

Tiedekunta/Osasto – Fakultet/Sektion – Faculty		Laitos – Institution – Department	
Matemaattis-luonnontieteellinen tdk.		Biotieteiden laitos	
Tekijä – Författare – Author			
Kukkonen Sami Kai Juhani			
Työn nimi – Arbetets titel – Title			
The RNA polymerase of Tula virus			
Oppiaine – Läroämne – Subject			
Biokemia			
Työn laji – Arbetets art – Level		Aika – Datum – Month and year	
pro gradu		Toukokuu 1996	
		Sivumäärä – Sidoantal – Number of pages	
		68	
Tiivistelmä – Referat – Abstract			
<p>Tula-virus kuuluu hantaviruksiin, jotka ovat lähinnä jyrсийöiden levittämiä <i>Bunyaviridae</i>-virusperheen viruksia. Hantavirusinfektiot voivat aiheuttaa ihmisissä munuaisoireisia verenvuotokuumeita ja keuhko-oireisia tauteja. Tula-viruksen ei ole todettu olevan taudinaiheuttaja.</p> <p>Kuten kaikilla <i>Bunyaviridae</i>-perheen viruksilla on hantaviruksilla kolmesta erikokoisesta negatiivijuoosteisesta RNA-ketjusta koostuva genomi. Näiden RNA-ketjujen, S, M ja L, pituudet ovat lähes identtiset eri hantaviruksilla. Näistä, S, noin 1800 nukleotidia, koodaa nukleokapsidiproteiinia, M, noin 3600 nukleotidia, koodaa kahta glykoproteiinia ja L, noin 6500 nukleotidia, koodaa RNA-polymeraasia. Myös muilla <i>Bunyaviridae</i>-perheen viruksilla on nämä proteiinit.</p> <p>Ennen tutkimustani oli Tula-viruksen S ja M segmenttien sekvenssit selvitetty. Niiden koodaamat proteiinit olivat homologisia muiden hantavirusten vastaavien proteiinien kanssa. Tula-viruksen L-segmenttiä ei oltu sekvensoitu, eikä kloonattu. Neljän muun hantaviruksen L-segmentti oli sekvensoitu. Käyttäen hyväksi tätä sekvenssi-informaatiota suunniteltiin alukkeita käänteistranskriptiota ja polymeraasiketjureaktiota varten. Tula-viruksen infektoimien Vero E6-solujen RNA eristettiin ja tästä RNA:sta tuotettiin käänteistranskription ja polymeraasiketjureaktion avulla DNA:ta, joka sekvensoitiin. Tuloksena oli 6541 nukleotidia pitkä sekvenssi, joka sisälsi yhden lähes koko sekvenssin pituisen avoimen lukukehyksen. Lukukehyksen pituus oli 6459 nukleotidia ja se pystyisi koodaamaan 2153:n aminohapon proteiinin. Nämä ominaisuudet ovat samankaltaiset muiden hantavirusten L-segmenttien kanssa.</p> <p>Vertaillaessa avoimen lukukehyksen koodaamaa proteiinia muiden hantavirusten RNA-polymeraaseihin voitiin todeta identtisten aminohappojen osuuden kaikista aminohapoista vaihdelleen 68 %:sta 85 %:iin. Lisäksi koodattu aminohapposekvenssi sisälsi kaikki <i>Bunyaviridae</i>-perheen RNA-polymeraasien konservoituneet aminohapporykelmät ja näiden aminohappojen sijainti oli identtinen muiden hantavirusten RNA-polymeraasien kanssa.</p> <p>Näistä ominaisuuksista voidaan päätellä sekvensoidun L-segmentin koodaavan toimivaa RNA-polymeraasia ja näin ollen sekvenssi-informaatiota voidaan käyttää RNA-polymeraasin rakennetta ja toimintaa selvittävien kokeiden suunnitteluun.</p> <p>Neljä muuta hantavirusta, joiden L-segmentit on kloonattu ja sekvensoitu, ovat kaikki taudinaiheuttajia. Tämä lisää nyt kloonatun Tula-viruksen L-segmentin merkitystä, koska sen avulla on helpompi ja turvallisempi tutkia RNA-polymeraasin ominaisuuksia kuin näiden neljän muun patogeenisen hantaviruksen L-segmenteillä.</p>			
Avainsanat – Nyckelord – Keywords			
<i>Bunyaviridae</i> , hantavirus, Tula virus, L RNA, RNA-polymeraasi			
Säilytyspaikka – Förvaringsställe – Where deposited			
Biotieteiden laitos/Biokemian osasto			
Muita tietoja – Övriga uppgifter – Additional information			