



ID: P-257

آنالیز بیوانفورماتیکی انتهای ۳' ژنوم جدایه های ویروس S سیب زمینی استان کرمان و مقایسه با سایر جدایه های ایرانی موجود در بانک ژن

۱۷۱

خدیجه سالاری*^۱، ایمان شهابی^۲

۱. عضو هیئت علمی بخش گیاهپزشکی دانشگاه جیرفت

۲. دانش آموخته کارشناسی ارشد بیماری شناسی گیاهی

Khadijeh.salari@gmail.com

ویروس S سیب زمینی (PVS) از مهم ترین ویروس های آلوده کننده سیب زمینی می باشد. انتهای ۳' ژنوم این ویروس شامل ژن بیان کننده پوشش پروتئینی و K ۱۱ می باشد که مهم ترین نقش را در تعیین جایگاه تاکسونومیک این ویروس ایفا می کند. توالی نوکلئوتیدی مربوط به این ناحیه از ژن ۶ جدایه از این ویروس از استان کرمان مربوط به مناطق جیرفت، ساردوئیه، سوغان و لاله زار با سایر جدایه های ایرانی موجود در بانک ژن مورد مقایسه قرار گرفت. بر اساس درخت فیلوژنتیکی رسم شده جدایه جیرفت و ساردوئیه در یک شاخه و ایزوله سوغان نزدیک شاخه این دو جدایه قرار گرفته و دارای یک نیای مشترک می باشند که نشان دهنده قرابت ژنتیکی بسیار زیاد این جدایه ها همان طور که انتظار داشتیم می باشد. همچنین ایزوله لاله زار و خراسان نیز در یک شاخه قرار می گیرند که با مجاورت دو استان با یکدیگر قابل توجهی می باشد. مقایسه ماتریکس تشابه بین جدایه های ایرانی تشابه بالای ۹۰ درصد را نشان می دهد. کمترین میزان تشابه بین ایزوله لاله زار و ساردوئیه به میزان ۹۳.۱ درصد می باشد. تنوع نوکلئوتیدی و تعداد متوسط تفاوت های نوکلئوتیدی در بین تمامی جدایه ها به ترتیب برابر ۰.۰۳۷ و ۴۱.۲۶۷ بود.

کلمات کلیدی: آنالیز بیوانفورماتیکی، ویروس S سیب زمینی، انتهای ۳' ژنوم

