جایگاه تاکسونومیکی دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر بر اساس تعیین ترادف نوکلئوتیدی ناحیه '۳- ژنوم\*

۱

Taxonomic position of two Iranian isolates of *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) based on sequence of the 3'-region of the genome

محمود معصومی<sup>\*\*</sup>، آوا زارع و کرامتاله ایزدیناه مرکز تحقیقات ویروس شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز و سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی دریافت ۱۳۸۴/۲/۱۷ پذیرش ۱۳۸۶/۶/۱۹

چکیدہ

دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر (Sugarcane mosaic virus, SCMV) به نامهای KhzQ86 و SCMV و صنایع جانبی آن در خوزستان جمع آوری و با استفاده از آغازگرهای دژنره پوتی ویروس ها یا اختصاصی SCMV ناحیه ۳ ژنوم آنها به روش RT-PCR تکثیر و همسانه سازی گردید. قطعات پس از تعیین ترادف با هم جمع شدند و ترادف قطعهای به طول ۱۸۱۵ نوکلئوتید بدست آمد که شامل قسمتی از ژن مالا، کل CP و TT-VC بود. ناحیه ICP-UTR از این دو جدایه همراه با سایر جدایههای SCMV موجود در GenBark با برنامه های پوتی ویروس های دیگر شامل ویروس جدایههای SCMV موجود در MagAlign یا برنامه های پوتی ویروس های دیگر شامل ویروس موزائیک کوتولگی ذرت (Maize dwarf mosaic virus, MDMV)، ویروس موزائیک سورگوم \* هزینه انجام این تحقیق از محل اعتبارات سازمان تحقیقات کشاورزی و قطب علمی ویروس شناسی تامین شده است.

JGMV)، ويروس موزائيک ايراني قياق (Iranian Johnson grass mosaic virus, IJMV) و ويروس

موزائیک زا (Zea mosaic virus, ZeMV) موجود در GenBank مقایسه و پس از انجام همردیف سازی چندگانه درخت فیلوژنتیکی آنها با روش Neighbor-joining ترسیم گردید. در آنالیز فیلوژنتیکی ٤١ ترادف در ۵ گروه شامل MDM۷ MDM۷ و JGMV و دو زیر گروه SCMV (زیرگروه I و II) قرار گرفتند. در این آنالیز قرار گرفتن جدایه های SCMV از ایران در کنار جدایههای مصر و آفریقای جنوبی در زیرگروه I این احتمال را به وجود می آورد که استرینهای ایرانی منشاء خارجی داشته و با قلمه به کشور وارد شده باشند. واژههای کلیدی: ویروس موزایک نیشکر، نیشکر، ویروسهای غلات، پوتیویروس، ایران، خوزستان

#### مقدمه

نیشکر یکی از محصولات صنعتی استراتژیک در بسیاری از کشورهای دنیاست. کشت این محصول در سالهای اخیر در استان خوزستان گسترش وسیعی یافته است. SCMV از جمله عوامل زیانبار و محدودکننده این محصول است. SCMV عضو جنس Potyvirus از تیره Potyviridae است. علائم این ویروس به صورت موزائیک روی نیشکر در سال ۱۸۹۲ در اندونزی مشاهده شد و در سال ۱۹۲۰ ماهیت عامل بیماری و نحوه انتقال آن روشن شد (رجوع شود به Koike & Gillaspie 1989). پس از آن سویههای مختلف از این ویروس روی نیشکر، سورگوم و ذرت گزارش شدند. در سال ۱۹۹۲ پیماری موزائیک کوتولکی ذرت در جنوب أمريكا شايع شد (Janson & Ellett 1963) و عامل أن MDMV نام گرفت كه عضو دیگری از جنس Potyvirus میباشد. این ویروس بعداً در ایالات دیگر آمریکا روی ذرت و سورگوم اهمیت اقتصادی پیدا کرد (Toler 1985, Williams & Alexander 1965). SCMV و MDMV گسترش جهانی دارند و تاکنون سویههای زیادی از آنها روی نیشکر، ذرت، سورگوم و گیاهان غیر مزروعی غلات گزارش شدهاند. تا سال ۱۹۸۹ تفکیک و تمایز جدایههای این ویروس،ها با مشکلات زیادی مواجه بود تا اینکه در این سال Shukla و همکاران براساس ویژگیهای سرولوژیکی پروتئین پوششی، آنها را در چهار گروه (یا چهار گونه) به نامهای JGMV ، MDMV ،SCMV و SrMV قرار دادند(Shukla et al. 1989a,b). این ویروس ها به عنوان پوتیویروس های غلات معروف شدهاند. پس از آن چند ویروس دیگر به نامهای ZeMV ، IJMV، ويروس موزائيک مرغ (Bermuda grass mosaic virus, BGMV) ، ويروس موزائيک

جنوبی مرغ (Southern Bermuda grass mosaic virus, SBgMV) و ویروس موزائیک Fan et al. 2003, Fan & به این گروه اضافه شدند (Pennisetum mosaic virus, PeMV) پنی سیتوم (Pennisetum mosaic virus, PeMV) به این گروه اضافه شدند (Li 2004, Masumi & Izadpanah 1998, Masumi et al. 2001, 2004,2005, Seifers et al. 2000, SCMV Masumi & Izadpanah 1998, Masumi et al. 2001, 2004,2005, Seifers et al. 2000 SCMV مویه های SCMV (Salomon & Seifers 2004,Zare et al. 2005) دنیا براساس روشهای سرولوژیکی، بیولوژیکی مانند دامنه میزبانی و حفاظت تقاطعی (ross protection) و در دو دهه اخیر بر اساس آنالیز ترادف نوکلئوتیدی ناحیه ۳ ژنوم، شامل (untranslated region, UTR) و ناحیه ترجمه نشدنی (N-terminus) بالاخص ناحیه پایانه آمینی (N-terminus) و زاح انجام شده است (Adams et al. 2004)

ناحیه پایانه آمینی ژن CP یک ناحیه کاملاً تغییرپذیر است و تمایز آشکاری بین سویههای مختلف نشان میدهد. این تمایز در نواحی دیگر CP یا UTR-'3 کمتر بچشم میخورد. با اینهمه بیشتر محققین برای مقایسه و تمایز جدایهها از کل ناحیه CP-UTR استفاده کردهاند. اگر چه Adams و همکاران (۲۰۰٤) ژن CI (cylindrical inclusion) را برای مقایسه و تمایز گونهها و سویههای پوتیویروسها پیشنهاد میکنند، ولی هنوز در بسیاری از منابع استفاده از ناحیه UTR UTR متداول است.

ویروس موزائیک نیشکر در ایران در سال ۱۳۷۲ از خوزستان گزارش شد و براساس روابط سرولوژیکی و خصوصیات مورفولوژیکی جدایه SCMV-SC-1 نامیده شد (Amiri & Izadpanah 1993). قاسمی و همکاران (۲۰۰۲) بر اساس رابطه سرولوژیکی با آنتی سرم چند همسانه ی MDMV-B در آزمون ELIZA عوامل مولد موزائیک در نیشکر را در خوزستان در دو گروه قرار دادند که یک گروه آن بنام SC-Q86 با این آنتی سرم واکنش مثبت داشت (SCMV-CP68 و آن بنام SC-Q86 با این آنتی سرم واکنش مثبت داشت (SCMV-CP68 و یک جدایه دیگر بنام SCMV-CP68 را که شامل ناحیه Tr از از ناحیه '۳ جدایه SC-Q86 و یک جدایه دیگر بنام SCMV-CP68 را که شامل SCMV باز از ناحیه '۳ جدایه SC-Q86 و یک جدایه دیگر بنام SCMV-CP68 را که شامل SCMV از خوزستان را بطریق آنالیز مولکولی بررسی و آنها را سویه SCMV-SCH جدایههای SCMV در معصومی و همکاران جدایههای SCMV-CP68 را که شامل ناحیه SCMV از خوزستان را بطریق آنالیز مولکولی بررسی و آنها را سویه A-SCMV در که شامل SCMV در معصومی و همکاران جدایههای SCMV-CP68 را که مامل SCMV در معصومی و همکاران جدایههای SCMV-CP68 را که شامل SCMV در مین کر مرکت کشت و توسعه نیشکر و صنایع جانبی با استفاده از آنالیز مولکولی ناحیه -CP نیشکر شرکت کشت و توسعه نیشکر و صنایع جانبی با استفاده از آنالیز مولکولی ناحیه -CP SCMV مرد بررسی قرار گرفتند و جایگاه تاکسونومیکی آنها در میان سویهای SCMV در SCMV در SCMV در SCMV-SCH در SCMV در SCM گردید. در این مقاله پیشنهاد برای بازنگری در وضعیت کنونی SCMV ارایه گردیده است.

### روش بررسی

منبع جدایههای SCMV

دو جدایه SCMV که از ارقام L66 و Q86 در مزارع شرکت کشت و توسعه نیشکر و صنایع جانبی در خوزستان جدا شده و در مرکز تحقیقات آن شرکت نگهداری می شود در این آزمایش مورد استفاده قرار گرفتند.

# استخراج ویروس، جداسازی RNA و واکنش RT-PCR

این نمونه ها پس از عصاره گیری در سه حجم بافر سیترات آمونیوم ۰/۱ مولار، pH= ٦/۵ مستقیماً با کلروفرم به نسبت ۳۰ درصد، تیمار و سانتریفوژ شدند و از فاز رویی (Roche) mRNA Capture یهیه cDNA با استفاده از کیت mRNA Capture (کیت cDNA بای تهیه ACA سازنده انجام گرفت، از آر.ان.ای جذب شده به لوله برای واکنش نسخهبرداری معکوس (reverse transcription, RT با مخلوط کردن نسخهبرداری معکوس (Roche) Expand Reverse Transcriptase (MmLV نسخهبرداری معکوس (Roche) Expand Reverse Transcriptase (MmLV ۱۰ میکرولیتر بافر ۵ برابر ۲۲ RCh (Roch ) استفاده گردید. واکنش ۲۲ با مخلوط کردن ۱۰ میکرولیتر بافر ۵ برابر RCF1 (جدول ۱) و ۲۰۲ RT Molone تهیه گردید. مخلوط محلوط با افزودن آب به حجم ۵۰ میکرولیتر رسانده و در دمای ۲۹۲ به مدت یکساعت نگهداری شد.

polymerase chain ) بدست آمده از واکنش RT با واکنش زنجیره ای پلی مراز ( cDNA Taq DNA polymerase ) تکثیر شد. مخلوط واکنش PCR شامل ۵ میکرولیتر ( reaction, PCR Taq DNA polymerase ) تکثیر شد. مخلوط واکنش MCR شامل ۵ میکرولیتر ( reaction, PCR Mn (x ۱۰) buffer رفت و برگشت (جدول ۱) ، U ۵ آنزیم MM polymerase ( معرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر معلوم و برگشت ( جدول ۱) ، U ۵ آنزیم Cinagen و DNA polymerase ( میکرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر Cinagen, Iran) ( معرولیتر میکرولیتر ( میکرولیتر رسانده شد. معرولیتر ( معرولیتر رسانده شد. معرولیتر رسانده شد. معرولیتر ( معرولیتر رسانده شد. معرولیتر رسانده شد. معرولیتر ( معرولیتر رسانده شد. معرولیتر ( معرولیتر رسانده شد. معرولیته ، معرولیتر رسانده شد. معرولیت ( معرولیته ، معرولیته ، معرولیت ( معرولیته ، معرولیته ، معرولیت ( معرولیته ، معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیته ) معرولیته ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیته ) معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( معرولی ) معرولیت ( معرولیته ) معرولیت ( مع

جایگاه تاکسونومیکی دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر ... ۷تا ۳۸). نهایتاً مخلوط واکنش به مدت ده دقیقه در دمای C°۷۲ نگهداری

۷تا ۳۸). نهایتا مخلوط واکنش به مدت ده دقیقه در دمای ۷۲°۷ نگهداری شد (Colinet & Kummert 1993).

جدول ۱- آغازگرهای مورد استفاده در واکنش زنجیرهای پلیمراز برای تکثیر جدایههای ایرانی SCMV Tabla L Primers used for amplification of SCMV isolaton of Jran by PT PCP

Table 1. Primers use	for amplification	of SCMV isolates o	f Iran by RT-PCR.

Orientation	Name	Sequence	Reference
Reverse	Pot1	5'- gAC Tgg ATC CAT TTT CTA TgC AAC A-3'	Collinet & Kummert 1993
Forward	Pot2	5'-GaC gAA TTC TgT gAT gCT gAT ggt TTC-3'	Collinet & Kummert 1993
Forward	SC1	5´-CHA TWT Tgg ART ggg Ayg-3´	Yang & Mirkov 1997
Forward	WEq1F	5´-ggA CAC CAg CTA gAg CTA Agg AAg -3´	*
Reverse	RCF1	5´-AgC Tgg ACT CTT TTT TTT TTT TTT T-3´	French & Robertson 1993
Forward	Oligo1n	5´-ATg gTH Tgg TgY ATH gAR AAY gg-3´	Marie-Jeanne et al 2000
Reverse	Oligo2n	5'-TgC TgC KgC YTT CAT Ytg-3'	Marie-Jeanne et al 2000

\*این آغازگر توسط نگارندگان طراحی شده آست.

\* This primer was designed by authors.

محصول PCR بوسیله Frad (Fermentas, Lithuania) InsT/Aclone PCR Product Cloning Kit محصول PCR بوسیله DH5α وارد و در باکتری *E.coli* استرین α وارد و در باکتری Holmes & Quigly 1981) به منظور تعیین معانه سازی گردید. پلاسمیدها پس از استخراج (Holmes & Quigly 1981) به منظور تعیین ترادف به شرکت Macrogen (کره جنوبی) ارسال گردید و تعیین ترادف با استفاده از آغازگرهای عمومی M1 انجام شد.

### أناليز فيلوژنتيكي

پس از ادغام ترادف های حاصل از ۲ تا ٤ کلنی از قطعات مختلف، ترادف استنتاجی (consensus sequence) با استفاده از نرم افزارهای DNAMAN و EditSeq (DNASTAR) بدست آمد. این ترادفها با ترادف سایر ویروس های مرتبط شامل JGMV ،SrMV ،MDMV ،SCMV و MegAlign مقایسه گردیدند. همردیف سازی چندگانه (multiple alignment) با برنامههای IJMV (DNASTAR) و DNASTAL X (Thompson *et al.* 1997) CLUSTAL X) انجام شد و مشابهت نوکلئوتیدی و آمینواسیدی در برنامه MegAlign محاسبه گردید.

Treeview1.6.6 درخت فیلوژنتیکی حاصل از همردیف سازی چندگانه در برنامه Page (Page 1996) مشاهده و بررسی گردید. در این آنالیز ویروس موزائیک رگهای گندم (Page 1996) بعنوان outgroup بکار رفت.

برای مقایسه جدایههای KhzQ86 و KhzQ86 با سایر پوتی ویروسهای غلات از ترادف نو کلئوتیدی و آمینواسیدی ژن کامل CP به اضافه ترادف نو کلئوتیدی ناحیه CWL-'8 (CP-UTR) استفاده شد. برای مقایسه جدایههای SCMV تعداد ۲۰۰ ترادف SCMV موجود در GenBank به اضافه تعدادی از ترادفهای MDMV MDW تعداد ۲۰۰ ترادف JGWV انتخاب گردید. ترادف جدایههای SCMV که از ناحیه CP یا CP-UTR از کشورهای مختلف در GenBank قرار داده شده بود، بر حسب تشابه اندازه ترادف، کشور یا کشورهای منشاء جدایه، بطور جداگانه همردیف سازی شدند (جدول ۲) و درخت فیلوژنتیکی برای هر گروه ترسیم گردید (اطلاعات نشان داده نشده است). از بین جدایههای مذکور تعدادی انتخاب گردیدند و نهایتاً ۳۰ جدایه SCMV با جدایههای سایر ویروسها و دو جدایه SCMV مورد مطالعه در یک درخت فیلوژنتیکی آنالیز شدند (جدول ۳). توپوگرافی حاصل از مقایسه نو کلئوتیدی (ناحیه CP-UTR) و آمینواسیدی (ناحیه CP) تشابه زیادی داشت و بهمین دلیل تنها درخت فیلوژنتیکی حاصل از مینواسیدی (ناحیه CP) تشابه زیادی داشت و بهمین دلیل تنها درخت فیلوژنتیکی حاصل از و آمینواسیدی (ناحیه CP) تشابه زیادی داشت و بهمین دلیل تنها درخت فیلوژنتیکی حاصل از ترادف نو کلئوتیدی مورد بررسی قرار گرفت.

#### نتيجه

موقعیت قطعات بدست آمده از PCR با آغازگرهای مختلف در شکل ۱ مشخص شده است. پس از تجمیع این قطعات ترادف بدست آمده شامل ۱۸۱۵ نوکلئوتید بود. این قطعات برای جدایههای KhzQ86 و KhzQ86 و KhzQ86 به ترتیب با رس شمارهای(Accession number) و DQ438949 و DQ369960 در GenBank قرار داده شدند. قطعات تکثیر شده شامل نیمه ۳ ژن NIb (موقعیت ۱ تا ۱٤٤) و ژن پروتئین پوششی (موقعیت ٦٤٥ تا ۱۵۸۳) است. ناحیه ترجمه نشدنی ۳ (۱۵۲۳ تا ۱۵۸۵ تا ۱۵۸۲ تا ۱۵۸۲ قرار دارد (شکل ۱).

	Sugarcane	Maize	Other plants
USA	13	2	2
Mexico	-	1	-
Germany	-	9	-
Spain	-	3	_
Egypt	1		-
Congo	20		-
Cameron	26		-
South Africa	5	-	-
Iran	4	-	-
China	26	37	2
Australia	10	-	-
Brazil	- ()	-	14*
Pakistan	99	-	-
Thailand	4	1	-
Philippines The	-	-	4
	معلوم نيست.	خيره شده از اين كشور .	* میزبان ترادفهای ذ
* The hosts of these se	equences are unknown.		

جدول ۲- تعداد ترادفهای SCMV موجود در GenBank به تفکیک کشور و میزبان Table 2. SCMV sequences deposited in GenBank, isolated from sugarcane, maize and some other plants in different countries

طرحهای حفاظت شده GNNSGQPSTVVDNTLMV و GDD که در تمام ویروسهای با ژنوم RNA مثبت وجود دارند و نشان دهنده محل فعال آنزیم پلیمراز هستند

جدول ۳– رس شمار GenBank، اسامی استرینها یا جدایهها و منشاء ویروسهای غلات که از
آنها در آنالیز فیلوژنتیک استفاده شده است

Table 3. Database accession numbers, strains or isolate designations and origin of poaceous potyviruses used in phylogenetic analysis

		•	
Virus	Accession No.	Isolate, Strain	Country
SCMV I			
	DQ438949	KhzQ86	Iran
	DQ369960	KhzL66	Iran
	AJ491963	WGY70-1	Egypt
	AJ491972	ZAF52-1	South Africa
	AY241923	Uttar Pradesh	India
	D00948	Sc	Australia
	AF006733	Nambour 7	South Africa
	AJ278405	Strain A Brisbane	Australia
	AM040436	CSSG-567	Pakistan
	U57354	A	USA
	AJ491966	Lou41-1	USA
	DQ316248	So-b14	
	AY819719	FER-1	Brazil
	U57357	Е	USA
	AJ491946	CoN102-1	Congo
	DQ316251	Wd-dz	
	DQ316232	Mz-gz2	China
	DQ227694	Gx-1	China
	AY953351	Strain D	China
	AF006737	USF 1	Australia/ USA
	U57355	В	USA
	U57356	D	USA
SCMV II	AJ271085	Zhejiang	China
	AJ297628	Zhejiang	China
	NC 003398	Zhejiang	China
	AY042184	Beijing	China
	AF494510	Henan	China
	AY569692	SCMV-SX	China
	X98168	SCMV-Boetzingen	Germany

جایگاه تاکسونومیکی دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر ...

Table 3. (continued)			جدول ۳- (ادامه)
	AJ311168	S12	Spain
	AJ006202	SCMV-G96	Germany
	X98167	SCMV-Borsdorf	Germany
	AJ006201	SCMV-BC	Germany
	AJ421468	Sc	China
	DQ316233	mz-gz2	China
	AJ310104	yuhang	China
	DQ315497	BR14	Brazil
	DQ315498 D00949	BR15 SCMV-MDB	Brazil USA
SrMV	U07219	SrMV-Sch	USA
	U57358	SrMV-SCI	USA
	U57360	SrMV-SCM	USA
MDMV	U07216	MDMV-JIL	USA
	AJ001691	MDMV-BU	Bolgaria
		MDMV-Maz	Iran
IJMV	AF533363	IJMV-Shiraz	Iran
ZeMV	AF228693	ZeMV	Israeal
JGMV	AF032404	Krish-infecting	Australia
	Z26920	JGMV-AUST	Australia
	U07218	JGMV-KS1	USA

(Dougherty & Carrington 1988) در این دو ترادف نیز مشاهده می شوند. طرح های DAG که در انتقال با شته دخالت دارد (Atreya *et al.* 1991, 1995)، K/DK/DV محل برش ناحیه انتهای آمینی (N-terminal) ژن CP و MVWCIENGCSP که در ناحیه CP در پوتی ویروس ها و طرح NEEVFHQ/A محل برش ژن CP از NIN که درگروه I گونه SCMV حفاظت شده هستند (Badge *et al.* 1997, Shukla *et al.* 1988)، در این ترادف ها مشاهده می شوند (شکل ۲). دو آمینواسید R و D که محل اتصال پروتئین پوششی به RNA است (Jacquet *et al* 1998) با علامت دایره مشخص شده است (شکل ۲). موقعیت این طرح های حفاظت شده برای هر دو جدایه در جدول ٤ مشخص است.



۱.

شکل ۱- شکل شماتیک ناحیه ۳۰ ژنوم ویروس موزائیک نیشکر، موقعیت قطعات تکثیر شده با جفت آغازگرها و نتیجه تجمیع ترادف های بدست آمده جدایه های KhzQ86 و KhzQ86 و KhzQ86. Fig. 1. Schematic representation of the 3'-terminal region of the sugarcane mosaic virus genome and position of PCR-products amplified with indicated primer pairs and assembled sequence of KhzQ86 and KhzL66 isolates.

شکل ۳ گروهبندی ترادفهای مرتبط با پوتیویروسهای گیاهان تیره غلات را نشان می دهد. چنانکه از شکل پیداست ترادفهای مربوط به گروه SCMV در دو زیر گروه قرار میگیرند. ترادفهای MDMV ، MDMV و JGMV هر یک گروه جداگانه ی را تشکیل می دهند. JMV و ZeMV نیز در یک شاخه قرار می گیرند. میزان تشابه نوکلئوتیدی جدایه ها در درون هر گروه (ویروس) بجز SCMV و MDMV بیشتر از ۹۰٪ می باشد و بین گروه ها ز ۳۵/۳ تا V/۷ درصد متغیر است. میزان شباهت (similarity) در ترادفهای نوکلئوتیدی و آمینواسیدی همردیف شده درون و بین گروه ها در جدول ۵ مشخص شده است. تشابه نوکلئوتیدی جدایه های KhzL66 و SCMV درصد و تشابه آمینواسیدی آنها ۲۹/۳ درصد می باشد. تشابه ترادف آمینواسیدی در بین سویه های هر ویروس بیشتر از ۹۰٪ و در بین گونه ها از ۲۰/۳٪ تا ۲۰/۲٪ متغیر است اما سویه ای SCMV دا ین قاعده تبعیت نمی کند. جایگاه تاکسونومیکی دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر ...

KhzL66 : KhzQ86 :	* GNNSGQPSTVVDN GNNSGQPSTVVDN GNNSGQPSTVVDN	20 ILMVILAFNYAM ILMVILAFNYAM <b>ILMV</b> ILAFNYAM	* LSSGIQDNEI: LSSGIQDNEI: LSSGIQDNEI:	40 DNCCRMFANG DNCCRMFANG DNCCRMFANG	* DDLLLAVHPDY DDLLLAVHPDY DDLLLAVHPDY	60 EHILDG : EHILDG : EHILDG	62 62
KhzL66 : KhzQ86 :	* FQDHFGNLGLNFE FQDHFGNLGLNFE FQDHFGNLGLNFE	80 FTSRTRDKSELW FTSRTRDKSELW FTSRTRDKSELW	* FMSTRGIKCE FMSTRGIKCE FMSTRGIKCE	100 GIYIPKLEKE GIYIPKLEKE GIYIPKLEKE	* 1 RIVAILEWDRS RIVAILEWDRS RIVAILEWDRS	20 NLPEHR : NLPEHR : NLPEHR	124 124
KhzL66 : KhzQ86 :	* LEAICAAMVEAWG LEAICAAMVEAWG LEAICAAMVEAWG	140 YSDLVYEIRKFY YSDLVYEIRKFY YSDLVYEIRKFY	* 16 AWLLEMQPFA AWLLEMQPFA AWLLEMQPFA	0 NLAKEGLAPY NLAKEGLAPY NLAKEGLAPY	* 180 TIAETALRNLYL TIAETALRNLYL TIAETALRNLYL	GSGIKE : GSGIKE : GSGIKE	186 186
KhzL66 : KhzQ86 :	* 20 EEIEKYFKQFAKD EEIEKYFKQFAKD EEIEKYFKQFAKD	0 * LPGYLEDYNEEVI LPGYLEDYNEEVI LPGYLEDY <b>NEEVI</b>	220 FHQ/AGTVDA FHQ/AGTVDA <b>FHQ/A</b> GTV <b>DA</b>	* GAQGGDGKAG GAQGGDGKAG <u>G</u> AQGGDGKAG	240 TQPPATGAAAQ TQPPATGAAAQ TQPPATGAAAQ	GGAQPPA GGAQPPA GGAQPPA	: 248 : 248
KhzL66 : KhzQ86 :	* 260 TGAAAQPPATQGS TGAAAQPPATQGS TGAAAQPPATQGS	* QPPTGGATGGGG. QPPTGGATGGGG. QPPTGGATGGGG	280 AQTGAGETGS AQTGAGETGS AQTGAGETGS	* V <mark>I</mark> GGQKDKDV VIGGQKDKDV V GGQ <u>KDKDV</u>	300 VDAGTTGKITVP VDAGTTGKITVP DAGTTGKITVP	* KLKAMS : KLKAMS : KLKAMS	310 310
KhzL66 : KhzQ86 :	320 KKMRLPKAKGKDV KKMRLPKAKGKDV KKMRLPKAKGKDV	* LHLDFLLTYKPQ( LHLDFLLTYKPQ( LHLDFLLTYKPQ(	340 2QDISNTRAT 2QDISNTRAT 2QDISNTRAT	* REEFDRWYEA REEFDRWYEA REEFDRWYEA	360 AIKKEYEIDDTQ AIKKEYEIDDTQ AIKKEYEIDDTQ	* MTVVMS : MTVVMS : MTVVMS	372 372
KhzL66 : KhzQ86 :	380 GLMVWCIENGCSP GLMVWCIENGCSP GL <b>MVWCIENGCSP</b>	* NING <mark>S</mark> WTMMDGDI NING <mark>N</mark> WTMMDGDI NING WTMMDGDI	400 EQRVFPLKPV EQRVFPLKPV EQRVFPLKPV	* IENASPTFRQ IENASPTFRQ IENASPTF <mark>R</mark> Q	420 IMHHFSDAAEA IMHHFSDAAEA IMHHFSDAAEA	* YIEYRN : YIEYRN : YIEYRN	434 434
KhzL66 : KhzQ86 :	440 STERYMPRYGLQR STERYMPRYGLQR STERYMPRYGLQR	* 46 NLTDYSLARYAF NLTDYSLARYAF NLTDYSLARYAF	) DFYEMNSRTP. DFYEMNSRTP. DFYEMNSRTP.	* 48 ARAKEAHMQM ARAKEAHMQM ARAKEAHMQM	0 * IKAAAVRGSNTR IKAAAVRGSNTR IKAAAVRGSNTR	LFGLDG : LFGLDG : LFGLDG	496 496
KhzL66 : KhzQ86 :	500 NVGETQENTERHT. NVGETQENTERHT. NVGETQENTERHT.	* 520 AGDVSRNMHSLL AGDVSRNMHSLL AGDVSRNMHSLL	- GVQQHH : 5: GVQQHH : 5: GVQQHH	27 27			
K ويروس	KhzQ86 و hzL66	N) جدایه های	ژنوم (lb-CP	.ی ناحیه ۳	سازى آمينواسيد	همرديف ا	شکل ۲–
ارم است	DNAST	- R) MegAlion	یر با برزامه		نشک ارد ه	مدزائيك	
. 1.1.			ی به بر • • • • •	مرقيب عدر.		مور،يدد	
، حفاطت	ی شود. طرح های	ا ترادف دیده ه	موقعيت ١١٤	علامت / در	, CP از NID با	محل برس	
ع شود به	شدہ است (رجو	برين مشخص	باه با خط ز	ها با قلم سب	وتی ویروس ہ	شده در پ	
با علامت	سی به RNA است	، پروتئين پوشش	محل اتصال	Rو D که	. دو آمينواسيد	جدول ٤)	
					یص شدہ است	دايره مشخ	
Fig. 2. A	lignment of amin	no acid residue	es of the 3'	-region of	KhzQ86 and	KhzL66 is	solates of
- Cuer		. The elignmer	to more cone	noted using t	ha MagAlign n	rogram (D	NACTAD

*Sugarcane mosaic virus*. The alignments were generated using the MegAlign program (DNASTAR package). The putative cleavage site of CP from NIb is indicated by / sign in position 214. The conserved motifs of potyviruses are demarcated in bold face and underlined (see Table 4). The conserved amino acids R and D involved in RNA binding are indicated by open circle.

معصومی و همکاران ۲۲ جدول ٤- موقعیت طرح های حفاظت شده در ناحیه NIb-CP جدایه های KhzL66 و KhzL66 ويروس موزائيك نيشكر

Table 4. The position of the conserved motifs in NIb-CP region in KhzL66 and KhzQ86 isolates of Sugarcane mosaic virus

Conserved motifs	Amino acid position in KhzQ86 and KhzL66
GDD	45-47
GNNSGQPSTVVDNTLMV	1-17
NEEVFHQ/A	208-215
DAG	221-219
K/DK/DV	289-293
MVWCIENGCSP	375-385

جدول ۵- درصد تشابه نوکلئوتیدی در ناحیه CP-UTR ( قسمت بالای خط مورب) و
آمینواسیدی در ناحیه CP ( قسمت پائین خط مورب) بـین ویـروس هـای JJMV،
MDMV ،SrMV، SrMV و دو زیر گروه I و SCMV II، بدست آمـده از مقایسـه

ترادف ها در برنامه MegAlign (DNASTAR)

C. ~

Table 5. The range of nucleotide similarity in CP-UTR (above diagonal) and amino acid similarity in CP (below diagonal) between IJMV, SrMV, JGMV, MDMV and two subgroups of SCMV (I and II). The sequence similarities were calculated by MegAlign program (DNASTAR package)

	IJMV	MDMV	JGMV	SrMV	SCMVI	SCMVII	$MDMV-D^*$
IJMV		36 - 67.1	31.9 - 62.1	35.3 - 62.9	55.3 - 64.3	57.1 - 62.5	55.3 - 57.5
MDMV	42.0 - 60.3	84.2 - 88 91.5 - 94.2	38.7 - 56.7	63.3 - 74.7	58.2 - 65.7	57.0 - 63.4	56.6 - 63.5
JGMV	43.4 - 57.7	39.2 - 57.7	90.2 - 97.4	50.7 - 54.6	28 - 55.6	31.6 - 63.5	39.5 - 51.8
SrMV	42.7 - 60.7	64.7 - 78.2	53.1 - 55.4	97.8 - 83.3	57.1 - 62.7	53.3 - 63.4	55.5 - 59.4
SCMVI	62.9 - 62.0	56.9 - 76.8	52.5 - 58	96.4 - 98.5 66.7 - 73.9	91.7 - 99	70.3 - 84.6	63.8 - 78.8
SCMVII	62.2 - 69.3	71.0 - 76.1	54.8 - 61.0	54.3 - 70.5	78.8 - 100 74.4 - 78.8	84.0 - 100	75.6 - 83.8
						86.7 - 100	85.9 - 91.7
MDMV-B	64.4 - 69.3	54.9 - 76.1	57.0 - 58.4	64.2 - 68.7	76.8 - 88.6	82.9 - 87.0	867 040

ترادفهای SCMV در درخت فیلوژنتیکی که براساس ترادف نوکلئوتیدی ناحیه CP-UTR آنالیز شدند در دو گروه قرار گرفتند (شکل ۳). جدایههای ایران در کنار جدایههای مصر جایگاه تاکسونومیکی دو جدایه ایرانی ویروس موزائیک نیشکر ... (AJ491963) و آفریقای جنوبی (AJ491972) یک گروه تشکیل میدهند که با تعداد دیگری از سویههای جدا شده از نیشکر مانند SCMV-E (U57354) ، SCMV-A (U57357) و D00948) SCMV-Sc (در زیرگروه I قرار می گیرند. مشابهت نوکلئوتیدی جدایههای KhzL66 و KhzQ86 با اعضای گروه I از ۹۲/۸ تا ۹۸/۸ در صد و با اعضای گروه II از ۷۲/۲ تا ۸۳/۹ در صد می باشد. همانطور که در جدول ۵ مشاهده می شود میزان مشابهت نوکلئوتیدی بین این دو گروه ۲۰/۳ تا ۸٤/٦ می باشد. این در حالی است که میزان تشابه درون هر گروه بیش از ۹۰

د است. علاوه بر تفاوت در ترادف نوکلئوتیدی ناحیه CP-UTR که سویههای SCMV را در دو زیرگروه عمده (I و II) قرار میدهد (جدول ۳)، به لحاظ دامنه میزبانی، انتشار جغرافیائی و ترادف آمینو اسیدی محل برش CP نیز تفاوت اساسی بین این دو زیرگروه وجود دارد (جدول ۶). از نظر جغرافیایی اکثر جدایه های چین، تمام جدایه های آلمان، جدایه SCMV-MDB (MDMV-B) از آیوا (آمریکا)، یک جدایه از مکزیک و چند جدایه از برزیل در گروه II قرار می گیرند. باستثنای چند جدایه از چین که از نیشکر جدا شده اند بقیه جدایهها از ذرت جدا شده اند. در مورد گروه I بجز چهار جدایه که از Musa textilis در فیلیپین جدا شده اند منشاء جدول ۲- تفاوتهای میزبانی و مولکولی (طرح حفاظت شده در ناحیه محل برش CP از NIb) در زیرگروههای SCMV-II و SCMV-II و پراکنش جغرافیایی این جدایهها

Table 6. Differences in host specificity and molecular properties of conserved motif of NIb-CP catalytic site and the geographical distribution of the isolates of subgroups I and II of SCMV

	Group I	Group II
NIb – CP Cleaving site	USA NEEVFHQ/A Australia NDEVFHQ/A	NEDVFHQ/S
Host	Sugarcane	Maize, a few on sugarcane
Distribution	worldwide	Europe, China, Mexico, Brazil



derived by neighbor- joining analysis using CLUSTALX based on the nucleotide sequence of CP-UTR-region. Wheat streak mosaic virus was used as outgroup. Virus species related to each clade has been shown on the right.

#### ىحث

وجود طرحهای (motifs) حفاظت شده در ترادفهای آمینواسیدی جدایههای ایران مؤید قرار گرفتن این ترادفها در جنس پوتی ویروس و گونه SCMV است. جدایههای ایران با تشابه نوکلئوتیدی ۹۸/٦ درصد با یکدیگر و ۹۲/۸ تا ۹۸/۸ درصد با اعضای زیرگروه I در کنار یکدیگر در این زیرگروه قرار می گیرند. نزدیکترین ترادفها به ترادفهای ایران جدایههای مصر (AJ491963) و أفریقای جنوبی (AJ491972) است که با همدیگر در درخت فیلوژنتیکی یک زیرگروه را تشکیل میدهند. تشابه نوکلئوتیدی جدایه KhzQ86 و KhzL66 با جدایه مصر به ترتیب ۹۸/۲ و ۹۷/۲ درصد و تشابه آمینواسیدی آنها به ترتیب ۱۰۰ و ۹۹/۳ درصد است. همانطور که مشاهده می شود در ترادف آمینواسیدی جدایه مصر به KhzQ86 نزدیکتر است تا جدایه دیگر ایران.

با بررسی هایی که در دو دهه اخیر در ایران صورت گرفته، SCMV تنها از منطقه خوزستان جدا شده است. *امیری و ایزدیناه* (۱۹۹۳) SCMV-SCI را از نیشکر منطقه هفت تیه جدا کردند و براساس رابطه سرولوژیکی آنرا SCMV تشخیص دادند. آنالیز فیلوژنتیکی و تشابه نوکلئوتیدی نشان میدهد که KhzL66 و KhzQ86 دو جدایه نزدیک بهم هستند که احتمالاً پس از ورود به ایران مشتق شدهاند. براساس آزمون ELISA، جدایه SC-Q86 با آنتیسرم چند همسانهای MDMV-B واکنش مثبت داشت (Ghasemi 2005, Ghasemi et al. 2002). اگرچه MDMV-B با SCMV رابطه سرولوژیکی دارد ولی قادر به آلوده کردن نیشکر نیست (Teakle et al. 1989). معصومي و همكاران (۲۰۰٤) اين جدايهها را استرين SCMV-A تشخيص دادند. در آنالیز فیلوژنتیک در صورتیکه جدایه مصر در آنالیز قرار داده نشود جدایههای ایران در کنار جدایههای استرالیا (استرین Brisbane A) و استرینهای A و E آمریکا ( U57354 و U57357 ) و أفريقای جنوبی SCMV-sa قرار میگیرند. ترادف جدایههای SCMV-Q86 و GenBank در GenBank وجود دارد (Ghasemi 2005) ولى بدليل اينكه تنها ترادف٠٧٠ نوکلئوتید از ناحیه CP-UTR در دسترس بود امکان استفاده از آنها در این آنالیز فراهم نگردید. آنچه که مسلم است جدایهها یا استرینهای دیگری نیز در این منطقه وجود دارد (Amiri & Izadpanah 1993) غیر از خوزستان از مازندران نیز گزارش شده است (معینی و ایزدپناه ۲۰۰۱) ولی اطلاعات دقیقی از سویه آن در دست نیست، در هر صورت بنظر میرسد که جدایههای مورد بررسی منشاء خارجی داشته و احتمالاً با قلمههای وارداتی به داخل کشور وارد و پخش شده باشند.

در اکثر مطالعاتی که تاکنون روی سویههای SCMV انجام شده است تمایز سویهها از لحاظ ترادف نوکلئوتیدی و آمینواسیدی و خصوصیات بیولوژیکی مانند دامنه میزبانی و دگر پادی (cross protection) مشاهده شده است و نتایج حاصل از این مقاله این موضوع را تأیید Yang & Mirkov 1997, Chen *et al.* 2002, Oertel *et al.* 1997, Frenkel *et al.* 1991, میکند ( Teakle *et al.* 1989, Handly *et al.* 1998, Algeria *et al.* 2003 باز نگری در گروه بندی این ویروس ضروری باشد.

> **منابع** جهت ملاحظه به صفحات (1-5) متن انگلیسی مراجعه شود.

## سپاسگزاری

نگارندگان لازم میدانند از همکاری آقایان دکتر ساسان قاسمی و مهندس کوروش طاهرخانی بجهت اهدای جدایه ها ی ویروس موزائیک نیشکر تشکر و قدردانی نمایند.

آدرس نگارندگان: محمود معصومی، آوا زارع و کرامتاله ایزدپناه، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس و مرکز تحقیقات ویروس شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز

#### References

- ALGERIA, O. M., ROYER, M., BOUSALEM, M., CHATENET, M., PETERSCHMITT, M., GIRARD, J-C. and ROTT, P. 2003. Genetic diversity in the coat protein coding region of eighty-six sugarcane mosaic virus isolates from eight countries, particularly from Cameroon and Congo. Arch Virology148: 357-372.
- ADAMS, M.J., ANTONIEW, J.E. and FAUQUET, C.M. 2004. Molecular criteria for genus and species discrimination within the family *Potyviridae*. Arch. Virol. 150: 459-479
- AMIRI, F. and IZADPANAH, K. 1993. Purification, serology and transmission of Sugarcane mosaic virus in Khuzestan . Proc. 11th Iran. Plant Protec. Cong. Rasht, Iran. P.126.
- ATREYA, P.L., ATREYA, C.D. and PIRONE, T.P. 1991. Amino acid substitutions in the coat protein result in loss of insect transmissibility of a plant virus. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7887–7891.
- ATREYA, P.L., LOPEZ-MOYA, J.J., CHU, M., ATREYA, C.D. and PIRONE, T.P. 1995. Mutational analysis of the coat protein N-terminal amino acids involved in potyviral transmission by aphids. J. Gen. Virol. 76: 265–270.
- BADGE, J., ROBIONSON, D.J., BRUNT, A.A. and FOSTER, G.D. 1997. 3'-terminal sequences of the RNA genomes of narcissus latent and Maclura mosaic viruses that they represent new genus of the *Potyviridae*. J. Gen. virol. 78: 253-257.
- CHEN, J., CHEN, J. and ADAMS, M.J. 2002. Characterization of potyviruses from sugarcane and maize in China. Arch. Virol. 147: 1237-1246.
- COLINET, D. and KUMMERT, J., 1993. Identification of a sweet potato feathery mottle virus isolate from China (SPFMV-CH) by the polymerase chain reaction with degenerate primers. J. Virol. Methods. 45:149-159
- DOUGHERTY, W.G. and CARRINGTON, J.C. 1988. Expression and Function of potyviral gene products. Annu. Rev. Phytopathol. 26: 123-143.
- FAN, Z. and LI, H. 2004. Pennisetum mosaic. Pages: 687-689. In: Viruses and Virus
  Diseases of Paoceae (Graminae). (Lapierre, H. and Signoret, P.-A., eds.) INRA
  Edition, Paris.
- FAN, Z., CHEN, H., CAI, S., DONG, C., WANG, W., LIANG, X. and LI, H. 2003. Molecular characterization of a distinct potyvirus from whitegrass in China. Arch. Virol. 148: 1219-1224.
- FRENCH, R. and ROBERTSON, N. L. 1993. Simplified sample preparation for detection of wheat streak mosaic virus and barley yellow dwarf virus by PCR. J. Virol. Methods.

**49**: 93-100.

- FRENKEL, M. J., JILKA, J. M., MCKERN, N. M., STRIKE, P. M., CLARK, J. M. and SHUKLA, D. D. 1991. Unexpected sequence diversity in the amino-terminal ends of the coat proteins of strains of sugarcane mosaic virus. J. Gen Virol. 72: 237-242.
- GHASEMI, S. 2005. Grouping of poaceae potyviruses in Iran on the basis of serological relationship and sequence of the 3' region of the genome and study of VPg-HC-Pro interaction of *Potato virus Y* using yeast two hybrid system. **PhD Thesis,** Shiraz University.
- GHASEMI, S., TAHERKHANI, K. and IZADPANAH, K. 2002. Potyviruses causing mosaic in sugarcane in Khuzestan. Proc. 15<sub>th</sub> Iran. Plant Protec. Cong. 7-11 Sept. Razi University of Kermanshah, Iran.
- HANDLY, J.A., SMITH, G.R., DALE, J.L. and HARDING, R.M. 1996. Sequence diversity in the NIb coding region of eight sugarcane mosaic potyvirus isolates from Australia, USA and South Africa. Arch. Virol. 143: 1145-1153.
- HOLMES, D.S. and QUIGLEY, M. 1981. A rapid boiling method for the preparation of bacterial plasmids. Anal. Biochem. 114: 193-197.
- JACQUET, C., DELECOLLE, B., LECOQ, H., DUNEZ, J. and RAVELONANDRO, M. 1998. Use of modified *Plum pox virus* coat protein genes developed to limit heteroencapsidation-associated risks in transgenic plants. J. Gen. Virol. 79: 1509-1517.
- JANSON, B. F. and ELLETT, C. W. 1963. A new corn disease in Ohio. Plant Dis. Rep. 47: 1107-1108.
- KOIKE, H. and GILLASPIE, A. G., 1989. Mosaic. Pp:301-322. In: Diseases of Sugarcane-Major Diseases. (Ricaud, C., Eagan, B. T. and Gillaspie, A. G., eds.) Sientific Publishers, Amsterdam.
- MARIE- JEANNE, V., LOOS, R., PEYRE, J., ALLIOT, B. and SIGNORET, P. 2000. Differentiation of poaceae potyviruses by reverse transcription– polymerase chain reaction and restriction analysis. J. Phytopathol. 148: 141-151.
- MASUMI, M. and IZADPANAH, K. 1998. Bermudagrass mosaic in Iran. Proc. 13th Iran. Plant Protec. Cong. Vol. II. P. 314.
- MASUMI, M., IZADPANAH, K. and BEHJATNIA, S. A. A. 2001. Taxonomical position of Iranian Johnson grass mosaic virus. Proc. 1st Iran. Cong. Virol. Pp: 136-137.
- MASUMI, M., ZARE, A., GHASEMI, S. and IZADPANAH, K. 2004. Relationship between two dominant strains of *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) from Khuzistan and other

SCMV strains based on nucleotide sequence of 3'-region of the genome. **Proc. 16th Iran Plant Protec. Cong., Vol. 2. 28 Aug - 1 Sep. 2004. Tabriz, Iran. P**:314.

MASUMI, M., ZARE, A. and IZADPANAH, K. 2005. Revision of Sugarcane mosaic virus strain grouping in the world on the basis of phylogenetic analysis of N-terminus of coat protein gene. Proc. 3rd Iran. Cong. Virol. Tehran. Pp: 175-176.

- MOINI, A. A., IZADPANAH, K. 2001. Identification and purification of a MDMV-like virus of maize in Mazandaran. Iran. J. Plant Path. 37: 147-159. (Farsi and English abstract)
- OERTEL, U., SCHUBERT, J. and FUCHS, E. 1997. Sequence comparison of the 3'-terminal parts of the RNA of four German isolates of sugarcane mosaic potyvirus (SCMV). Arch. Virol. 142: 675-687.
- PAGE, R. D. M., 1996, TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer Application in Bioscience 12: 357-358.
- SEIFERS, D.L., SALOMON, R., MARIE-JEANNE, V., ALLIOT, B., SIGNORET, P., HABER, S., LOBODA, A., ENS, W., SHE, Y.M. and STANDING, K.G. 2000. Characterization of a novel potyvirus isolated from maize in Israel. Phytopathology 90: 505-513.
- SHUKLA, D. D., STRIKE, P. M., TRACY, S. L., GOUTH, K. H. and WARD, C. W.1988. The N and C temini of the coat proteins of potyviruses are surface located and the N trminus contains the major virus-specific epitopes. J. Gen. Virol. 69:1497-1508.
- SHUKLA, D.D., JILKA, J., TOSIC, M. and FORD, R.E. 1989a. A novel approach to serology of potyviruses involving affinity purified polyclonal antibodies directed towards virus-specific N-termini of coat proteins. J. Gen. Virol. 70: 13-23.
- SHUKLA, D.D., TOSIC, M., JILKA, J., FORD, R.E., TOLER, R.W., and LANGHAM, M. 1989b. Taxonomy of potyviruses infecting maize, sorghum and sugarcane in Australia and the United States as determined by reactivities of polyclonal antibodies directed towards virus-specific N-termini of coat proteins. Phytopathology 79: 223-229.
- SALOMAN, R. and SEIFERS, D. L. 2004. Zea mosaic. Pages: 693-696. In: Viruses and
  Virus Diseases of Poaceae (Graminae). (Lapierre, H. and Signoret, P.-A., eds.)
  INRA Edition, Paris.
- TEAKLE, D.S., SHUKLA, D.D. and FORD, R.E. 1989. Sugarcane mosaic virus. CMI/AAB Descriptions of Plant Viruses, No. 342.
- THOMPSON, J.D., GIBSON, T.J., PLEWNIAK, F., JEANMOUGIN, F. and HIGGINS, D.G. 1997. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence

alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Res. 24: 4876-4882.

- TOLER, R.W. 1985. Maize dwarf mosaic, the most important virus disease of sorghum. Plant Disease 69:1011-1015.
- WILLIAMS, L. E. and ALEXANDER, L. J. 1965. Maize dwarf mosaic, a new corn disease. Phytopathology 55: 802-804.
- YANG, Z. N. and MIRKOV, T.E. 1997. Sequence and relationships of sugarcane mosaic and sorghum mosaic virus strains and development of RT-PCR- based RFLPs for strain discrimination. Phytopathology 87: 932-939.
- ZARE, A., MASUMI, M. and IZADPANAH, K. 2005. Bermuda grass southern mosaic virus: A distinct potyvirus infecting several gramineous species in Iran. Parasitica 61: 105-110.

Address of the authors: M. MASUMI, A. ZARE AND K. IZADPANAH, Plant Virology Research Center, College of Agriculture, Shiraz University and Agricultural Research and Education Organization

PC.