بررسی تنوع ژنتیکی در ژن پروتئین پوششی ویروس برگ بادبزنی مو در شمال شرق ایران

زهرا غلام پور[1]، محمد زکی عقل[1]، بهروز جعفر پور[1] و محسن مهرور[1]

۱- گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی،دانشگاه فردوسی مشهد. gholampor_z@yahoo.com

ویروس برگ بادبزنی مو (Grapevine fanleaf virus, GFLV) یکی از مخرب ترین ویروسهای بیماریزای مو است که موجب خسارت زیادی در تاکستان ها می شود. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی این ویروس در تاکستان های استان های خراسان رضوی در طی سال های ۱۳۹۱ و ۱۳۹۲ تعداد ۲۸۰ نمونه برگی از تاکستان های عمده استان خراسان رضوی بصورت تصادفی جمع آوری و در آزمون Indirect-ELISA با استفاده از آنتی بادی تهیه شده برعلیه جدایه ایرانی ویروس، آلودگی به GFLV در ۱۸۷ نمونه تایید شد. علائم بیماری شامل بدشکلی برگ، بادبزنی شدن برگ، رگبرگ نواری و موزائیک، زیگزاگ شدن شاخه ها، کوتولگی میانگره ها، تولید جوانه های دوتائی، ریزش حبه ها و عدم همزمانی در رسیدن حبه ها بود. در آزمون RT-PCR با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی طراحی شده، پروتئین پوششی ویروس بطول ۱۵۱۵ جفت باز و ۲۳۰ نوکلئوتید از انتهای ´۳ ویروس از ۱۸۷ نمونه تکثیر شد.RFLP با استفاده از آنزیم برشی TaqI جدایه های GFLVرا در ۱۸ گروه متفاوت دسته بندی کرد که تعیین ترادف سرگروه ها نیز این گروه بندی را تائید کرد.جدایه های تعیین توالی شده دارای ۹۲-۹۰ درصد شباهت با ایزوله های موجود در بانک ژن در سطح نوکلئوتیدی بودند.

Analysis of genetic diversity in coat protein gene of *grapevine fanleaf virus* in north east of Iran

Z. Gholampour[1], M. Zakiaghl[1], B. Jafarpour[1], M. Mehrvar[1]

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

Grapevine fanleaf virus (GFLV) is a one of devastative viruses of grapevine cause severe crop loss in vineyards. To study genetic variation of GFLV in Khorasan-Razavi, 280 leaf samples were randomly collected during the growing season of 2011-2012. Using specific antibodies raised against Iranian isolate of GFLV, 187 samples were found to be infected with GFLV in indirect ELISA. In RT-PCR using a specific primer pair1515 bp of coat protein and 230 nucleotides of 3´ UTR were amplified from 187 samples. RFLP analysis using *Taq*I endonuclease were divided isolates into eighteen genotypic groups which supported by sequence analysis. Sequence identities at the nucleotide level were 90-92% between the coat protein gene of isolates of this study and those deposited in the GenBank.