Healthy Plant Healthy Planet

گیاه سالم جهان سالم

20th Iranian Plant Protection congress

26-29 August 2012 , Shiraz University

بیستمین کنگره‌ی گیاه‌پزشکی ایران

۴-۷ شهریور ۱۳۹۱، دانشگاه شیراز

Iranian Society of Weed Science

دانشگاه شیراز

شناسایی و ردیابی مولکولی ویروس زردی غربی چغندر در مزارع چغندرقند استان های خراسان رضوی و شمالی

قاسم ترابی، محسن مهرور، بهروز جعفرپور، محمد زکی عقل و محسن اشرفی
گروه گیاهپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد Ghasem.torabi@ymail.com

به منظور بررسی و تعیین پراکنش ویروس زردی غربی چغندرقند (*Beet western yellows virus*) طی تابستان ۱۳۹۰ تعداد ۹۰۰ نمونه، از مزارع چغندرقند استان های خراسان رضوی و شمالی جمع اوری شد. نمونه برداری به صورت انتخابی از گیاهان با علائم زردی، ضخیم و شکننده شدن برگها، لکه های نکروتیک و کوتولگی برگها انجام شد. جهت شناسایی ویروس BWYV از روش های سرولوژیک (TAS-ELISA) و ملکولی RT-PCR استفاده شد. در ازمون PCR با استفاده از اغازگرهای اختصاصی ژن پروتئین پوششی قطعه ای به اندازه ۵۸۰bp تکثیر شد. ترادف بدست امده جهت توالی یابی به شرکت بیونیر کره ارسال شد. ترادف توالی یابی شده با سایر ترادف های جهانی در پایگاه اطلاعاتی NCBI مقایسه شد که نتایج ان با نرم افزارهای ClustalW و Mega Version 5.5 مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصله از توالی یابی نشان داد که ایزوله های ایرانی BWYV بیشترین شباهت را با ایزوله ی امریکایی BWYV(af473561) داشت که ایزوله‌های ایرانی به ترتیب ۹۵ و ۹۷ درصد در سطح نوکلئوتیدی و امینو اسیدی با این ایزوله شباهت نشان دادند.

Identification and Molecular Detection of *Beet western yellows virus* in sugar beet fields of Khorasan Razavi and Northern Khorasan Provinces

G. Torabi, M. Mehrvar, B. Jafarpor, M. Zakiaghl and M. Ashrafi
Department of Plant Protection, School of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad
Ghasem.torabi@ymail.com

In order to evaluate and determine the distribution of the *Beet western yellow virus a* polerovirus in North-East of Iran, during the summer of 2011, 900 leaf samples were collected from sugar beet fields of the Northern Khorasan and Razavi Khorasan provinces. The symptomatic plants consisting of yellowing, thick and brittle leaves, necrotic spots and dwarf were collectd. In order to identify BWYV virus, Serological (TAS-ELISA) and molecular (RT-PCR) tests were used. In the PCR test, the specific primers were used to amplify a fragment of 580bp in coat protein gene. The amplified fragment has been sent for sequencing. The Sequenced fragment was compared with other sources of BWYV in the Genebank. using the ClustalW and MEGA5.5 programmers. The nucleotide and amino acid sequence comparison indicated that Iranian BWYV isolates were more closely related to a BWYV-US isolate (af473561) with 95 and 97% identity in nucleotide and amino acid levels respectively.