ژنتیک نوین
دوره یازدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۵
صفحه ۸۹-۸۳

ردیابی مولکولی و جایگاه تبار زایشی نژاد B ویروس موزائیک زرد لوبیا از مزارع باقلا استان گلستان

Molecular detection and phylogenetic position of B strain bean yellow mosaic virus from broad bean fields in Golestan province

زهرا صادقی*[۱]، سعید نصرالله نژاد[۱]، فروه سادات مصطفوی نیشابوری[۱]، احد یامچی[۱]
۱- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استادیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی

Sadeghi Z*[1], Nasrollahnejad S[1], Mostafavy Neishaboori FS[1], Yamchi A[1]

1-Graduated Student, Associate Professor, Graduated MSc Student, Assistant Professor, Gorgan University of Agriculture and Natural Resources, Gorgan, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: zahrasadeghi226@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۳/۳/۲۵ - تاریخ پذیرش: ۹٤/۲/۱۵)

چکیده

در سال‌های اخیر علائم بیماری ویروسی (موزائیک و زردی) در سطح وسیعی از مزارع باقلا استان گلستان مشاهده شده‌است. ویروس‌های گیاهی متعلق به جنس پوتی‌ویروس، یکی از شایع‌ترین و مهم‌ترین عوامل بیماری‌زای ویروسی در گیاهان می‌باشند. به منظور ردیابی پوتی‌ویروس‌ها حبوبات گیاهانی با علایم موزائیک، زردی، بدشکلی و پیچیدگی برگ‌ها طی فصل زراعی از استان گلستان جمع‌آوری شد. به‌منظور تایید آلودگی نمونه‌ها، RNA کل از نمونه‌های مذکور استخراج شد. پس از بررسی با جفت آغازگر عمومی پوتی‌ویروس (Oligo1n/Oligo2n) از بین ۳۵ نمونه، تعداد ۱۲ نمونه آلوده تشخیص داده شد. از بین نمونه‌های آلوده، تعدادی از نمونه‌ها به منظور ردیابی ویروس تعیین توالی شدند. نتایج نشان داد که نمونه‌های استان گلستان آلوده به ویروس موزائیک زرد لوبیا (Bean yellow mosaic virus, BYMV) می‌باشند. تجریه‌های تبارزایی، محاسبه فاصله ژنتیکی و تنوع نشان داد که جدایه گلستان در کنار جدایه‌های استرالیا و ژاپن در یک گروه قرار می‌گیرند. تعیین جایگاه جدایه ایرانی ویروس BYMV و مقایسه آن با سایر جدایه‌های دنیا منشا تکاملی و پیدایش این جدایه در ایران را مشخص کرد و به نظر می‌رسد منشا خارجی دارد. بیش‌ترین تنوع مولکولی و میزبانی در شرق آسیا موجود می‌باشد. براساس این نتایج باقلا با علایم موزائیک و بدشکلی برگ بیش‌ترین میزان آلودگی را به ویروس BYMV در بین میزبان‌های دیگر دارد.

واژه‌های کلیدی

آغازگر عمومی
پروتئین پوششی
واکنش زنجیره‌ای پلی مراز معکوس
ویروس موزائیک زرد لوبیا

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

مقدمه

یکی از مهم‌ترین عوامل محدود کننده افزایش تولید حبوبات در نقاط مختلف کشور، عوامل بیماری‌زای ویروسی می‌باشند (Salari et al. 2013). از جمله پوتی‌ویروس‌های آلودکننده حبوبات می‌توان به Bean yellow mosaic virus، Pea mosaic virus، White lupin mosaic virus و Clover yellow vein viru اشاره کرد (Hammond and Hammond 2003). در این میان ویروس BYMV مشکل بسیار جدی بوده که به طیف گسترده‌ای از حبوبات حمله می‌کند (AI-Ani et al. 2012). BYMV متعلق به خانواده Potyviridae و جنس Potyvirus می‌باشد. این جنس یکی از مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین جنس‌ها در بین ۲۸ خانواده ویروس‌های گیاهی می‌باشد که حاوی ۹۰ درصد گونه‌های این خانواده است (Nguyen et al. 2013). ژنوم این ویروس RNA تک رشته‌ای مثبت و شامل یک ORF[1] است که یک پلی‌پروتئین بزرگ را کد می‌کند (Gibbs and Ohshima 2010). این ویروس توسط بیش از ۲۰ گونه شته به روش ناپایا[2] و هم‌چنین به خوبی از طریق بذر گیاهان منتقل می‌شود. در ایران، اولین بار در سال ۱۹۶۸ از حبوبات و مناطق مختلف کشور گزارش شد (Saeedizadeh 2005).

اولین توالی کامل ژن پوشش پروتئینی[3](CP) ویروس BYMV در سال ۱۹۸۹ توالی‌یابی شد (Hammond et al. 1989). در بررسی‌های انجام گرفته براساس دامنه میزبانی در ژاپن، سه نژاد از ویروس BYMV شامل نژاد B از گیاه باقلا، نژاد P از نخودفرنگی[4] و نژاد O از گیاه لوبیای معمولی[5] معرفی شد (Inouye 1968). بعدها با بررسی ژنوم کامل ویروس، نژاد دیگری نیز از گلایول گزارش شد (Wada et al. 2000). تا سال ۱۹۹۱ جدایه‌های ویروس BYMV، Pea mosaic virus، White lupin mosaic virus و Clover yellow vein virus در زیرگروه BYMV طبقه بندی می‌شدند (Randles et al. 1980؛ Jones and Diachun 1977) اما مقایسه توالی‌های ناحیه پوشش پروتئینی و 3′-UTR و تشابه کم در این نواحی نشان داد که ویروس‌های BYMV، CYVV و PMV سه ویروس متمایز می‌باشند (Tracy et al. 1991). در ایران پراکنش این ویروس در استان‌های مهم کشت باقلا (خوزستان، گلستان، اصفهان و تهران) به روش سرولوژیکی بررسی شد و بالاترین درصد آلودگی با میانگین ۷۲/۸۲ درصد به استان اصفهان اختصاص داشت (Rohani et al. 2007). تاکنون هیچ توالی از ناحیه پوشش پروتئینی جدایه ایرانی ویروس BYMV در بانک ژن وجود نداشته و تنها ژن *NIb* این ویروس از استان آذربایجان شرقی تعیین توالی شده و در بانک ژن با شماره دسترسی *JF707769* موجود می‌باشد (Ghasemzadeh et al. 2012). *CP* متنوع‌ترین ژن است که به خوبی در ویروس BYMV و دیگر پوتی‌ویروس‌ها مطالعه شده است (Cuevas et al. 2012). بنابراین از بسیاری پارامترهای قابل دسترس برای تعیین جایگاه تاکسونومیکی نژاد، اطلاعات پوشش پروتئینی و توالی ژن‌ها موفق‌ترین و مفیدترین پارامتر برای تمایز بین پوتی‌ویروس‌ها و نژادها می‌باشد (Mckern et al. 1993; Fuji et al. 2003). با توجه به اینکه در مطالعات قبلی پراکنش گسترده این ویروس از مناطق مختلف کشور گزارش شده و این ویروس سالانه باعث خسارات فراوانی به محصولات کشاورزی به‌خصوص حبوبات می‌شود (Rohani et al. 2007). بنابراین شناسایی و مطالعات جزئی‌تر بر روی ژنوم آن امر ضروری بوده که ممکن است گام اولیه در جهت مدیریت این بیماری و کاهش خسارات ناشی از این ویروس باشد. همچنین، با توجه به بررسی تبارزایی می‌توان به سیر تکامل و تحول آن پی برد. لذا هدف این تحقیق ردیابی مولکولی و تعیین توالی ناحیه پوشش پروتئینی ویروس BYMV با استفاده از آغازگرهای عمومی جنس پوتی‌ویروس می‌باشد که از مناطق استان گلستان و از میزبان‌های مختلف حبوبات جمع‌آوری شده بود.

مواد و روش‌ها

منابع ویروسی

به‌منظور ردیابی ویروس موزائیک زرد لوبیا، ابتدا نمونه‌های گیاهی مشکوک به آلودگی ویروسی طی فصل‌های تابستان و بهار سال

[1] Open reading frame
[2] Non-persistent
[3] Coat protein
[4] *Pisum sativum*
[5] *Phaseolus vulgaris*

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

جدول ۱- شماره دسترسی، منشا و میزبان جدایه‌های ویروس BYMV موجود در بانک ژن و مورد استفاده در تجزیه‌های تبارزایی

شماره دسترسی	منشأ	میزبان	شماره دسترسی	منشا	میزبان
EU082112	استرالیا	*Vicia faba*	*AY520092*	آمریکا	-
EU082128	استرالیا	*Vicia faba*	*DQ060521*	چین	Canna sp.
D89545	ژاپن	*Vicia faba*	*AF192783*	استرالیا	*Lupinus angustifolius*
AB041970	ژاپن	*Gladiolus* sp.	*AF192781*	استرالیا	*Lupinus angustifolius*
AJ289199	هلند	Gentiana	*NC_003492*	آمریکا	*Vicia faba*
EU082127	روسیه	*Lupinus luteus*	*EU082123*	استرالیا	*Phaseolus vulgaris*
JN792544	اسپانیا	*Vicia faba*	*AY192568*	آمریکا	*Gladiolus* sp.
AM884180	تایوان	*Eustoma russellianum*	*DQ901432*	استرالیا	*Kennedia prostrata*
AJ289200	آلمان	Gentiana	*EF611822*	هندوستان	-
AY845011	هندوستان	*Vanilla fragrans*	*JX173278*	استرالیا	*Diuris magnifica*
AY845012	هندوستان	*Vanilla fragrans*	*X53684*	دانمارک	Danish gladiolus
FJ492961	کره جنوبی	*Freesia* sp			

از گیاهان باقلا، نخودفرنگی، لوبیا سبز، ماش و نخود ایرانی مزارع حبوبات استان گلستان جمع‌آوری و برای آزمایش‌های مولکولی به آزمایشگاه منتقل شد.

استخراج RNA، سنتز cDNA و واکنش‌های PCR

پس از عصاره‌گیری، نمونه‌ها در سه برابر حجم بافر سیترات آمونیوم ۰/۱ مولار (pH=٦/٥)، با کلروفرم به نسبت ۳۰ درصد تیمار و سانتریفوژ شدند و از رونشین به دست آمده برای سنتز cDNA استفاده شد. RNA ویروس، با استفاده از mRNA capture Kit (شرکت Roche، آلمان) طبق دستورالعمل شرکت سازنده استخراج شد. سنتز cDNA با استفاده RNA جذب شده به لوله با آنزیم Revert Aid (Mmulv) Moloney murine leukemia virus (شرکت Fermentas، لیتوانی) صورت گرفت. واکنش سنتز cDNA با مخلوط کردن ۱۰ میکرولیتر بافر ۵ برابر Expand RT، دو میکرولیتر dNTP (10 mM)، دو میکرولیتر DTT (100 mM)، ۳ میکرولیتر آغازگر oligodT (10 µM) تهیه شد. مخلوط حاصل با افزودن آب به حجم ۵۰ میکرولیتر رسیده و در دمای ٤۲ درجه سانتی‌گراد به مدت یک ساعت قرار داده شد. در مرحله بعد برای تکثیر قطعه مورد نظر، cDNA حاصل با جفت آغازگرهای عمومی ناحیه پوشش پروتئینی پوتی‌ویروس تکثیر شد. مخلوط واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر Buffer PCR (10x)، یک میکرولیتر $Mgcl_2$ (50 mM)، ۰/۵ میکرولیتر مخلوط dNTP (10 mM)، دو میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای دژنره Oligo1n (رفت) و Oligo2n (برگشت) به‌ترتیب با توالی‌های ´5-atggtHtggtgYatH gaRaaYgg-3´ و ´5-tgctgcKgcYttcatYtg-3´، دو واحد آنزیم Taq DNA polymerase (5 U/ul) (شرکت تکاپوزیست، ایران) و ۳ میکرولیتر cDNA (20 ng/µl) بود. برنامه PCR شامل ۳٦ چرخه واسرشت‌سازی اولیه ۹٤ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۵ دقیقه (یک چرخه)، ۳۵ چرخه (شامل واسرشت‌سازی ۹٤ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها ٥٤ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ٤٥ ثانیه و تکثیر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت یک دقیقه) و تکثیر نهایی واکنش در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۱۰ دقیقه بود. قطعه تکثیر شده در الکتروفورز ژل آگارز یک درصد رویت و از اندازه باند مورد نظر اطمینان حاصل شد. محصول PCR مستقیما همراه با آغازگرها برای تعیین توالی به شرکت تکاپوزیست (ایران، تهران) ارسال شد.

تجزیه تبارزایی

پس از تعیین ترادف قطعه موردنظر، توالی‌های استنتاجی با استفاده از نرم‌افزارهای DNAMAN و Editseq بدست آمد. هم ردیف‌سازی چندگانه و محاسبه فاصله ژنتیکی توالی موردنظر با ۲۵ جدایه ویروس BYMV موجود در بانک ژن که حاوی منطقه مورد نظر بودند توسط نرم‌افزارهای Clustal X (Thompson et al. 2002) و MegAling (Clewley and Arnold 1997) انجام شد (جدول ۱). نمودار درختی این جدایه‌ها به روش Neighbour joining در برنامه MEGA5 (Kumar et al. 2008) ترسیم شد. در

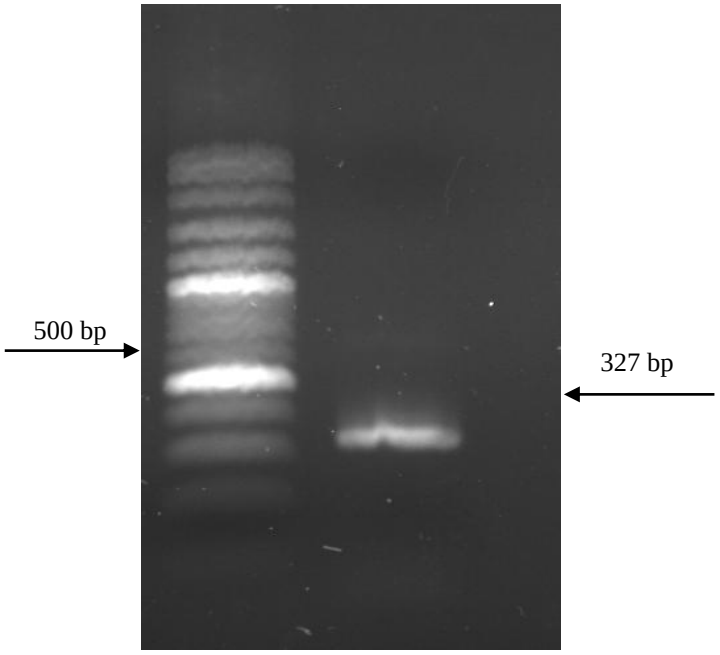
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

این تجزیه ویروس موزائیک هندوانه (Watermelon mosaic virus, WMV) به‌عنوان گروه خارجی مورد استفاده قرار گرفت. تعیین تنوع ژنتیکی، انتخاب طبیعی[1] و نسبت جانشینی نامترادف[2] (dN) بر جانشینی مترادف[3] (dS) که با علامت ω نشان داده می‌شود با نرم افزار MEGA5 و به روش Kimura's two parameter بین توالی گلستان و دیگر کشورها انجام گردید.

نتایج و بحث

نتایج بررسی‌های مولکولی روی نمونه‌های گیاهی (باقلا، نخودفرنگی، نخود معمولی و لوبیاسبز) مشکوک به بیماری ویروسی نشان داد که در ۱۲ نمونه از ۳۵ نمونه با استفاده از آغازگرهای عمومی جنس پوتی‌ویروس قطعه‌ای به اندازه ۳۲۷ جفت باز از ناحیه CP تکثیر شد (شکل ۱). پس از تعیین توالی و بلاست نتایج، صحت ویروسی بودن قطعات و شباهت آن به توالی ناحیه پروتئین پوششی ویروس BYMV موجود بانک ژن تایید شد. نتایج نمونه‌برداری نشان داد که باقلا با علائم موزائیک و بدشکلی پهنک برگ بیش‌ترین میزان آلودگی را به ویروسBYMV در بین میزبان‌های دیگر در سال زراعی ۹۱ در مناطق هاشم‌آباد و کردکوی داشته است (جدول ۲). بر اساس تجزیه کلاستر توالی‌ها به روش Neighbour joining، کلیه جدایه-های تجزیه شده در ٤ گروه قرار گرفتند (شکل ۲). جدایه ایران (گلستان) در گروه یک به همراه دو جدایه از استرالیا، دو جدایه از ژاپن و یک جدایه از هلند قرار گرفت. موقعیت جدایه ایرانی در بین سایر جدایه‌ها متمایز بود. جدایه‌های این گروه، از روی میزبان‌های باقلا و گیاهان زینتی شناسایی و خالص‌سازی شدند. نتایج حاصل از تجزیه فیلوژنتیکی نشان داد که جدایه ایران (گلستان) به جدایه‌های استرالیا و ژاپن نزدیکتر بوده و از نظر تکاملی بیش‌ترین شباهت را به این جدایه‌ها داشت (Wylie et al. 2008). میانگین فاصله ژنتیکی در کل جدایه‌ها ۰/۰۱۹ بود و مقدار π (شاخص تنوع ژنتیکی) در گروه‌های یک تا ٤ به‌ترتیب برابر با ۰/۰۵۵، ۰/۰۳۰، ۰/۰۱۸ و ۰/۰۲٤ بود، در صورتی‌که میانگین تنوع ژنتیکی درون گروه‌ها حدود ۰/۰۱۹ یعنی دو درصد بود.



شکل ۱- نتایج آزمون PCR در ژل آگارز یک درصد مربوط به ناحیه ژن پوشش پروتئینی ویروس موزائیک زرد لوبیا. چاهک یک باند حاصل از آغازگرهای (Oligo1n/Oligo2n)؛ چاهک M مربوط به نشانگر اندازه Gene ruler DNA ladder 1 Kb (شرکت Fermentas، لیتوانی).

جدول ۲- تعداد و محل نمونه‌برداری گیاهان مختلف حبوبات و میزان آلودگی آن‌ها به ویروس BYMV در استان گلستان

محل نمونه‌برداری	میزبان	تعداد نمونه‌های مورد آزمایش	تعداد نمونه آلوده
هاشم‌آباد، کردکوی و لمسک	لوبیا سبز	۷	۰
هاشم‌آباد و کفشگیری	نخود معمولی	۳	۰
سالیکده و دلند	ماش	۳	۰
هاشم‌آباد و کردکوی	باقلا	۱۵	۱۲
خطیر آباد	نخود فرنگی	۷	۰

بیش‌ترین تنوع ژنتیکی مربوط به گروه ۱ می‌باشد. نسبت dN/dS در گروه‌های مختلف ذکر شده و برای جمعیت کل ۰/۰۱۹ بدست آمد که نشان دهنده نقش انتخاب طبیعی در تکامل و تنوع این ویروس می‌باشد. بیشترین مقدار dN/dS در گروه ۱ با مقدار ۰/۲۹۷ مشاهده شد (جدول ۳). ویروس BYMV یکی از مهم‌ترین ویروس‌های آلوده‌کننده حبوبات می‌باشد که از لحاظ

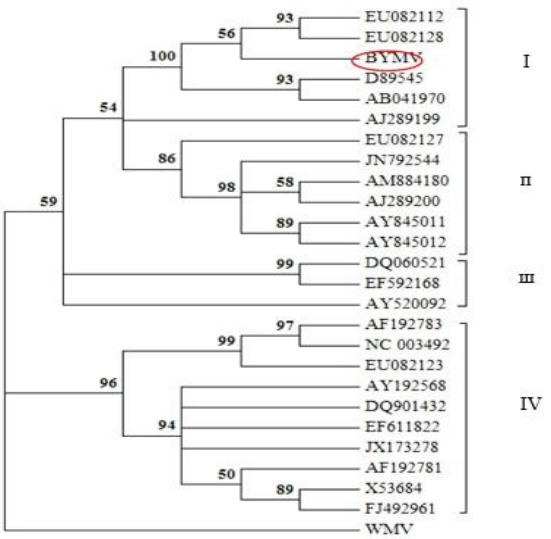
[1] Natural selection
[2] Nonsynonymous substitution
[3] Synonymous substitution

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

خسارتی که به گیاه باقلا وارد می‌کند بسیار مورد توجه است (Hemida et al. 2005). مقایسه توالی نوکلئوتیدی جدایه‌های ویروسی از مناطق جغرافیایی متفاوت امکان تجزیه و تحلیل ساختار ژنتیکی ویروس‌های گیاهی را فراهم می‌سازد (Abubakar 2003).

جدول ۳- تنوع ژنتیکی و نسبت جانشینی آمینواسیدی در جدایه‌های مختلف ویروس BYMV در گروه‌های تبارزایشی.

	جانشینی مترادف با اعمال تصحیح (dS)	جانشینی نامترادف با اعمال تصحیح (dN)	dN/dS	تنوع ژنتیکی (π)
دنیا	۰/۷۳۲	۰/۰۱٤	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹
گروه ۱	۰/۱۵۵	۰/۰۰٤	۰/۰۲۹۷	۰/۰۵۵
گروه ۲	۰/۱۳۵	۰/۰۰٤	۰/۰۲۹٤	۰/۰۳۰
گروه ۳	۰/۸۹٤	۰/۰۱۵	۰/۰۱۷	۰/۰۱۸
گروه ٤	۰/۲۰۷	۰/۰۰٤	۰/۰۲۳	۰/۰۲٤



شکل ۲- نمودار درختی رسم شده به روش Neighbour joining بر اساس توالی نوکلئوتیدی قطعه ۳۲۷ جفت بازی ژن پوشش پروتئینی جدایه ویروس BYMV و جدایه‌های موجود در بانک ژن، (Watermelon mosaic virus, WMV) به‌عنوان گروه خارجی در نظرگرفته شده‌است.

طبق نظر محققان ناحیه CP در تجزیه‌های تبارزایی بیش‌ترین کاربرد را دارد و توالی‌های ذخیره شده در بانک ژن بیشتر مربوط به این ناحیه می‌باشد (Cuevas et al. 2012). Wylie et al. (2008)، جدایه‌های BYMV را بر اساس توزیع جغرافیایی و تخصص میزبانی مورد بررسی فیلوژنی قرار دادند. گروه باقلا تنها شامل جدایه‌های *V. faba* بود که با نژاد B اینووای از ژاپن مطابقت داشت. از آنجاکه جدایه‌های موجود در گروه B فقط در ژاپن و استرالیا وجود داشتند در نتیجه از طریق بذر در اقیانوسیه، اروپا و آمریکای جنوبی گسترش یافتند (Spetz et al. 2003؛ Lovisolo et al. 2003). پراکنش این ویروس در سال‌های ۱۳۸۵-۱۳۸٤ در مناطق مهم کشت این گیاه به روش سرولوژیکی تعیین شد و میزان آلودگی استان گلستان ۵۷/٦۵ درصد بود (Rohani et al. 2007). با توجه به نتایج تحقیق حاضر میزان آلودگی ۲۲/۳۵ درصد افزایش یافته‌است. بنابراین انتشار گسترده ویروسBYMV، نمی‌تواند تنها به وسیله ناقلین طبیعی یعنی شته‌ها صورت گرفته باشد و این مسئله انتشار با بذر توسط انسان را تقویت می‌کند. همچنین بیشترین مقدار dN/dS مربوط به گروه ۱ بوده که نشان دهنده قدمت بالای این ویروس در این گروه و همچنین نشان دهنده نقش اصلی انتخاب منفی در تکامل این ویروس می‌باشد. بنابراین تغییرات نوکلئوتیدی منجر به تغییر آمینواسیدی نشده و تغییرات فنوتیپی زیاد نبوده‌است. این احتمال وجود دارد که منشا جدایه استان گلستان، از جنوب شرق آسیا و نژاد آن B باشد. در ایران مطالعات محدودی در مورد این ویروس انجام شده و تنها بخش‌های کوچکی از ژنوم جدایه آذربایجان شرقی تعیین توالی شده‌است. جدایه آذربایجان، بیش‌ترین تشابه نوکلئوتیدی را با جدایه استرالیایی داشته که با نتایج این تحقیق مشابهت دارد اما با نتایج Kaur et al. (2013) در هند مطابقت ندارد. زیرا جدایه‌های هند ارتباط نزدیکی با جدایه‌های گزارش شده از استرالیا و ژاپن بر روی باقلا نداشتند. این اولین گزارش از ردیابی و تعیین تراداف پروتئین پوششی ویروس BYMV در ایران و مزارع باقلا استان گلستان می‌باشد. ویروس ردیابی شده با شماره دسترسی *KM209330* در پایگاه اطلاعاتی NCBI ثبت شده‌است. درک عوامل دخیل در رقابت بین جدایه‌های ویروس و تکامل ویروس‌های گیاهی گام اول به سوی گسترش استراتژی-های بادوام به خصوص از طریق اصلاح گیاهان برای تولید ارقام مقاوم و تراریخته می‌باشد (Desbiez et al. 1977). مقاومت با انتقال ژن *CP* در تعدادی از پوتی‌ویروس‌ها گزارش شده‌است و تولید گیاهان مقاوم به ویروس BYMV در استرالیا پس از انتقال ژن *CP* در شبدر موفقیت‌آمیز بوده‌است (Chu et al. 1999).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

بنابراین تعیین توالی نوکلئوتیدی ژن پوشش پروتئینی می‌تواند در تحقیقات آینده در کارهای به نژادی و تولید ارقام مقاوم مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

Abubakar Z, Ali F, Pinel A, Traore O, Guessan P, Notteghem JL, Konate G, Fargette D (2003) Phylogeography of Rice yellow mottle virus in Africa. Journal of General Virology 84:733-743.

AI-Ani R, Adhab M (2012) Bean Yellow Mosaic Virus (BYMV) on Broadbean Characterization and Resistance Induced by Rhizobium leguminosarum. Journal of Pure and Applied Microbiology 7: 135-142.

Chare ER, Holmes EC (2006) A phylogenetic survey of recombination frequency in plant RNA viruses. Archives of Virology 151: 933-946.

Chu PWG, Anderson BJ, Khan MRI, Shukla D, Higgins TJV (1999) Production of bean yellow mosaic virus resistant subterranean clover (*Trifoolium subterraneum*) plants by transformation with the virus coat protein gene. Annals of Applied Biology 135: 469-480.

Clewley J, Arnold C (1977) The multiple alignment module of lasergene. Methods in Molecular Biology 70:119.

Cuevas JM, Delaunay A, Rupar TM, Jacquot E, Elena SF (2012) Molecular evolution and phylogeography of potato virus Y based on the CP gene. Journal of General Virology 93: 2496-2501.

Desbiez C, Gal-On A, Raccah B, Lecoq H (1997) Characterization of epitopes on Zucchini yellow mosaic potyvirus coat protein permits studies on the interactions between strains. Journal of General Virology 78: 2073-2076.

Fuji S, Inoue M, Yamamoto H, Furuya H, Naito H, Matsumoto T (2003) Nucleotide sequences of the coat protein gene of potyviruses infecting Ornithogalum thyrsoides. Archives of Virology 148: 613-621.

Gibbs AJ, Ohshima K (2010) Potyviruses in the digital age. Annual Reviews in Phytopathology 48: 205-223.

Ghasemzadeh A, Sokhandan Bashir N, Khakvar R (2012) Identification of important viruses for Legominosae family with using of universal primers from East-Azerbaijan province. In: Edition of 12th Iranian Congress of Genetics, Iran. 5. (In Farsi)

Hammond J, Hammond RW (1989) Molecular cloning, sequencing and expression in *Escherichia coli* of the bean yellow mosaic virus coat protein gene. Journal of General Virology 70: 1961-1974.

Hammond J, Hammond RW (2003) The complete nucleotide sequence of isolate BYMV-GDD of Bean yellow mosaic virus, and comparison to other potyviruses. Archives of virology 148: 2461-2470.

Hemida SK (2005) Effect of bean yellow mosaic virus on physiological parameters of *Vicia faba* and *Phaseolus vulgaris*. International Journal of Agriculture and Biology 2: 154-157.

Inouye T (1968) Studies on host range of PVY-group viruses in leguminous plants in Japan, and the identification of them by selected differential test plants. Nogaku Kenkyu 52: 11-29.

Jones RT, Diachun S (1977) Serologically and biologically distinct Bean Yellow Mosaic Virus Strains. Phytopathology 67: 831-838.

Kaur Ch, Kumar S, Raj ShK (2013) New Record of Association of Bean yellow mosaic virus with Mosaic Disease of Vicia faba in India. Indian Journal of Virology 24(1): 95-96.

Kumar S, Nei M, Dudly J, Tamura K (2008) MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. Briefings in bioinformatics 9(4): 299-306.

Lovisolo O, Hull R, Rosler O (2003) Coevolution of viruses with hosts and vectors and possible palaeontology. Advances in Virus Research 62: 325-379.

McKern NM, Barnett OW, Whittaker LA, Mishra A, Strike PM, Xiao XW, Ward CW, Shukla DD (1993) Sequence relatioships among the coat proteins of strains of pea mosaic, white lupin mosaic, and bean yellow mosaic potyviruses. Phytopathology 83: 355-361.

Nguyen HD, Tomitaka Y, Ho SYW, Duchene S, Vetten H, Lesemann D, Walsh JA, Gibbs AJ, Ohshima K (2013) Turnip mosaic potyvirus probably first spread to eurasian brassica crops from wild orchids about 1000 Years Ago. PLoS ONE 8: e55336.

Randles JW, Davies C, Gibbs AJ, Hatta, T (1980) Amino acid composition of capsid protein as a taxonomic criterion for classifying the atypical S strain of bean yellow mosaic virus. Australian Journal of Biological Science 33: 245-254.

Rohani B, Koohi Habibi M, Mosahebi Gh (2007) Occurrence and distribution of Bean Yellow Mosaic Virus in Faba bean fields of important provinces of Iran. In: 4th Iranian Congress of Virology, Iran. 38. (In Farsi)

Saeedizadeh A (2005) Compendium of bean diseases. Tehran University Press. Iran. (In Farsi)

Salari N, Musavi MS, Shahraeen N, Ghobani SH, Maleki M (2013) Identification and diagnosis of isolates of bean common mosaic viruses and bean common mosaic necrosis viruses by immunocapture RT-PCR. New Cellular and Molecular Biotechnology Journal 3: 21-28. (In Farsi).

Spetz C, Taboada AM, Darwich S, Ramsell J, Salazar LF, Valkonen JPT (2003) Molecular resolution of a complex of potyviruses infecting solanaceous crops at the centre of origin in Peru. Journal of General Virology 84: 2565-2578.

Suresh S, Park JH, Cho GT, Lee HS, Baek HJ, Lee SY, Chung JW (2013) Development and molecular characterization of 55 novel polymorphic cDNA-SSR markers in faba bean (*Vicia faba* L.) using 454 Pyrosequencing. Molecules 18: 1844-1856.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]

Thompson JD, Gibson T, Higgins DG (2002) Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. Current protocols in bioinformatics 2.3-22.

Tracy SL, Frenkel MJ, Gough KH, Hanna PJ, Shukla DD (1992) Bean yellow mosaic, clover yellow vein, and pea mosaic are distinct potyviruses: evidence from coat protein gene sequences and molecular hybridization involving the 3' non-coding regions. Archives of virology 122: 249-261.

Uga H, Kobayashi YO, Hagiwara K, Honda Y, Omura T (2004) Selection of an attenuated isolate of Bean yellow mosaic virus for protection of dwarf gentian plants from viral infection in the field. Journal of General Plant Pathology 70: 54-60.

Wada Y, Iwai H, Ogawa Y, Arai K (2000) Comparison of pathogenicity and nucleotide sequences of 3´-terminal regions of bean yellow mosaic virus isolates from Gladiolus. Journal of General Plant Pathology 66: 345-352.

Wylie SJ, Coutts BA, Jones MGK, Jones RAC (2008) Phylogenetic analysis of Bean yellow mosaic virus isolates from four continents: relationship between the seven groups found and their hosts and origins. Plant Disease 92: 1596-1603.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.9.2]