

1894

## تعیین توالی کامل و خصوصیات مولکولی آر ان ا یک جدایه ایرانی ویروس برگ باد بزنی مو

نعیمه مصطفوی<sup>1</sup>، محمد زکی عقل<sup>2</sup>، محسن مهرور<sup>2</sup>

1- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

2- گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

Mostafavi.n1816@gmail.com

ویروس برگ بادبزنی مو (*Grapevine fanleaf virus -GFLV*) یکی از مخرب ترین ویروس های مو در سراسر دنیا است. علایم بیماری برگ بادبزنی شامل بدشکلی برگ، رگبرگ نواری یا موزائیک زرد در تاک آلوده و کاهش کمی و کیفی محصول است. این ویروس در تاکستانهای ایران گسترش وسیعی دارد و از تنوع ژنتیکی زیادی برخوردار است ولی تنها ترادف آر ان ا دو ژنوم جدایه های ایرانی در دسترس است. به منظور تعیین توالی آر ان ا یک جدایه های ایرانی ویروس برگ باد بزنی مو، آر ان ا های کوچک از برگ تاکهای آلوده استخراج شد و سپس کتابخانه میکرو آر ان ا از آنها تهیه شد و در پلت فرم Illumina-Highseq تعیین توالی شد. از خوانشهای بدست آمده ترادفهای آداپتور و خوانشهای با کیفیت پایین حذف شدند. همردیف سازی خوانشهای پالایش شده با استفاده از نرم افزار Bowtie2 در بسته نرم افزاری Ugene انجام شد. ترسیم درخت فیلوژنی در نرم افزار MEGA-X انجام شد. از مجموع 436874 خوانش پالایش شده بدست آمده پس از همردیف سازی، ترادف چهار جدایه GFLV از تاکهای آلوده بدست آمد. طول آر ان ا یک این جدایه ها 7302-7336 بود. جدایه های توالی یابی شده با جدایه های موجود در بانک ژن 82-88 درصد در سطح نوکلئوتیدی و 85-93 درصد در سطح آمینواسیدی پلی پروتئین یک GFLV شباهت داشتند. شباهت آر ان ا یک جدایه های ایرانی با یکدیگر بترتیب 79-83 درصد در سطح نوکلئوتیدی و 80-87 درصد در سطح آمینو اسیدی بود. این نتایج نشان می دهد که تنوع ژنتیکی جدایه های ایرانی با تنوع ژنتیکی جدایه های سایر نقاط دنیا قابل مقایسه است. در پروتئینهای موجود در پلی پروتئین یک، پروتئین NTP Banding با 90 درصد بیشترین شباهت و پروتئین Protease cofactor با 63 درصد کمترین شباهت را با پروتئینهای گزارش شده از پلی پروتئین یک سایر جدایهها داشتند. در درخت فیلوژنی ترسیم شده جدایه Iran1 به همراه جدایه ای از چین در شاخه ای مجزا بود ولی سایر جدایه های ایرانی با جدایه های سایر نقاط دنیا در یک شاخه قرار داشتند.

کلمات کلیدی: آر ان ا یک، تعیین توالی، فیلوژنی، ویروس برگ بادبزنی

## Full length sequencing and molecular characterization of RNA1 of Iranian isolates of *Grapevine fanleaf virus*

N. Mostafavi<sup>1</sup>, M. Zakiaghi<sup>2</sup>, M. Mehrvar<sup>2</sup>

1- M.Sc. Student, Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

2- Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad

[Mostafavi.n1816@gmail.com](mailto:Mostafavi.n1816@gmail.com)

*Grapevine fanleaf Virus* (GFLV) is one of the most devastating viral diseases of grapevine in worldwide. The infected vines show leaf malformation, vein banding, yellow mosaic and reduction in quality and quantity of grape. GFLV has widespread distribution in Iranian vineyards with high level of genetic diversity, however, but only sequence of RNA2 segment of the genome for Iranian isolates are available. In order to determine the complete nucleotides sequence of RNA1 of Iranian isolates of GFLV, small RNAs were extracted from infected grapevine, then the miRNA library was constructed and sequenced in the Illumina-Highseq2500 platform. Adaptors sequence and low quality reads were discarded from the raw data. The filtrated reads were aligned using Bowtie2 in the Ugene package. Phylogenetic analysis was carried out using MEGA-X package. Of the 436874 refined reads, complete sequence of RNA1 of four isolates of GFLV were obtained after alignment. The RNA1 of these isolates had 7302-7330 nucleotides length. The pairwise sequence identity of polyprotein 1 among Iranian isolates and those deposited in the GenBank ranged from 82-88% at the nucleotide level and from 85-93% at the amino acid level. The sequence identity of the polyprotein 1 among Iranian GFLV isolates ranged from 79-83% at the nucleotide level and from 80-87% at the amino acid level. This results indicate that sequence diversity of polyprotein 1 in Iranian GFLV isolated is comparable to the global diversity. In the polyprotein1, NTP Banding protein with 90% of homology was the most identical and Protease cofactor protein with 63% of homology had the least similarity with the proteins of polyprotein1 reported for the other GFLV isolates. In the phylogenetic tree, isolate Iran1 and an isolate reported from China, was put in a divergent clade, but other Iranian isolates clustered with isolates of other counterparts in a same group.

Keywords: Grapevine Fanleaf Virus, sequencing, phylogeny, RNA1