



دانشکده‌ی کشاورزی

پایان نامه کارشناسی ارشد در رشته اصلاح نباتات

بررسی ژنومیکس کارکردی ویروس‌های موزائیک کوتولگی ذرت،
موزائیک جنوبی مرغ، موزائیک رگه‌ای گندم و برهم‌کنش آنها با
ژنوم گیاهی

توسط

نرجس راه‌پیما سروستانی

اساتید راهنما

دکتر اسماعیل ابراهیمی

دکتر محمود معصومی

اردیبهشت ۱۳۹۱

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

اقْرَأْ بِاسْمِ رَبِّكَ الَّذِي خَلَقَ (١) خَلَقَ الْإِنْسَانَ مِنْ عَلَقٍ (٢) اقْرَأْ وَرَبُّكَ

الْأَكْرَمُ (٣) الَّذِي عَلَّمَ بِالْقَلَمِ (٤) عَلَّمَ الْإِنْسَانَ مَا لَمْ يَعْلَمْ (٥)

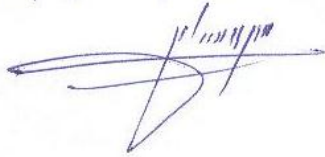
به نام خدا

اظہار نامہ

اینجانب نرجس راه‌پیما سروسستانی (۸۸۸۵۴۱) دانشجوی رشته‌ی مهندسی کشاورزی گرایش اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی اظہار می‌کنم که این پایان نامه حاصل پژوهش خودم بوده و در جاهایی که از منابع دیگران استفاده کرده‌ام، نشانی دقیق و مشخصات آن را نوشته‌ام. همچنین اظہار می‌کنم که تحقیق و موضوع پایان نامه‌ام تکراری نیست و تعهد می‌نمایم که بدون مجوز دانشگاه دستاوردهای آن را منتشر ننموده و یا در اختیار غیر قرار ندهم. کلیه حقوق این اثر مطابق آیین نامه مالکیت فکری و معنوی متعلق به دانشگاه شیراز است.

نام و نام خانوادگی: نرجس راه‌پیما سروسستانی

تاریخ و امضا: ۹۱/۷/۱۷



به نام خدا

بررسی ژنومیکس کارکردی ویروس‌های موزائیک کوتولگی ذرت، موزائیک جنوبی
مرغ و موزائیک رگه‌ای گندم و برهمکنش آنها با ژنوم گیاهی

به کوشش

نرجس راه‌پیما سروستانی

پایان نامه

ارائه شده به تحصیلات تکمیلی دانشگاه به عنوان بخشی از فعالیت‌های تحصیلی لازم برای اخذ درجه کارشناسی ارشد

در رشته‌ی:

اصلاح نباتات

از دانشگاه شیراز

شیراز

جمهوری اسلامی ایران

ارزیابی شده توسط کمیته پایان نامه با درجه: عالی

دکتر اسماعیل ابراهیمی، استادیار بخش زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه شیراز (رئیس کمیته).....
دکتر محمود معصومی، استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی فارس (رئیس کمیته).....
دکتر کرامت‌اله ایزدپناه، استاد مرکز تحقیقات ویروس‌شناسی گیاهی دانشگاه شیراز.....
دکتر منصور ابراهیمی، دانشیار گروه زیست‌شناسی دانشگاه قم.....

اردیبهشت ۱۳۹۱

به پاس تعبیر عظیم و انسانی‌شان از کلمه ایثار و از خودگذشتگی ...
به پاس عاطفه سرشار و گرمای امیدبخش وجودشان که در این سردترین روزگاران بهترین پشتیبان
است ...
به پاس قلب بزرگشان که فریاد رس است و سرگردانی و ترس در پناهشان به شجاعت می‌گراید ...
به پاس محبت‌های بی‌دریغشان که هرگز فروکش نمی‌کند ...
و به سپاس دعای خیرشان که همواره همراه من است،
این مجموعه را تقدیم می‌کنم به پدر عزیزتر از جانم، خواهر مهربانم و روح بزرگ مادرم که سجده‌ی
ایثارش گل محبت را در وجودم پروراند و دامن گهربارش لحظه‌های مهربانی را به من آموخت.

سپاسگزاری

شکر خدا که هر چه طلب کردم از خدا بر منتهای همت خود کامران شدم

پروردگار مهربانم، با تمام وجود می‌ستایم و در برابر تمام عشق و عظمت بیکرانت تنها با قطره اشک شوقی از داشتن تو، مهربانیت را به پیشگاه مهربانت عرضه می‌دارم؛ و در حضور تو و به مصداق « من لم یشکر المخلوق لم یشکر الخالق » بسی شایسته است سپاس کنم از چهار وجود مقدس: پدر و مادرم، آنان که ناتوان شدند تا من به توانایی برسم و موهایشان سپید شد تا من روسفید شویم و عاشقانه سوختند تا گرمابخش وجودم و روشنگر راهم باشند، و استادان فرزانه آقای دکتر اسماعیل ابراهیمی و آقای دکتر محمود معصومی که با کرامتی چون خورشید، سرزمین دلم را روشنی بخشیدند و گلشن سرای علم و دانشم را با راهنمایی‌های کار ساز و سازنده بارور ساختند؛ و با تقدیر و تشکر شایسته از استادان فرهیخته جناب دکتر کرامت‌اله ایزد پناه و دکتر منصور ابراهیمی که با نکته‌های دلاویز و گفته‌های بلند، صحیفه‌های سخنم را علم پرور نمودند و همواره راه‌گشای اینجانب در اتمام و اکمال پایان‌نامه بوده‌اند. و یزکیهم و یعلمهم الكتاب و الحکمه.

معلما مقامت ز عرش برتر باد همیشه توسن اندیشه‌ات مظفر باد

به نکته‌های دلاویز و گفته‌های بلند صحیفه‌های سخن از تو علم پرور باد

چکیده

بررسی ژنومیکس کارکردی ویروس‌های موزائیک کوتولگی ذرت، موزائیک جنوبی مرغ، موزائیک رگه‌ای گندم و برهم‌کنش آنها با ژنوم گیاهی

به کوشش

نرجس راه‌پیما سروستانی

Potyvirus ها از تیره Potyviridae بزرگترین گروه ویروس‌های گیاهی هستند و گروه Tritimovirus یکی از مهمترین جنس‌های این تیره به حساب می‌آید. بررسی تنوع و تکامل این ویروس‌ها عمدتاً بر اساس ژنوم کامل و یا ژن پروتئین پوششی به عنوان شاخص‌ترین و متنوع‌ترین ژن در بین گونه‌های مختلف این تیره، صورت گرفته است. بررسی تکامل ویروس‌های جنس Tritimovirus در منطقه هلال حاصلخیز با انجام آزمون Ancestors و ابزارهای بیوانفورماتیک مشخص می‌کند که با توجه به پراکنش ویروس‌ها در منطقه مدیترانه و تنوع فیلوژنتیکی، احتمالاً منشأ تکاملی آنها ناحیه مدیترانه باشد. این پژوهش به کمک ابزارهای آنالیز پروموتور، کاربرد الگوریتم‌های پیش‌بینی ساختار پروتئین و گرایش کدون‌ها، برای اولین بار نشان داد که در قسمت 5' ژن پروتئین پوششی ویروس موزائیک جنوبی مرغ (BgSMV) و ویروس موزائیک کوتولگی ذرت (MDMV)، ناحیه پروتئینی فعال در بیان ژن و تحمل به دمای بالا موسوم به coiled_coil_region وجود دارد. چنانچه بررسی‌ها مشخص می‌کند که شروع فعالیت و برهم‌کنش بیماری‌زایی ویروس با گیاه، در جهت پاسخ به طول روز در پوتی‌ویروس‌ها و ویروس موزائیک رگه-ای گندم (WSMV) احتمالاً با فعال بودن عناصر پاسخ به نور و ریتم شبانه روزی در ناحیه پروموتوری تعریف می‌شود. خروجی تحقیقات مشخص می‌کند که در پوتی‌ویروس‌ها فشار جهش بیشتر از قدرت انتخاب طبیعی در گرایش کدون‌ها و در نتیجه تکامل موثر بوده است. نتایج گرایش کاربرد کدون‌ها می‌تواند در پیش‌بینی ژن و فعالیت‌های ناشناخته آن در آینده به کار گرفته شود.

فهرست مطالب

صفحه	عنوان
۱	فصل اول: مقدمه
۲	مقدمه
۲	۱-۱- جنس <i>Potyvirus</i>
۳	۱-۱-۱- پوتی ویروس های غلات و اهمیت آنها در ایران
۵	۲-۱- جنس <i>Tritimovirus</i>
۵	۱-۲-۱- ویروس موزائیک رگه ای گندم و اهمیت آن در ایران
۶	۳-۱- معرفی بیوانفورماتیک
۸	۱-۳-۱- ژنومیکس
۱۰	۲-۳-۱- پروتئومیکس
۱۱	۳-۳-۱- متابولومیکس
۱۱	۴-۳-۱- ترنسکرپتومیکس
۱۲	۵-۳-۱- بیولوژی سیستمی
۱۲	۶-۳-۱- زمینه های مهم بیوانفورماتیک
۱۴	۷-۳-۱- پایگاه اطلاعاتی ترادف ژنتیک
۱۶	۳-۱-۸- ابزارهای موجود در پایگاه های اطلاعاتی
۱۷	۴-۱- اهمیت بیوانفورماتیک در مطالعه ویروس های گیاهی
۱۸	۵-۱- اهداف پژوهش
۲۰	فصل دوم: مروری بر پژوهش های پیشین
۲۱	۱-۲- جنس <i>Potyvirus</i>
۲۴	۱-۱-۲- پوتی ویروس های غلات در ایران
۲۵	۲-۲- ویروس موزائیک رگه ای گندم، WSMV

صفحه	عنوان
۲۶	۱-۲-۲- ویروس موزائیک رگه‌ای گندم در ایران
۲۷	۳-۲- بیوانفورماتیک و پایگاه داده‌های ویروس‌های گیاهی
۲۸	۱-۳-۲- پوتی ویروس‌ها
۲۹	۲-۳-۲- ویروس موزائیک رگه‌ای گندم، WSMV
۳۰	فصل سوم: مواد و روش‌ها
۳۱	۱-۳- جمع‌آوری داده‌ها و اطلاعات
۳۱	۱-۱-۳- ویروس موزائیک کوتولگی ذرت، MDMV و موزائیک جنوبی مرغ، BgSMV
۳۱	۲-۱-۳- ویروس موزائیک رگه‌ای گندم، WSMV
۳۶	۲-۳- بررسی‌های بیوانفورماتیک بر روی ترادف‌ها
۳۶	۲-۳-۱- بررسی روابط تکاملی
۳۶	۲-۳-۲- بررسی ساختار دوم و سوم ترادف‌های پروتئینی
۳۸	۳-۲-۳- بررسی دامنه و موتیف خطی ترادف‌های پروتئینی
۳۸	۲-۳-۴- آنالیز پروموتر و بررسی عناصر تنظیمی در ناحیه پروموتری
۳۹	۵-۲-۳- بررسی گرایش و کاربرد کدون‌ها
۴۱	۲-۳-۶- بررسی آماری
۴۲	فصل چهارم: نتایج و بحث و پیشنهادات
۴۳	۱-۴- ویروس موزائیک کوتولگی ذرت، MDMV و موزائیک جنوبی مرغ، BgSMV
۴۳	۱-۴-۱- هم‌ردیفی قطعه ۹۰ نوکلئوتیدی
۴۴	۲-۴-۱- بررسی دامنه موجود در ترادف پروتئینی
۵۰	۳-۴-۱- بررسی ساختار دوم و سوم ترادف‌های پروتئینی
۵۸	۴-۴-۱- آنالیز پروموتر و بررسی عناصر تنظیمی در ناحیه پروموتری
۶۶	۵-۴-۱- بررسی گرایش و کاربرد کدون‌های MDMV و BgSM به همراه دو گروه از پوتی ویروس‌ها به عنوان گروه‌های مقایسه
۸۳	۲-۴- ویروس موزائیک رگه‌ای گندم، WSMV

صفحه	عنوان
۸۳	۱-۲-۴- بررسی ساختار پروتئینی و نوکلئوتیدی گروهی از ویروس‌های موزائیک رگه- ای گندم
۹۲	۲-۲-۴- آنالیز اجدادی ویروس موزائیک رگه‌ای گندم و بررسی تکامل آن
۹۶	۳-۲-۴- آنالیز پروموتر و بررسی عناصر تنظیمی در ناحیه پروموتری
۹۷	نتیجه گیری نهایی
۹۸	پیشنهادها
۹۹	منابع
۱۰۸	چکیده به زبان انگلیسی

فهرست جدول‌ها

شماره و عنوان	صفحه
جدول ۳-۱- قطعات ۹۰ نوکلئوتیدی ویروس‌های موزائیک جنوبی مرغِ نواحی جنوبی ایران	۳۲
جدول ۳-۲- لیست سایت‌های استفاده شده برای بررسی‌های بیوانفورماتیکی	۴۰
جدول ۴-۱- نتایج هم‌ردیفی قطعه ۹۰ نوکلئوتیدی موجود در ژن cp ویروس BgSMV	۴۳
جدول ۴-۲- نتایج جستجوی دامنه موجود در مترادف پروتئینی ژن CP توسط سایت Pfam	۴۸
جدول ۴-۳- نتایج بررسی آنالیز پروموتری با دوسایت آنالیز PlantCARE و SignalScan	۶۰
جدول ۴-۴- نسبت کدون‌های مترادف در ژن پروتئین پوششی ویروس‌های SCMV، SrMV، MDMV، BgSMV	۶۸
جدول ۴-۵- اجزای نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی در پوتی ویروس‌ها	۷۳
جدول ۴-۶- ماتریس آنالیز همبستگی بین اجزای نوکلئوتیدی و شاخص Nc، GRAVY، Aromaticity و مولفه‌های اصلی آنالیز تطبیقی	۷۶
جدول ۴-۷- نتیجه جستجوی بلاست قطعه ۴۲ نوکلئوتیدی در پروتئین پوششی جدایه‌های نقده و سعادت شهر	۸۶
جدول ۴-۸- نتیجه جستجوی بلاست ناحیه پروتئینی قطعه ۴۲ نوکلئوتیدی در پروتئین پوششی جدایه‌های نقده و سعادت شهر	۸۶
جدول ۴-۹- تخمین میزان کل جایگزینی بین مترادف‌ها به روش Maximum Likelihood	۹۲
جدول ۴-۱۰- میزان جایگزینی بین افراد با اجدادشان در طی آزمون Ancestors	۹۵
جدول ۴-۱۱- نتایج بررسی عناصر فعال در ناحیه پروموتری ویروس موزائیک رگه‌ای گندم	۹۶

فهرست شکل‌ها

شماره و عنوان	صفحه
شکل ۱-۲-۱- نقشه ژنومی و جایگاه ژن‌های پوتی و ویروس‌ها در poly protein آنها	۲۳
شکل ۱-۳-۱- ترادف پروتئینی ژن CP ویروس‌های موزائیک جنوبی مرغ	۳۳
شکل ۲-۳-۲- ترادف پروتئینی ژن CP, 3'-UTR ویروس‌های موزائیک رگه‌ای گندم	۳۴
شکل ۱-۴-۱- جایگاه دامنه coiled_coil بر روی CP ویروس MDMV و BGSMV	۴۵
شکل ۲-۴-۲- نمایش جایگاه قرار گرفتن coiled_coil بر روی ترادف پروتئینی ژن CP ویروس‌های MDMV و BGSMV	۴۵
شکل ۳-۴-۳- ساختار coiled_coil	۴۶
شکل ۴-۴-۴- Taxonomic coverage برای دامنه پروتئینی Poty_coat و coiled_coil	۴۸
شکل ۵-۴-۵- نتایج آماری و گرافیکی اجزای ساختار دوم ترادف‌های پروتئینی ژن CP	۵۱
شکل ۶-۴-۶- بررسی میزان آبگریزی اسیدآمینه‌ها در ژن CP ویروس MDMV و BgSMV	۵۵
شکل ۷-۴-۷- ساختار سه بعدی زنجیره A پروتئین DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1	۵۶
شکل ۸-۴-۸- ساختار سه بعدی پروتئین Myc box-dependent-interacting protein 1	۵۷
شکل ۹-۴-۹- ژنوم خانواده Potyviridae و چگونگی قرار گرفتن ژن CP در اطراف ژنوم	۵۸
شکل ۱۰-۴-۱۰- مقایسه نسبت کاربرد کدون‌های مترادف (RSCU) در هر کدون	۶۹
شکل ۱۱-۴-۱۱- نمودار ارتباط بین اولین (<i>f1</i>) و دومین (<i>f2</i>) مولفه اصلی هر ژن در آنالیز تطبیقی	۷۰
شکل ۱۲-۴-۱۲- نمودار نقطه‌ای ارتباط بین اولین مولفه اصلی هر ژن (<i>f1</i>) در آنالیز تطبیقی و محتوی G+C	۷۱
شکل ۱۳-۴-۱۳- نمودار ارتباط بین اثر تعداد کدون‌ها (Nc) و محتوی GC3s	۸۰
شکل ۱۴-۴-۱۴- نتیجه هم‌ردیفی ترادف نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی ویروس موزائیک رگه‌ای گندم	۸۳
شکل ۱۵-۴-۱۵- نتایج آماری و گرافیکی اجزای ساختار دوم ترادف‌های پروتئینی ژن CP در جدایه‌هایی از ویروس موزائیک رگه‌ای گندم	۹۱
شکل ۱۶-۴-۱۶- درخت فیلوژنی و جایگاه گروه‌های اجدادی	۹۴

فصل اول

مقدمه

تیره *Potyviridae* بزرگترین و از نظر اقتصادی مهم‌ترین تیره ویروس‌های گیاهی و شامل ۷ جنس *Rymovirus*، *Potyvirus*، *Bymovirus*، *Ipomovirus*، *Brambyvirus*، *Macluravirus* و *Tritimovirus* می‌باشد، که تلاش‌های اخیر برای توسعه جنس‌های *Poacevirus*، *Blackyvirus* و *Susmovirus* صورت گرفته است (Rohožková and Navrátil 2011). تفکیک جنس‌های این تیره براساس شکل پیکره، وجود اندامک‌های ویژه درون سلولی (Inclusion body)، نحوه انتقال، ساختار ژنوم و نحوه بیان آن صورت گرفته است (Brunt *et al.*, 1996; Stenger *et al.*, 1998; Regenmortel *et al.*, 2000). این هفت جنس اکثر گونه‌های تیره *Potyviridae* را در بر می‌گیرند.

۱-۱- جنس *Potyvirus*

سطح وسیعی از گیاهان زراعی و غیرزراعی خانواده گندمیان در ایران و سایر نقاط دنیا، میزبان تعداد زیادی از ویروس‌های گیاهی هستند. پوتی‌ویروس‌ها، گسترده‌ترین ویروس‌ها در جهان همه ساله در گیاهان زراعی غلات بیماری ایجاد کرده و خسارات اقتصادی جبران ناپذیری را موجب می‌شوند (Anonymous 1980; Sutic *et al.*, 1999; White 1999; Revers and Candress 2004).

پوتی‌ویروس‌هایی که در غلات از جمله ذرت شناخته شده‌اند، شامل ویروس موزائیک نیشکر (*Sugarcane mosaic virus, SCMV*)، ویروس موزائیک کوتولگی ذرت (*Maize dwarf mosaic virus, MdMV*)، ویروس موزائیک سورگوم (*Sorghum mosaic virus, SrMV*)،

ویروس موزائیک قیاق (Johnson grass mosaic virus, JGMV) (Janson and Ellett 1963; Williams and Alexander 1965) که اخیراً ویروس موزائیک‌زا (*Zea mosaic virus, ZeMV*) (Seifers et al., 2000) از فلسطین اشغالی، ویروس موزائیک ایرانی قیاق (*Iranian Johnson grass mosaic virus, IJMV*) (معصومی و ایزدپناه ۱۳۸۰) از ایران و ویروس موزائیک پنی‌ستوم (*Pennisetum mosaic virus, PenMV*) (Fan et al., 2003) از چین به این گروه اضافه شده‌اند. این ویروس‌ها همه ساله در ذرت، سورگوم، نیشکر و برخی از گیاهان تیره گندمیان بیماری ایجاد کرده و باعث کاهش محصول و خسارت اقتصادی می‌شوند.

۱-۱-۱- پوتی ویروس‌های غلات و اهمیت آنها در ایران

در نقاط مختلف ایران پوتی ویروس‌های متعددی گزارش شده است که از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند. در سال ۱۳۶۱ یک ویروس رشته‌ای^۱ در ذرت و ویروس رشته‌ای دیگری در قیاق که با شته (*Rhopalosiphum padi*) منتقل می‌شدند توسط ایزدپناه گزارش شدند (ایزدپناه ۱۳۶۱). ویروس‌های رشته‌ای مشابهی از ذرت در شیراز، تهران، کرج، مشهد، مازندران و قزوین (افشاریفر و ایزدپناه ۱۳۷۰ الف و ب، ایزدپناه ۱۳۶۱، ایزدپناه و کامران ۱۳۷۴، معصومی و ایزدپناه ۱۳۷۴ الف)، سورگوم در مشهد (افشاریفر و ایزدپناه ۱۳۷۰ الف)، نیشکر در خوزستان (امیری و ایزدپناه ۱۳۷۲ الف و ب)، رشدی در برازجان (ایزدپناه ۱۳۶۵، قاسمی و ایزدپناه ۱۳۷۷ و ۱۳۷۹)، قیاق^۲ و سایر علف‌های هرز از کرج، مازندران، گیلان، شیراز، قزوین، زنجان، چنارشاهیجان و تهران (معصومی و ایزدپناه ۱۳۷۴ الف و ب) گزارش شده‌اند. منشأ اکثر این ویروس‌ها قیاق یا علف‌های هرز دیگر می‌باشد. از بین ویروس‌های گزارش شده از ایران می‌توان IJMV، SCMV، ویروس مرغ جیرفت (*Bermudagrass Jiroft mosaic virus*)،

¹ Single-stranded

² *Sorghum halepense*

(BJMV) ، ویروس موزائیک مرغ (*Bermudagrass mosaic virus* , BgMV) و ویروسی شبیه MDMV (*Maize dwarf mosaic virus*) (معینی و ایزدپناه ۱۳۷۹) را نام برد.

علائم موزائیک در مرغ^۱ توسط معصومی و ایزدپناه (۱۳۷۷) برای اولین بار ابتدا در شیراز و سپس در سایر مناطق کشور گزارش شده است. بررسی‌های دقیق علمی نشان داد که عوامل مولد موزائیک مرغ در دو گروه جدا قرار می‌گیرند. یک گروه شامل جدایه‌های جمع‌آوری شده از جیرفت، برازجان، بوشهر و اهواز هستند که به ویروس مرغ جیرفت (BJV) موسوم شدند و جدایه‌های جمع‌آوری شده از سایر مناطق کشور در یک گروه دیگر تحت عنوان ویروس موزائیک مرغ (BgMV) قرار گرفتند (معصومی و ایزدپناه ۱۳۷۹ الف؛ Zare et al., 2005). نام BJV بعدها به ویروس موزائیک جنوبی مرغ (*Bermuda grass southern mosaic virus*, BgSMV) تغییر یافت (معصومی و ایزدپناه ۱۳۷۹ الف). BgSMV و BgMV با یکدیگر رابطه سرولوژیکی ندارند ولی BgSMV با سایر پوتی ویروس‌ها از جمله MDMV و IJMV رابطه دارد (معصومی و ایزدپناه ۱۳۷۹ الف). مقایسه ترادف ناحیه میانی CP^۲ که ناحیه حفاظت شده ترادف ژن پروتئین پوششی است نشان داد که BgSMV به ترتیب با MDMV، SrMV و SCMV بیشترین نزدیکی را دارد (معصومی و ایزدپناه ۱۳۸۰). آنالیزهای فیلوژنتیک نشان داد که BgSMV و MDMV تشابه خیلی زیادی با هم دارند ولی BgSMV از نظر عدم انتقال با شته، *Rhopalosiphum maidis*، عدم آلودگی قیاق با MDMV، متمایز می‌شود. همچنین از یک قطعه ۹۰ نوکلئوتیدی در ژن CP مربوط به BgSMV مطلع شدند که در MDMV وجود ندارد (Zare et al., 2005). ادامه مطالعات در زمینه همسانه سازی و تعیین ترادف، بررسی بیولوژیکی و بیوانفورماتیکی موضوع را در خصوص این مهم روشن تر خواهد نمود.

¹ *Cynodon dactylon*

² Coat protein

۲-۱- جنس *Tritimovirus*

منشا اسم این جنس از میزبان ویروس *Wheat streak mosaic virus, WSMV* یعنی *Triticum aestivum* گرفته‌اند. در میان ویروس‌هایی که در گندم تولید موزائیک می‌کنند، ویروس موزائیک رگه‌ای گندم (*Wheat streak mosaic virus, WSMV*) در سطح جهانی گسترده‌ترین و شایع‌ترین هست (Niblett et al., 1988). بیماری ناشی از WSMV اولین بار در سال ۱۹۳۲ در ایالت نبراسکای آمریکا به عنوان «موزائیک زرد» شناخته و در سال ۱۹۳۷ توسط McKinney توصیف شد (Brakke 1971). بعداً این بیماری در بسیاری از کشورهای گندم خیز جهان از جمله ایران گزارش شد. تا کنون این بیماری از کشورهای کانادا، ایالات متحده آمریکا، مکزیک، آلمان، مجارستان، جمهوری چک، یوگسلاوی، اسلواکی، رومانی، روسیه، ترکیه، اردن، فلسطین، کشورهای مستقل مشترک المنافع، ایران، استرالیا و چین گزارش شده است (معصومی و ایزدپناه ۱۳۸۱; Foulad and Izadpanah 1986; Brunt 1996).

۱-۲-۱- ویروس موزائیک رگه‌ای گندم و اهمیت آن در ایران

WSMV در سال ۱۹۸۶ از ایران گزارش شد (Foulad and Izadpanah 1986). مطالعات بعدی نشان داد این ویروس در تمام مناطق گندم خیز کشور شامل استان‌های آذربایجان غربی و شرقی، زنجان، قزوین، تهران، مازندران، اصفهان، فارس، مرکزی، چهارمحال و بختیاری، کهگیلویه و بویر احمد، کرمان، خوزستان و خراسان وجود دارد و در بعضی از مناطق کشور مانند استان‌های فارس، کهگیلویه و بویر احمد، مرکزی، زنجان، آذربایجان غربی و خراسان از اهمیت بسزایی برخوردار است.

در ایران این ویروس در اکثر مناطق کشت گندم وجود دارد و گرچه خسارت آن در بسیاری از موارد نامحسوس است، اما در شرایطی نابودی کامل محصول را باعث شده است. WSMV در استان فارس بطور مکرر اپیدمی شده است، در سال ۱۳۷۹ و ۱۳۸۰ در مزارع

شیراز، ارسنجان و اقلید شیوع پیدا کرد و در بسیاری موارد بطور کامل محصول گندم را نابود کرد (معصومی و ایزدپناه ۱۳۸۱).

تحقیقات گسترده‌ای توسط مرکز تحقیقات ویروس‌شناسی دانشگاه شیراز در خصوص اهمیت این ویروس در ایران صورت گرفته‌است ولی دانش مولکولی بدون بهره‌گیری از روش‌های بیولوژیکی نمی‌تواند بطور کامل جواب‌گوی نیاز ویروس‌شناسان باشد. به همین لحاظ بایستی این دو مسیر همراه هم طی شوند. آگاهی از استرین‌های ویروس‌ها و تفاوت‌های آنها می‌تواند در درک مسائل اپیدمیولوژیکی، چگونگی روند گسترش و تکامل ویروس و بهره‌گیری از منابع مقاومت کمک کند. بنابراین با توجه به اهمیت این ویروس در ایران اطلاع از وضعیت ویروس در مناطق مختلف کشور و تفاوت‌های بیولوژیکی و مولکولی جدایه‌ها، در جهت کنترل بیماری ناشی از آن ضروری بنظر میرسد (معصومی و همکاران، اطلاعات منتشر نشده‌است).

۱-۳- معرفی بیوانفورماتیک^۱

بیوانفورماتیک یکی از شاخه‌های زیست‌شناسی است که در آن از توان رایانه‌ها در محاسبه‌های زیستی استفاده می‌شود. تا پیش از ابداع بیوانفورماتیک، تنها دو راه برای انجام آزمایش‌های بیولوژیک وجود داشت: آزمایش در محیط طبیعی (*in vivo*) و محیط مصنوعی (*in vitro*). بیوانفورماتیک را شاید بتوان بیولوژی *in silico* نامید که در آن از نتایج و داده‌های چیپ‌های سیلیکون ریزآرایه و میکروپروسسورهای کامپیوتر استفاده می‌شود. بیوانفورماتیک درباره جستجوی بانک‌های اطلاعاتی اینترنتی، مقایسه ترادف‌ها، جستجوی ساختار پروتئین‌ها و در واقع یافتن پاسخ سوالات بیولوژی از طریق کامپیوتر می‌باشد. معجزه بیوانفورماتیک در آن است که می‌تواند ماه‌ها کار آزمایشگاهی را به چند ساعت کار با کامپیوتر تبدیل کند. با وجود گذشت تنها چندین سال از ابداع این علم، این شاخه جدید بیولوژی بسیار تاثیرگذار بوده و هسته مرکزی بسیاری از پیشرفت‌ها در علوم گردیده است. برخی از پیشرفت‌های صورت گرفته

¹ Bioinformatic

با کمک بیوانفورماتیک به شرح زیر است: تجزیه و تحلیل اطلاعات حاصل از ترادف‌یابی ژنوم انسان، آرآیدوپسیس تالیانا و گندم، سیستم بیولوژی نگاه کردن کلی به ژنوم موجود و بررسی توام بیان صدها و هزارن ژن (Claverie *et al.*, 2007). در چند دهه اخیر، پیشرفت در بیولوژی مولکولی و تجهیزات مورد نیاز تحقیق در این زمینه باعث افزایش سریع تعیین ترادف ژنوم بسیاری از گونه‌های موجودات شد. امروزه ترادف ژنوم بسیاری از موجودات ساده مانند ویروس‌ها و باکتری‌ها تا موجودات بسیار پیشرفته چون یوکاریوت‌ها پیچیده (انسان) شناسایی شده‌است. این سیل اطلاعات، ذخیره سازی و فهرست‌دار کردن دقیق اطلاعات را ضروری کرده‌است. با پیشرفت چشم گیر فناوری اطلاعات و کاربردهای آن، ادغام دو علم بیولوژی و فناوری اطلاعات راه‌گشای این امر شد. به این ترتیب اوایل سال ۱۹۷۵ رشته بیوانفورماتیک با هدف استفاده از رایانه‌ها، نرم افزارها و بانک‌های اطلاعاتی جهت ذخیره سازی و بازیابی اطلاعات در مطالعات بیولوژیکی شکل گرفت. با پیشرفت بیوانفورماتیک حضور سایر رشته‌ها نیز ضروری شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها حضور علم آمار لازم شد. حجم بالای اطلاعات و پردازش آن‌ها نیز وجود رایانه‌های پیشرفته‌تری را می‌طلبد. بنابراین، بیوانفورماتیک یک تخصص میان رشته‌ای است که با ادغام زیست‌شناسی، ریاضیات و علوم کامپیوتر وجود آمده‌است و هدف نهایی این حوزه از علم، کشف چشم اندازه‌های جدید زیست‌شناختی و ایجاد دور‌نمایی کلی است که بتوان در آن جزئیات اصول زیست‌شناختی را از هم تمیز داد (Vassilev *et al.*, 2005) که امروزه نقش آن در پشتیبانی از علوم زیستی برای جمع‌آوری، مدیریت و تفسیر مقادیر زیادی از اطلاعات زیستی کاملاً اساسی و ضروری شده است (D'gostino *et al.*, 2005).

از مهمترین کارها در بیوانفورماتیک تجزیه و تحلیل اطلاعات ترادف است. بیولوژی محاسباتی نامی است که به این فرآیند داده شده‌است و شامل: پیدا کردن ژن‌ها در ترادف‌های DNA یا RNA موجود، توسعه روش‌های پیش‌بینی ساختار و یا وظایف پروتئین‌های تازه کشف شده و صف‌بندی پروتئین‌های مشابه و ایجاد درخت‌های فیلوژنتیکی برای بررسی روابط تکاملی می‌باشد.

شاخه‌هایی که بیوانفورماتیک در آنها به تحقیق می‌پردازد عبارتند از:

۱. ژنومیکس^۱: تجزیه و تحلیل اطلاعات ژنوم موجود زنده.
۲. پروتئومیکس^۲: آنالیز پروتئین‌های موجود زنده.
۳. متابولومیکس^۳: تجزیه و تحلیل داده‌هایی درباره متابولیت‌های سلول.
۴. ترانسکریپتومیکس^۴: آنالیز داده‌هایی مربوط به نسخه برداری DNA.

۱-۳-۱ ژنومیکس

ژنومیکس شامل تجزیه و تحلیل داده‌ها و اطلاعات ژنتیکی بخصوص ژنوم موجودات است. در مطالعات ژنومیکس تعداد بسیار زیادی ژن به طور همزمان با استفاده از ابزارهای خودکار مطالعه می‌شوند. در حقیقت ژنوم را باید ترادف کل DNA یا RNA موجود در سلول یا سلول‌های یک جاندار دانست که بعنوان ماده ژنتیکی عمل می‌نماید و سبب بروز صفات وراثتی (فنوتیپ) می‌شود، با انتقال ماده وراثتی از یک نسل به نسل دیگر، صفات ارثی از یک نسل به نسل بعد منتقل می‌شود. بطور خلاصه باید گفت که ژنومیکس مشهورترین کاربرد بیوانفورماتیک در تحلیل ترادف‌ها و شامل ترادف‌یابی و آنالیز ژن‌ها و رونوشت‌های آنها در یک موجود زنده است. ترادف‌های DNA یا RNA مربوط به ارگانیزم‌های مختلف جهت دستیابی سریع و مقایسه آنها با یکدیگر، در پایگاه‌های داده ذخیره می‌شوند. ژنومیکس به تجزیه و تحلیل داده‌های ژنتیک پرداخته و اطلاعات ژنتیک با ارزشی را نیز تولید می‌کند. موضوعات مورد بررسی ژنومیکس شامل: نقشه‌یابی ژنوم، ترادف‌یابی ژنوم و تجزیه و تحلیل‌های ژنومیکس عملکردی به منظور تجزیه و تحلیل مقایسه‌ای ژنوم هستند. بنابراین می‌توان علم ژنومیکس را به دو شاخه ژنومیکس ساختاری^۵ و ژنومیکس کارکردی^۶ تقسیم کرد. در ژنومیکس

¹ Genomics

² Proteomics

³ Metabolomics

⁴ Transcriptomics

⁵ Structural genomics

⁶ Functional genomics