Complete nucleotide sequence of the genome of *Spiroplasma citri* virus SpV1-R8A2 B

J.Renaudin, P.Aullo, J.C.Vignault and J.M.Bové
Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire, INRA et Université de Bordeaux II – BP 81, 33883 Villenave d'Ornon Cedex, France

Submitted January 29, 1990

EMBL accession no. X51344

We report the complete nucleotide sequence of the genome of *Spiroplasma citri* virus SpV1-R8A2 B. SpV1-type viruses of *S. citri* are rod-shaped particles containing a circular, single-stranded DNA molecule of 8 to 9 kilobases according to the virus strain. SpV1-R8A2 B was isolated from *S. citri* strain R8A2 subclone B. The replicative form was purified by CsCl density gradient centrifugation, and cloned in *E. coli* for sequencing by the dideoxy chain termination method. The genome contains 8273 nucleotide residues totaling 37.1% A, 8.1% C, 14.8% G and 40% T. Taking into account that, in spiroplasmas, UGA is not a stop codon but codes for tryptophan (1, 2), we found the Spv1 genome to contain 12 open reading frames (ORFs) distributed in all three reading frames and 4 intergenic regions (fig. 1). Interestingly, the putative translation product of ORF 4 shows limited homology with the integrase of phage P22. This finding is relevant to our previous results, namely the presence of viral SpV1 DNA sequences in the chromosomal DNA of the spiroplasmal host (2, 3).

REFERENCES

1. Renaudin,J., Pascarel,M.C., Saillard,C., Chevalier,C. and Bové,J.M. (1986) *C.R. Acad. Sci., Ser. III* **303**, 539–540.
2. Bové,J.M., Carle,P., Garnier,M., Laigret,F., Renaudin,J. and Saillard,C. (1989) in The Mycoplasmas (R.F.Whitcomb and J.G. Tully, eds.) **5**, pp. 244–364. Academic Press, New York.
3. Renaudin,J., Bodin-Ramiro,C., Vignault,J.C. and Bové,J.M. *Zentral. Bakteriol. Mikrobiol. Hyg.* in press.

```
   1   AATTCGGTTT TTTAAAATAA TTATTCCCCT TGAATTTGCT AATAAGTATG
  51   ATAGTCAATG GTTAAAGTTT GTGCGTGATT TAAAGAATGA TGAAATTGTT
 101   AATAAAAAAG AATATTATTG GTCGGAAATC ACAAAATTAA GTGTTAAAGA
 151   ACGATTGGAG TTATTTGATA TTGATATTTT GAAAAAGAAT TTAAAACCTA
 201   AAAAAGAGAA AGGAAATGGT AAAGATGATT AATTTATTAG TTGAAAATAA
 251   TAATAGTAAT TGAGACAAGA TTTTTAGTTT TGTTTTTGAT ATATTTTTGT
 301   TTATTTTTGA TGTAATTTGA AATACAAAAT TACCGATGAC AAATACGTCA
 351   ATTGCTTATT TTTTAATCTT TTTTATGGTT ATTAAGTTAT CGATTTATGC
 401   AATTCACGGG ACATCAACAC AATATAATAA TTTAGGTTCA ACAGTTAATA
 451   ATGGTGTTTC ACAAGTATAT TCTTCAACAG TTCGCGGTGT TTCTGATACT
 501   AAACAAGGTA TGCAAAAACA TATTAAAGAG CGTAAACAAT TTAAAATTAA
 551   TCGTAATAAA AAACAATTAT CAAGTTTAGC AAAACAAGCA AAAACAAGAG
 601   AACAAGGATA TAGGAGAGTG CATAAGTAAT GATTAAATTA GTTTTATTGG
 651   TGGCGGCGAT TGCGATATTT GGAACTGGTT TTATTACTGT TATTATTAAT
 701   CAATTTACAT CAGCAAAAAA TATTATTATG GATTTATATA ATTCTGATAC
 751   TTGGTTGATT TGATTATTTG GTAGAATGGC AGTTTTGTTT AGTCATCCGT
 801   TAATGTTAAC GATATCAAGT TTATATATTG TTGGGTTTAT TGTTTCAAAA
 851   ACATTGTATA GTTAGGAGTT GAGTTTATGA AAAAATCGTT ATCTTTATTT
 901   GCCATATTTA TTTTAACTTT TTTGGGTTTG GTTATTCCAT TTATTACTTT
 951   AACGGCGTTT AGACCCTTAA ATGAGGAGCA ATATACGCTT AAACAAGAAA
1001   GTAGTACTGG TAAAGGTATT AATGAAACTG ATTTTATTAA TACAATGTTT
1051   TTACGCAGTA GTTTTTTTGA AAATTGCTCG GAAACAAATT ATTTTATTAA
1101   TCCAACTTTA AAAACATCAA AAAATTTATT GTTTAATGAT AAATGGTATT
1151   TAGATTTTTT ACAAGATAGT TATTCAACCG GAGTTGTTTA TGATAAACCT
1201   GGTGAAATAT TTTTGAATTA TTATCGACAA TGACATAGTT TAAAAAATAA
1251   GTATATGGTT GAAAAATTTT ATGATGTTAA AAAAGAGAAT TTTTTGAATG
1301   ATTTAACTGA TTTTATTTAT GCTTTTGCTG TAAAATATAA GATGTTTGAT
1351   GTATCGAAAG AAATTGTGGA AAATGTTGAC CGCTATAAAG AAAATCATTA
1401   TCCAAGAGTT AAGTTAAAAC AAGATAATTG AAAATTAATT ACTGATTATA
1451   ATTGACTTAA AGATAATTTT GATAATAAAT ATTATTTTGT AATTTGGAAA
1501   CAATCTTATA GTAAAGAATG AGAAATAATG AAATTTAAAC ATAATATGCG
1551   TTATGATATG AAAATAGAAA GTTACATTAA AAATAATTCT TTTAAAGGTC
1601   TTTATCGTTG AGATGGTGAT GGTGAACCAC AAACACCTAC TATCGACAAA
1651   AACACTGGTG AAATTACTGA TTGAAATAGT TATCAACAAA GTCGTGTAAA
1701   ACAGTTTATT GATTTATCTT TATATTCTGT TTTGCAAGAA AATATTAGAG
1751   TTCAGCAAGG TGGTAGTGCG GATTATGAAA ATCCGAATAA GGTTGGAACA
1801   AAGCGGATAA TTTTTGATTT TGAGACGGTT GACGAGTTGG ATGTTAAAAA
1851   TATTAAAAAA GCAATTTATC GGATGATTTT GACTGTTGAT GAAGCAAATT
1901   TAATTATTTC TGGTAGTTTA GAGTTAAATA ATATTAATAA TGATGATTTA
1951   AGTTTTAATT TTAGTTTTAT GCGAACTGGA ATGGGTGAGG TTTTTAATTT
2001   TAATGGTTCA ATTTATTCAT CATTAAATAG TAAAGACTTA AAGTATTATC
2051   AACAATTTAG CGGTCAGTTT GATTTATCTA AGTTTTTACA GTCGTTTTTT
2101   GCAAGTGCAT TGGTGCCCGT GTTTCAAAAT CGTAGTTTGT TTATTGAAAA
2151   TGGATATATT GATAATTTAC AATATGATAC TGTTTTAGTT AACTTTTTTG
2201   CGTTGAAATT ACAAAATTTT AATAATATTT TGTTGATTGA AAATATTAAC
2251   GATAAATTAC AATTTGATAA ATTATTAAAT AGTATGTTTA AGATTTCACA
2301   GAAATTTTAT ACTAATTATT TACGTACGAT TTTTGATTTA GAAAATAATA
2351   CTTATGTTCA AGGTTATAAT AAAAAATATG GTTTGTTAGT AAATAATGGT
2401   TTTAAAATTT ACCCACGATA TTTTTATTTT TCTGATAAAT ATAAGCAATT
2451   AGATATTAAA TTATATTCAG CATTTAAAAA TCGGTTTTAT ACGATTAATA
2501   ATTATGGTAG TGTTTTTAAT TATGATTTTT CGGTTGCTAA TAATTATAAT
2551   ATTAAGTTAA ATTCGGGTTA TGTTTTTGGC GGTGATTTAC AAAATAAATA
```

```
2601   TGGTTTGCAA TATAAAAAAA TTGAAGAACA AAAAATCGGT TATAATGTTT
2651   TTGAATTGCA AGCACAAAAA GAGAATGATA TGTACCGATA TTATGATTTT
2701   AATTTTGGGA TTTATAATTG ACAAGAAATT AATAATGGTG GGTTGTTCCC
2751   CGATAAACAA TGATGACAAG TGCAATATGT AACGCCAAAG GGTTGATGAG
2801   ATTTTGGTGC TCATATTAAA AATGCGGTGA TTTGAATTGT CAATACTATT
2851   CCCGGTGTTA AACAAGTTAA TGAATTAGCG AGTGGTGTTG GTAAGGTTTT
2901   TGAAACAGTA TATAGTTTTT TTAGTCAAAT ATTTGAAGTA TGAAAATTTA
2951   ATCCAGCATT GTATAGTACA ATAACAAATA TTTTTTTATT AATTATTTTT
3001   ATGAAATTTG TGCGATTAAT ATAAAAAAGG AACTGTTATT AAGTTCCTTT
3051   TTGTTCTTTT CAGTCAGTAA TTTTACCAGT ATTTTTGTCA ATAGTTGGTA
3101   ATTGTAAATT CGTAGGTTCA TTATTTAATT CTCATTTATA TATAATATCC
3151   ATTGGATAAC CAGTATTACT TCCGAAGTTT TTAGAACTAT TAATTTTTTC
3201   TATTCGTCAT AAATTAAAAC TTTCATAAAT TATAATATAT CATCCAGTAT
3251   CTCGTGGAAT ATATCTATTA GTAATTAATT TTCAATTACT ATTTTTTGGT
3301   GGTTGTTGTG CGTTATATGA TGGTTTTGGT TTATTATCTT CTTCGTTTTT
3351   ATTATTATTT TCTTTTTTAC AACTGATTAA TGTTGTTGTA CTTGTTGCGG
3401   TTAATCCGAT TGCTCCTATT ATGCTAAGTC ATTTTTTCAT ATATATTGGT
3451   CCTTTTTATT TTTTTATATA ATTGATTTTA TCACATATCA ATTATATATC
3501   AATTATTCGT ATTAAATATT AATTTTATAA GTTAATGAAA GGTATATAAA
3551   TGTTATGTAT AGTCATTTAA GTTTTATGGA TAAAGTTAAA TTAGAACAAT
3601   TATTATTATC AAAAATTTTT TTAAAAAAGA ATGGTGAGCA GAATATTTCT
3651   GCAATCGCTA AATATTTGAA TAGACATCGT AGTACTATTT TACGAGAAAT
3701   TAAGCGTTTT AAAACTATTG ATGAATATAG TGCTTATAAG TCAGATAAAA
3751   TGTATTATGA GAAAAGAAAA AAGAATAATA AAAGATTTAA GTTTACAGAA
3801   GAACAATTAA ATTTTATTCA TCTGAGATTT AATGTTTATC ATGATTCACC
3851   ATCAGAACTT ATTTATCGTT ATTTTTTAAA ATTTAAAGTT AAATTTCCCG
3901   TTTGTGTTAA AACATTGTAT AAATGAATTC GTTTAGGTTT TTATGGTTTT
3951   TTAAAACAGA ATTTACGACA CCATGGTAAA AAATACAAAA GAAAAGGAAA
4001   ATCTGATAAT CGTGGTAAAT TAACTGATTT TAAGTCAATT TGAGATATTG
4051   ATAATAAAGT TTCTAATGTT GGATGACTTG AAATGGATAC AGTGGTTGGT
4101   AAAGACCATA AATCTGCTAT TTTAGTTTTA GTAGAACAAT TAAGTAAAAA
4151   ATATTTTGCA ATAAAATTAG AAAATCATAC TGCTAGGGAA GTTGAGAAAA
4201   AGTTTAAAGA TATTATTATA AAAAATAATT TAATTGGAAA AATAAAAGGA
4251   ATAATAACAG ATAGAAGGAA AGAATTTAGT AAATGAAGAG AAATGGAAAT
4301   ATTTGCTGAA ACACAAGTAT ATTTTTGTGA TGCTGGTTCA CCACAACAAA
4351   AACCTTTAAT TGAATATATG AATAGTGAAT TAAGACATTG ATTTCCTAAG
4401   GGAACTGATT TTAATAAAGT TAGTCAAAAA CAAATAGATT GAGTAGTTAA
4451   TGTTATAAAT GATAAACTCC GACCGTGTTT AAATTGAATA AGTTCAAAAG
4501   AAATGTTTTT GCAGAATATA TAAACAATAA ATATTTAAAA ATGTATATTA
4551   AATTATAAAA TATGTCATTA AAATAATAAA ATATGTATTT ATTAATTAAA
4601   ATTAATAAAT TATTTTTTAG TTTGTTTAAA TATTGATAAA ATAATTAATT
4651   TTTTTAAATT TATGGTTGAT TTTTGTAATT TTTATTATAT TATTTAATTA
4701   ATAAAGATTT GTTGCACTTC ATTTTACATA ATTCATTATG CATCCTGTAA
4751   TCGAAGTGCA ACAAATCAAT TCTGAAAGGA GTTGATTTTT TATTGAAAAG
4801   AAACATTATT TTATTTTGCG GTCTTTAGTA ATTAAGTATG GAAAAGATAT
4851   TGTTATTAAT ACTGTAAATA AGATAGTAAT TAATAATGTA AAAGAAAATG
4901   AATAAATTAT CCGCGTAATT TATTAGCGGT AATTTATTCA ATATAGTTTA
4951   TTTTGAGCGT AGCGAACACG CGGAGCGTGA CGCGATATTT AAAAATTTTG
5001   AAAGGAGATA TATTATGCCA ACTTGATTAA CGACAATATT TAGTGTTGTT
5051   ATTGTATTAG CAATTTTTCT TTATTTTGGT TTATTAATTT ACCAAAAAAT
5101   TCGTCAAATT CGAGGAAAGA AAAAAGATAA AAAAGAAATT GAAAGAAAGG
5151   AGAGTAATAA ATAATGTTAG GTATGTATTT AACAACAGCG TTTAATTTTT

5201   TAACAGCATC TACACCTAAA ACTATGTCTG AGGGTATGAC TGGTATTTGA
5251   ACTGGTTTAT CTAGTGCATT ATGAAAAGTT AAAGAAGGTA TAACAAATAT
5301   TTTACCTGAG ATAATGGTTT TCTTAGGTGA AGCGTGAATT ATATTAATTC
5351   CATTTGCTAT ATTTTGTATT ATTAAAATCT TAAACTTTTT CCGTGTTATG
5401   GTTAAAGGAT TTTAATATTT ATTATAATCG ATCATATATC TTAGTTAAGG
5451   CACACTAGCT TTTATGTGAA TTAAATAAAT AATTTTATTG TTTATTTTTA
5501   CACTATACAC TGTTTACAAA TTTATTTTTT AATAAACTTT ATTACTATCG
5551   TTAATATTGG GATAATAAAA ATCTCTATTA TACATATAAA TTTAACTATA
5601   TTTTCTATAG TTGATAAATC TATATTGTTT ATTATTCATA ATATTGAGTC
5651   TGTTATGAAA AATATTTTTT TAGTAGGATT TAATAAAAAT AAGAATATTT
5701   CTATTAAGGG TCATACTAGT AATAGATTTG GGAAATAAAT TTTTATAATA
5751   TTTTTTATAA ATATACCTAC TTTTTTTTAA AATTTGTGAA CAGTGTATAG
5801   TGTAAAAATA TCAATTTAAT TATATTTAAG GTATTATTAT GGTTTTCTCT
5851   CTGTATAAAA ATATTTATAA ATTTGTTAAT TTATTAAAAA TTTGAATAAT
5901   AAATTTAAAA GTTATTATTA AAATTATTAT TAGTGAAATA ATTGTTTTAA
5951   TTGGTAATAC CATTCATGAT AATCAAAAAA TAGATGGTAT TACATTTGTA
6001   AAAAATGAAT TTATTATTTC TTCGATATTT TATTTCTTCT TTTTATTTAA
6051   AATAATTTAT ACAGAGAGAA AACCATAATA ATATCAACTT AATTATAAAC
6101   TTATTATTTT ATATTTTAAT AACTATTGTT AAAAATTAAA TAGTATTTTT
6151   CAGTGTGCCA ATTTTTATTA TTTTTATATT TAATAATGTT TATTAACATT
6201   GTTTATTAAA CATTAAATAA ACAATATATT AGCATTATAT ATAACATTGT
6251   TAATAATCAG TGTTTATTAC AATTAAAAAA CATTATATAA ACATTATTTA
6301   TAACATTGTT TATTAAACAA ATATTTATAT TATTAAATAT TTAGTTAGGA
6351   GATTATATAT TATGGATATG AAATTTTGAA CAACTAAGGA ATATAAAAAA
6401   ATAAAGAGAG ATTTTATTAT TAGGAATTTT GCTTTTGGTT TTTGTTATTT
6451   TTTATTTTTA ATTTCTTTTA TTATGTGTAT TGTTTGTTTT ATTATTTCCA
6501   TAAATTTTGA AGTAGAAATA ATTTTGGTTA TTTTATTTCC TTTTTTACTT
6551   TTAATTTTAT CAGTTTGGAA TTTATTTGAT TTAATTATGG AGCATATATC
6601   AGAAATTAAG CGATTTAAAG TTACAGTATT AAAGAAACAA ATAGAAGAGT
6651   TAGAAGGTAA AATGCTAAGA GGATTAAGAG TAGGAGTTGA TAAAATTGAG
6701   TAATTTTGTT AAGAAAAATC ATAATGTAGA AAATTATTTT ATTAGTAAGG

6751   AATTTATCCC TTTTACAACA GAAAAAGCAA GTTTTATTAA TTTACCTAAT
6801   CATAATCGCC ATATTGGTTT TTGACTGAGT AATAAGTTTA TTTATCCGAG
6851   TGAAAAACAT TCAAAACAAG TAGCTATTGG TTTGATTTAT GATAATTCTT
6901   ATCCTATTGT AAAGTATGAT GAAAATTTAA AACGTCATAT TTGAAAGTAT
6951   TTAACTGGAA CAGAATTAAT CAATTTATAT AATCAATATA AACAAAATTA
7001   TTTTACTAAA ATGAAAAAAG CTTTATTTTC AAGTGAACCT AAAAAAGTAA
7051   AAGCAAATAA TAACAATAAT AATTTAACAA ATTGAAGTGT TGAAAAAGAA
7101   CAAGAATTAA TTAATGATTT GAAAGACTTA AATTAAATGA GTTTATATGA
7151   TTATTGAGTT CAATTTGTTA GTTATATTAT TGGTGCAAAT GCCCCTGAGT
7201   TTTTATATGT TATATCGTTT GTGTTATTTA TTGTTTTGTT TTTTGGAATG
7251   TTTTTTAAAC TTATTCAAAA AATGTGGAGT TTTTAAAAAT GCAAAATGAT
7301   TGAATTAAAT TAAAAGAGTT TTTTATTTAT ATATTTTTGT TTATAGATAA
7351   AACGAATGTT GAAAGTATTA CAATGTGGAA TTTAACGCAA AATGAATATT
7401   TAACTTTGAT GGTTGGTGTT TGAATTGTGA TTTTGTTTTT AACTTGGTTT
7451   TTATTATGAA TGGTTTTTAA AATAGTTGGG TATTTTAAAT AATGAAAAAA
7501   TTTATATTTT TCTTTAAAAA CTATTGTTAT ATTAGTGGTT CAATGCTTTT
7551   GTTTAGTTTA ATTGATTTAT TACTTTGGAT AATTTCTTTG TATTGTGTTG
7601   GTTTAGTATT TTGAATATTA TTTGTTTTGC AGTGTATTTA TTTTGTGTGA
7651   TGATTGTGAA AAAATATTTT TTATCAGTTA AATTCTTTTG GGTTAGTAAA
7701   TTTTGTTTGA GATAATCCGT TATCGGTAAT TATTGGTAAG TTAGGGACCG
7751   GTAAAACATT ACTTTTAACT TATTTGTCGC AAACTATGAA ATTATTAACA
7801   GATGAAATTT ATAGTAATTA TCCGTTAGAA GATGATAAAG TTAAAGTTTT
7851   AACATTTAAA AATTTAGATT TTACAGATAG AACAAAACCA GTTCCGCCAG
7901   ATGATAGTGT TATTTTATTT GATGAAAGTT ATTTATATAT TGATGGAACT
7951   AGTCCTCACG ATGAGAAAAA AGTTCATAGT GGTAAAATTC CGTGAATTGT
8001   ATTAGCAAGA CATTTTGGTA ATCGTGCGTT GTTTACTGCT CAGCGTGAGG
8051   GTATGATTTG AAATAATATT CGCCAGTTAG CAAGTGGAAT TATTATTCCA
8101   ATTTCATTGA AAAAACCAGT TATTAAGAAA GGGTTTAATT TTTTTAATCG
8151   TTTCTTTATT ATGCAAATTG GTATTTTTCA AGATATAACG GATTATGAAA
8201   TTTGAAAAAC AAAATCAGTA GAACGAACAG CAGAAGGTAA AAGAGTAAAA
8251   CATAAGTCGG ATGTTGGGTT AGG
```

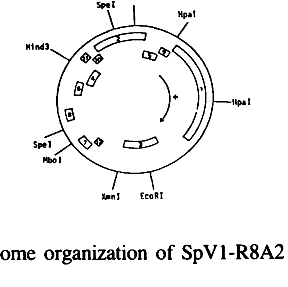

Figure 1. Putative genome organization of SpV1-R8A2 B.