

Charakterystyka molekularna izolatów wirusa łagodnej żółtaczki brzegów liści truskawki wykrytego po raz pierwszy w Polsce

Mirosława Cieślińska*, Dorota Starzec*, Ewa Hennig**

*Instytut Ogrodnictwa-PIB, Skierniewice, Zakład Ochrony Roślin

** Centralne Laboratorium GIORiN, Toruń



WSTĘP I CEL BADAŃ

Wirus łagodnej żółtaczki brzegów liści truskawki (*Strawberry mild yellow edge virus*, SMYEV) z rodzaju Potexvirus (rodzina Alphaflexiviridae) występuje na całym świecie, często w infekcji mieszanej z innymi wirusami, powodując karłowatość, deformację liści, żółknięcie tkanki między nerwami i straty w plonie owoców sięgające 30%. Na podstawie zróżnicowania sekwencji nukleotydów genu białka płaszczka (CP) izolatów SMYEV pochodzących z różnych regionów geograficznych, wyróżniono trzy główne grupy (I, II, III) i pięć podgrup (trzy w obrębie grupy I i dwie w grupie III).

Celem badań była charakterystyka genu CP 12 izolatów wirusa (Mal 4, GRNT 4, Grand 3, Grand 4, Grand 5, HP1541, HP1548, HP1501, clone 2, clone 15, clone 37 i 3233CL) wykrytych w liściach truskawek z trzech plantacji w woj. łódzkim oraz jednej w woj. lubuskim.



MATERIAŁY I METODY

Kwasy nukleinowe (w tym RNA wirusa) izolowano z liści truskawek metodą adsorpcji na żelu krzemionkowym, a następnie region zawierający gen białka płaszczka amplifikowano w reakcji RT-PCR i zsekwencjonowano.

Sekwencje genu białka płaszczka wykrytych izolatów SMYEV porównywano z analogicznymi sekwencjami 45 szczepów tego wirusa pochodzących z Argentyny, Chile, USA, Kanady, Chin, Korei Południowej, Japonii, Iranu, Australii, Niemiec i Belgii.

Do analizy sekwencji produktów RT-PCR wykorzystano oprogramowanie pakietu Lasergene 7.1 (DNASTAR), a analizę filogenetyczną przeprowadzono metodą przyłączania sąsiadów (MEGA 5.2).

WYNIKI

Podobieństwo sekwencji nukleotydów CP badanych izolatów SMYEV wynosiło 86,7-100%. Największe zróżnicowanie stwierdzono pomiędzy izolatem 3233CL z woj. lubuskiego, a pozostałymi wykrytymi izolatami.

Jedenaście izolatów lokowało się na drzewie filogenetycznym w podgrupie 1 (typ D74) grupy I, najliczniej reprezentowanej przez szczepy SMYEV z różnych krajów.

Izolat 3233CL zaklasyfikowano do grupy II, obok szczepów typu MY-18 z USA, Chile i Argentyny. Jednakże, w odróżnieniu od nich, tworzył on osobną gałąź, wyodrębniając tym samym nową podgrupę.

Nie wykazano związku pomiędzy zróżnicowaniem genetycznym w obrębie CP porównywanych izolatów i szczepów SMYEV a ich pochodzeniem geograficznym.

