

مقایسه توالی نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی و پروتئین حرکتی جدایه خراسان ویروس حلقه خراشکی میخک با سایر جدایه‌های بانک ژن

مهناز آشنائی^۱، بهروز جعفرپور^۱، سعید ملک‌زاده شفارودی^۲ و امین میرشمسی^۲

۱- گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد ۲- گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد m_ashnayi@yahoo.com

ویروس حلقه خراشکی میخک (CERV) یکی از بیماری‌های مهم ویروسی میخک و از خانواده Caulimoviridae می‌باشد. از آنجا که موقعیت جدایه خراسان CERV در درخت فیلوژنی نسبت به سایر جدایه‌های دنیا مشخص نبود، بنابراین در این تحقیق سعی شد تا با استفاده از روش‌های مبتنی بر PCR جایگاه جدایه خراسان ویروس حلقه خراشکی در درخت فیلوژنی تعیین شود. بدین منظور نمونه‌برداری از چند نقطه از استان‌های خراسان رضوی و شمالی انجام گرفت. نمونه‌های مشکوک به آلودگی به CERV از گیاهان میخک در آزمون الایزا سنجش گردیده و نمونه‌های آلوده انتخاب شدند. با استفاده از جفت آغازگرهای اختصاصی یک قطعه از ژنوم به اندازه ۱۵۰۰ جفت باز واقع در ناحیه پروتئین پوششی و یک قطعه از ژنوم به اندازه ۱۰۰۰ جفت باز در ناحیه پروتئین حرکتی ویروس به روش PCR تکثیر شد. محصولات PCR تعیین توالی گردیدند و اطلاعات حاصل از آن با سایر جدایه‌های موجود در بانک ژن مقایسه گردیدند. رسم درخت فیلوژنی برای ژن پروتئین پوششی و پروتئین حرکتی ویروس CERV با استفاده از نرم‌افزار MEGA و بکارگیری روش‌های Neighbor-Joining و Maximum Parsimony نشان داد که جدایه مورد بررسی در مورد هر دو ژن، در یک گروه مجزا نسبت به سایر جدایه‌های موجود در بانک ژن قرار می‌گیرد.

Nucleotide sequence comparison of the coat protein gene and movement protein gene of Khorasan isolate of Carnation etched ring virus with the other isolate of GenBank

M. Ashnayi¹, B. Jafarpour¹, S. Malekzadeh Shafarudi², A. Mirshamsi²

1- Department of Plant Protection, College of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, m_ashnayi@yahoo.com 2- Department of Biotechnology, College of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad

Carnation etched ring virus (CERV) is one of the most important carnation viruses and is a member of Caulimoviridae. ~~Since the Khorasan isolate position of CERV is not determine among other isolates of the world, attempts were made to~~ determine the phylogenetical position of CERV. Samples were collected from Khorasan Razavi and Northern Khorasan provinces. Carnation tissues were tested by the ELISA test and infected samples were selected for further experiments. Using specific primer pair, a fragment of 1500 bp in coat protein region and a fragment of 1000 bp in movement protein were amplified by PCR method. PCR products were sequenced. Data were compared to the sequences in the Gene Bank. The phylogenetic trees of coat protein and movement protein genes of CERV were drawn, by MEGA software using Neighbor-Joining and Maximum Parsimony methods. The results consistently showed that the Khorasan isolate was classified in separated group comparing to the isolates existing in Gene Bank.