNA の抽出は, いずれの場合にも RNeasy Plant mini kit (QIAGEN) を用いるか, またはフェノール・クロロホルム法で行った。抽出した total RNA を鋳型として RT-PCR を行い, ウイルスの CP 遺伝子領域を増幅した。RT-PCR には, Gene Amp RNA PCR Core Kit (Perkin-EL-



第1図 MNSV 分離株採集地

沖縄県 (MNSV-yo)・大分県 (MNSV-OT)・高知県 (MNSV-u)・山口県 (MNSV-YF)・島根県 (MNSV-si)・滋賀県 (MNSV-ta) から採集した。

長崎県 (MNSV-NH と NK) (松尾ら, 1998)・静岡県 (MNSV-S) (Ohshima ら, 1994)・カリフォルニア (MNSV-C) (Riviere and Rochon, 1990) の3系統は, 比較のため引用した。

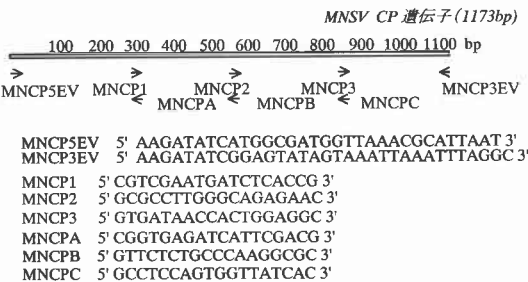
mer) を用いた。逆転写反応は42℃で20分処理し、その後95℃で5分処理した。PCRは、94℃2分の変性後、94℃1分・50℃1分・72℃1分30秒を1サイクルとして40サイクル行い、最後に72℃30分の伸長反応を加えた。増幅断片をpBluescript II SK(+) (STRATAGENE) にクローニングし、塩基配列を決定した。各分離株について、2つのクローンの塩基配列を決定した。シーケンサーはABI373 (PE ABI) を、シーケンス反応にはDye Terminator cycle sequencing FS ready reaction kit (PE ABI) を用いた。RT-PCRのプライマーおよびシーケンスのプライマーは、既報のMNSVの塩基配列 (Riviere and Rochon, 1990) をもとに設計した。各プライマーの配列を第2図に示した。これらのうち、RT-PCRにはプライマーMNCP5EVとMNCP3EVを、シー

クエンスにはその他のプライマーを用いた。決定した塩基配列を、プログラム clustal によって解析し、NJ法により分子系統樹を作成した。なお、比較のためにMNSV-S (Ohshima et al., 1994), MNSV-NKと-NS (松尾ら, 1998) およびカリフォルニア株MNSV-CのCP遺伝子の塩基配列 (Riviere and Rochon, 1990) を用いた。

結果および考察

プライマー MNCP5EV, MNCP3EV を用い、RT-PCR によってウイルス CP 遺伝子領域を増幅した。病土に播種したメロンの根をサンプルとして用いた場合、増幅断片の検出頻度は非常に低かった。一方、病斑のある病葉からは安定して CP 遺伝子領域を増幅できた。各分離株について CP 遺伝子を増幅してクローニングし、塩基配列を決定した。第3図には6分離株のうち2株 (MNSV-yo および MNSV-u) についての塩基配列の比較結果を示した。

決定した6株の塩基配列を、プログラム clustal を用いて多重整列した。この領域の塩基配列はいずれの分離株でも1173bpから構成されていた。各分離株間の相同性は最低でも95%であり、塩基配列の変異は少ないことが示された。また、塩基配列を既知のMNSVと比較したところ、これら6株は既報の株のなかでは、長崎で報告されたMNSV-NH および-NK に近縁であることがわ



第2図 塩基配列の決定に用いたプライマーの配列

MNSV-yo	ATGGCGATGGTTAAACGCAATTAATAATTTCAACACAGTGAAGCTTGGCTAAGCAGGCCCTG	MNSV-yo	GCAGAGAATGTTTGTAGTGGTTCGGTGCACAATACGTTGGAGGTATATGAATGATACTAAT
MNSV-u	ATGGCGATGGTTAAACGCAATTAATAATTTCAACACAGTGAAGCTTGGCTAAGCAGGCCCTG	MNSV-u	GCAGAGAATGTTTGTAGTGGTTCGGTGCACAATACGTTGGAGGTATATGAATGATACTAAT
MNSV-yo	CCCCGTGTAACGAATCCTAAAATTTGTAATAAGGCCATAGATGTGGTTCCTTTGGTCGTC	MNSV-yo	GCAGTGGACCGGAAGTTGGTGCATTTGGCGAGTTCTCTTTGCTACTTATTCGTGTGCT
MNSV-u	CCCCGTGTAACGAATCCTAAAATTTGTAATAAGGCCATAGATGTGGTTCCTTTGGTCGTC	MNSV-u	GCAGTGGACCGGAAGTTGGTGCATTTGGCGAGTTCTCTTTGCTACTTATTCGTGTGCT
MNSV-yo	CAGGTTGGTCAGAAATTTGCAAAAGCTGCCAAGCGGTTGCTTGGCGCTATGGTGGTAAT	MNSV-yo	GGTGCCACCCGCCATGGTGCATCTTACGTTGAGTACCGTGTGAATTAAGATCCCCAC
MNSV-u	CAAGTGGTCAGAAATTTGCAAAAGCTGCCAAGCGGTTGCTTGGCGCTATGGTGGTAAT	MNSV-u	GGTGCCACCCGCCATGGTGCATCTTACGTTGAGTACCGTGTGAATTAAGATCCCCAC
MNSV-yo	AATTTCTTCACTGAGGCGGCTAAGCCTGGTCTATATCCGCTCCAGTTGCAATAGTAGG	MNSV-yo	CCGATTTGCCGGAATGGTGTGATTTGATCGCTGGTCTCTTCTCTGAAGTCGGATCT
MNSV-u	AATTTCTTCACTGAGGCGGCTAAGCCTGGTCTATATCCGCTCCAGTTGCAATAGTAGG	MNSV-u	CCTATTTGGTGAATGGTGTGATTTGATCGCTGGTCTCTTCTCTGAAGTCGGATCT
MNSV-yo	CGAGTGGCGGGGATGAAGCCTAGGTTTGTTCGTTCCGAAGGATCTGTGAAGATAGTTCAT	MNSV-yo	ACAATTAAGGACTCAATATATATGCTGATCGTGAATGATAACTGGGGTAAATAT
MNSV-u	CGAGTGGCGGGGATGAAGCCTAGGTTTGTTCGTTCCGAAGGATCTGTGAAGATAGTTCAT	MNSV-u	ACAATTAAGGACTCAATATATATGCTGATCGTGAATGATAACTGGGGTAAATAT
MNSV-yo	AGGGAGTTTATGCTCTGTTCTCCGTCGAATGATCTCACCGTGAACAATGGTATACC	MNSV-yo	GGTGTCAACATCAATATCCCGGGGATATCTGTCAGCAATGTTCTTAAATGCAAGATCA
MNSV-u	AGGGAGTTTATGCTCTGTTCTCCGTCGAATGATCTCACCGTGAACAATGGTATACC	MNSV-u	GGTGTCAACATCAATATCCCGGGGATATCTGTCAGCAATGTTCTTAAATGCAAGATCA
MNSV-yo	AAATCCGTAAGTATAGGTCAACTCCAGTAATAACGCTTTATTCACATGGCTTCAAGGA	MNSV-yo	ATTGGCTCCCTCACCTTCACTGGTAATTTCTAAACTTGTAGGCAATAGTCTCAACGTTACC
MNSV-u	AAATCCGTAAGTATAGGTCAACTCCAGTAATAACGCTTTATTCACATGGCTTCAAGGA	MNSV-u	ATTGGCTCCCTCACCTTCACTGGTAATTTCTAAACTTGTAGGCAATAGTCTCAACGTTACC
MNSV-yo	CAAGCGCAATTAATGATATGACAGATTTACTCGACTTCGAGTTACCTATATTTCAACCT	MNSV-yo	AGCAGTGGTCTCTGCTCTCACGCTTACCCTTAACTCCACTGGTGTGCCAACAGTTC
MNSV-u	CAAGCGCAATTAATGATATGACAGATTTACTCGACTTCGAGTTACCTATATTTCAACCT	MNSV-u	AGCAGTGGTCTCTGCTCTCACGCTTACCCTTAACTCCACTGGTGTGCCAACAGTTC
MNSV-yo	ACCGGATCCACTTCCACAGGTCGTGTTCTTATTTCTGGGATAGAGATCTCAGGATCCC	MNSV-yo	AATTTCTTACTCTGTTGGTACTGCTGATGACAGTGGTCCGATGACGATCACT
MNSV-u	ACCGGATCCACTTCCACAGGTCGTGTTCTTATTTCTGGGATAGAGATCTCAGGATCCC	MNSV-u	AATTTCTTACTCTGTTGGTACTGCTGATGACAGTGGTCCGATGACGATCACT
MNSV-yo	CTCCCTATGACCGCGCCGCAATAGTCTTATGCTCATTCAGCAGATTCATCGGCTTGG	MNSV-yo	CGGTGCTCTCTGAAACTGGCTACTCGGCTAA
MNSV-u	CTCCCTATGACCGCGCCGCAATAGTCTTATGCTCATTCAGCAGATTCATCGGCTTGG	MNSV-u	CGGTGCTCTCTGAAACTGGCTACTCGGCTAA

第3図 MNSV分離株の塩基配列の比較の一例

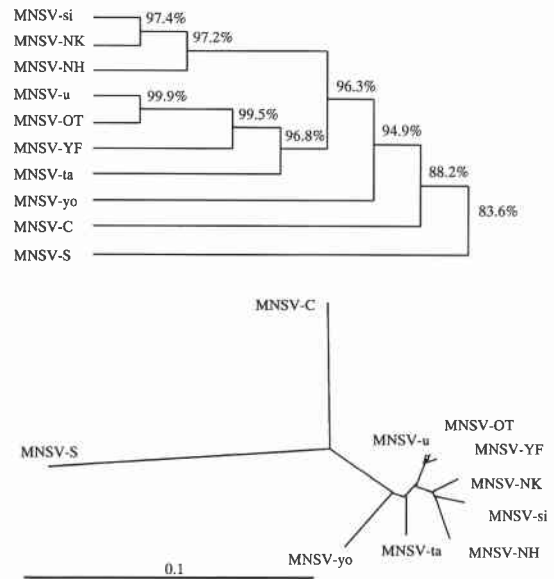
MNSV-yo (沖繩県) と MNSV-u (高知県) の比較。下段のアスタリスクは、比較した全10分離株間の共通配列を示す。6分離株のDDBJのアクセシオンナンバーはそれぞれ、MNSV-si (AB044703), MNSV-YF (AB044704), MNSV-yo (AB044705), MNSV-ta (AB044706), MNSV-OT (AB044707), MNSV-u (AB044708)。

かった。CP 遺伝子の塩基配列のなかに特に変異に富む領域は特定できなかったが、分離株間での塩基配列の違いは末端側に比較的多かった。

これらの塩基配列から推定される CP 遺伝子のアミノ酸配列は390残基のアミノ酸から成っていた (第4図)。6分離株間の相同性はいずれも97%以上であった。アミノ酸配列においても、C末端側にアミノ酸の違いが比較的多かった。アミノ酸レベルでの変異はこれら6分離株間ではMNSV-yoがもっとも多く、6残基の相違が認められた。他の5株間では0ないし2残基の相違が認められた。

得られた塩基配列をもとに、NJ法により分子系統樹を作成した (第5図)。供試した分離株のうち、地理的に近い大分・山口・高知からの分離株の相同性がもっとも高く、もっとも遠縁と思われるものは地理的に離れた沖縄の分離株 (MNSV-yo) であったことから、この変異がある程度地域性を反映しているのではないかと考えられた。

長崎の分離株 MNSV-NH と MNSV-NK は、CP 遺伝子の塩基配列の相同性が97-98%であるが、メロンでの病徴は大きく異なる (Matsuo et al., 1991)。今回、各分離株の示す病徴の詳しい比較は行わなかったが、今後、



第5図 MNSV 分離株の CP 遺伝子の塩基配列に基づく系統樹

MNSV-yo (沖縄県), MNSV-OT (大分県), MNSV-u (高知県), MNSV-YF (山口県), MNSV-si (島根県), MNSV-ta (滋賀県), MNSV-NH・NK (長崎県), MNSV-S (静岡県), MNSV-C (カリフォルニア) の3系統は、比較のため引用した。

```

MNSV-u  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-YF  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-s1  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-OT  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-ta  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-yo  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-NK  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-NH  MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-C   MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN
MNSV-S   MAMVKRINNLPTVKLAKAQLPLLTPKIVNKAIDVPLVVOGGQKLSKAARLLGAYGGN

```

```

MNSV-u  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-YF  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-s1  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-OT  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-ta  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-yo  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-NK  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-NH  GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-C   GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI
MNSV-S   GATAHGDLVYEYAEVFKDPOPIAGMVCMPDRLVSEVSGSTIKGVNYIADRDVITGGNI

```

```

MNSV-u  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-YF  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-s1  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-OT  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-ta  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-yo  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-NK  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-NH  ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-C   ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV
MNSV-S   ISYTEGAKPGAISAPVAISRVRGKMPFRVRSSEGSVKIVHREFIASVLPNSDLTVNNGDV

```

```

MNSV-u  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-YF  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-s1  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-OT  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-ta  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-yo  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-NK  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-NH  GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-C   GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST
MNSV-S   GVNINIPGTYLTVTLVNLATSIGSLTFTGNSKLVGNSLNTSSGASALFTFLNSTGVPNST

```

```

MNSV-u  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-YF  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-s1  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-OT  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-ta  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-yo  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-NK  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-NH  NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-C   NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP
MNSV-S   NIGKYRVNPNNAFLTWLQOQAQLYDMYRFLRTRFTYIPTTGSTGRVSIWDRDSQDP

```

```

MNSV-u  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-YF  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-s1  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-OT  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-ta  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-yo  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-NK  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-NH  NSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-C   DSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA
MNSV-S   DSSFSVGTVVALTRVMTITRCSPETAYLA

```

```

MNSV-u  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-YF  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-s1  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-OT  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-ta  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-yo  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-NK  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-NH  LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-C   LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA
MNSV-S   LPIDRAAISYAHYADSPFAENVLVVPCDNTWRVYMDTNAVDRKLVDFGQFLPATYSGA

```

第4図 MNSV 分離株の塩基配列から推定されるアミノ酸配列の比較。下段のアスタリスクは共通配列を示す。

病原性と塩基配列の関連についてさらに検討する必要があると考えられる。

近来、ウイルス病害への対抗策として、植物へのCP遺伝子の導入による抵抗性の付与が広く検討されている。MNSVの場合、今回検討した範囲内では塩基配列の変異は小さいことが示唆され、CP遺伝子の形質転換による抵抗性の付与が本ウイルスの防除に有効であることが考えられた。

引用文献

- 古木 市重郎 (1981) メロンえそ斑点病の伝染病学的研究. 静岡農試特別報告 14:1-94.
- 岸 国平 (1966) メロンえそ斑点病. 日植病報 32:138-144.
- Matsuo, K., M. Kameya-Iwaki and T. Ota (1991) Two new strains of melon necrotic spot virus. Ann. Phytopathol. Soc. Jpn. 57:558-567.
- Ohshima, K., K. Matsuo and N. Sano (1994) Nucleotide sequences and expression in *Escherichia coli* of the coat protein genes from two strains of melon necrotic spot virus. Arch. Virol. 138:149-160.
- 松尾和敏・安藤露・大島一里・佐古宣道 (1998) 本邦に発生するメロンえそ斑点ウイルス系統の逆転写-polymerase chain reaction法による検出. 日植病報 64:208-212.
- Riviere, C. J. and D. M. Rochon (1990) Nucleotide sequence and genomic organization of melon necrotic spot virus. J. Gen. Virol. 71:1887-1896.

(2000年4月25日 受領)