

Healthy
Plant
Healthy
Planet



سازمان
کشاورزی
ایران

20th Iranian Plant Protection Congress

26-29 August 2012, Shiraz University

بیستمین
کنگره‌ی
گیاه‌پزشکی
ایران

۴-۷ شهریور ۱۳۹۱، دانشگاه شیراز



بررسی تنوع ژنتیکی ژن پروتئین پوششی ویروس M سیب‌زمینی در ایران

فاطمه طیبسی نژاد، بهروز جعفرپور، حمید روحانی، محمد زکی عقل و محسن مهرور

گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، Fatemeh_tabasinezhad@yahoo.com

ویروس M سیب‌زمینی (*Potato virus M- PVM*) متعلق به جنس *Carlavirus* از خانواده *Betaflexiviridae* است. پیکره های ویروس رشته ای و دارای یک قطعه آر.ان.ای تک لای مثبت به اندازه ۸/۸ کیلو باز و شش چهارچوب ژنی است. میزبان اصلی ویروس سیب زمینی و دارای گسترش جهانی است. این ویروس از مناطق عمده کشت سیب زمینی در ایران گزارش شده لیکن اطلاعاتی از خصوصیات جدایه‌های ایرانی ویروس وجود ندارد. به منظور تعیین تنوع ژن پروتئین پوششی در جدایه‌های ایرانی ویروس PVM از مزارع سیب‌زمینی در استانهای خراسان رضوی، خراسان شمالی، کرمان، اصفهان و همدان نمونه‌برداری شد. شناسایی گیاهان آلوده به PVM با استفاده از آزمون الیزای مستقیم انجام شد. آر.ان.ای کل از گیاهان آلوده با استفاده از Accuzol استخراج و در واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی، پروتئین پوششی ویروس M تکثیر شد. قطعات تکثیر شده به درون پلاسمید pTZ57R/T الحاق و در سویه DH5 α باکتری *Escherichia coli* همسانه‌سازی شدند. پس از تعیین توالی، آنالیز و هم‌دیف‌سازی توالیها انجام و ۳۰ جدایه به عنوان نماینده برای تعیین تنوع ژنتیکی انتخاب شدند. نتایج بررسی Blast نشان داد که قطعه ۹۱۷ جفت بازی تکثیر شده در واکنش زنجیره‌ای پلی مرز ترادف کامل ژن پروتئین پوششی ویروس M سیب زمینی است. میزان شباهت پروتئین پوششی جدایه های ایرانی ویروس M سیب زمینی با ایزوله های موجود در بانک ژن ۹۸-۷۴ درصد در سطح نوکلئوتیدی و ۹۹-۸۳ درصد در سطح آمینو اسیدی بود. در آنالیز فیلوژنی جدایه‌های ایران در دو گروه مجزا قرار گرفتند. جدایه‌های خراسان شمالی و رضوی و برخی از جدایه‌های کرمان همراه با جدایه‌های آمریکای شمالی در یک گروه و جدایه‌های همدان، اصفهان و کرمان با جدایه‌های اروپایی در گروه دیگری دسته بندی شدند. در هر گروه شباهت بین اعضا ۱۰۰-۸۱ درصد و شباهت بین گروهی ۷۶-۷۴ درصد بود.

Genetic diversity in the coat protein gene of Potato virus M in Iran

F. Tabasinezhad, B. Jafarpour, H. Rohani, M. Zakiaghl and M. Mehrvar

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

Potato virus M (PVM) is a member of genus *Carlavirus*, *Betaflexiviridae*. It has filamentous particle containing a positive single stranded RNA in size of 8.8 Kb, with six open reading frames. It has worldwide distribution and potato is a major host of the virus. PVM has been reported in Iran but no information is available for properties of Iranian isolates. To determine the genetic diversity in coat protein gene of Iranian isolate of PVM, samples were collected from Korasan razavi, northern Khorasan, Kerman, Hamadan and Isfahan provinces. Identification of PVM infected samples were carried out using DAS-ELISA. Total RNA was extracted using Accuzol as manufacturer's protocol and coat protein of PVM was amplified using RT-PCR with specific primers. Amplified fragments were ligated in pTZ57R/T plasmid and cloned in DH5 α isolate of *Escherichia coli* and sequenced; then, 30 isolates selected for phylogenetic analysis. Blast search showed that 917 bp fragment amplified by RT-PCR was corresponding to complete sequence of coat protein gene of PVM. Iranian isolates of PVM have 74-98 and 83-99 percent of homology with isolates deposited in the GenBank at nucleotide and amino acid level, respectively. Based on the phylogenic analysis, Iranian isolates of PVM fell into two distinct groups. Isolates of Korasan Razavi, Northern Khorasan and Kerman plus Canadian isolates clustered in one group; and isolates of Hamadan, Isfahan and Kerman formed second group which containing European isolates, too. The nucleotide and amino acid sequence comparison indicated that identities of members of a group were 81-100 percent, but intergroup homology was 74-76 percent.