

## Identification, Genome Characterization and Phylogenetic Analysis of A Novel *Betanucleorhabdovirus* Infecting Sugar Beet (*Beta vulgaris*) in Iran

J. Abkhoo<sup>1</sup>, M. Mehrvar<sup>2\*</sup>, M. Zakiaghl<sup>2</sup>

1and 2-Department of plant protection, Faculty of agriculture, Ferdowsi university of Mashhad, Mashhad, Iran

(\*- Corresponding author's Email: [mehrvar@um.ac.ir](mailto:mehrvar@um.ac.ir) )Received: 30-09-2024  
Revised: 08-03-2025  
Accepted: 09-03-2025  
Available Online: 10-11-2025**How to cite this article:**Abkhoo, J., Mehrvar, M., & Zakiaghl, M. (2025). Identification, genome characterization and phylogenetic analysis of a novel *Betanucleorhabdovirus* infecting sugar beet (*Beta vulgaris*) in Iran. *Iranian Plant Protection Research*, 39(3), 283-291. (In Persian with English abstract).  
<https://doi.org/10.22067/JPP.2025.90010.1205>

### Introduction

Sugar beet (*Beta vulgaris*) is one of the most important agricultural crops in Iran. Viruses that cause disease in sugar beet include *Beet necrotic yellow vein virus*, *Beet soil-borne mosaic virus*, *Beet soil-borne virus*, *Beet virus Q*, *Beet yellows virus*, *Beet western yellows virus*, *Beet chlorosis virus*, *Beet curly top virus*, *Beet curly top Iran virus* and *Beet black scorch virus*. Members of the genus *Betanucleorhabdovirus* have a monopartite genome and negative-strand RNA. The genome of betanucleorhabdoviruses is 12.9 to 14.4 kb in length and contains six to seven genes. The genus *Betanucleorhabdovirus* has 18 species. Phylogenetic analyzes based on the sequence of the L gene have shown that betanucleorhabdoviruses form a monophyletic group and are placed in a sister group with dichorhavirus. So far, comprehensive and complete research has not been done regarding the identification and determination of molecular characteristics of betanucleorhabdoviruses infecting sugar beet in Iran. Therefore, this research was carried out in order to identify and determine the molecular characteristics of these viruses to pave the way for other research fields, especially their pathogenesis and management.

### Materials and Methods

In order to identify the casual agent of the viral diseases of sugar beet in Iran showing symptoms like mosaics and yellowing of the leaves in samples, were collected from major sugar beet cultivation areas of the country during September and October of 2023. Total RNA was extracted from 60 mg of sugar beet leaf and root tissue using SV Total RNA Extraction Kit (Promega, USA). After determining the quantity and quality of the samples using NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA), one sample from the purified total RNA samples that had an optical absorption ratio of 260 nm to 280 nm of approximately 2 was sent to Macrogen Company (Seoul, South Korea) for high-throughput sequencing based on the Illumina platform. High-throughput sequencing reads were imported to the CLC Genomics Workbench (v.12) software, and after editing, assembling the reads based on the software's default, contig fragments were made. Contig fragments were annotated in NCBI database (GenBank) using BLASTX and BLASTN algorithms. Reverse transcription polymerase chain reaction was used to confirm the presence of the virus in the collected samples. Total RNA was used with Random Hexamer primer to convert RNA to cDNA. Polymerase chain reaction was performed using specific primers designed for the N gene of the virus. The polymerase chain reaction included the initial annealing step at



©2025 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

<https://doi.org/10.22067/JPP.2025.90010.1205>

95°C for 5 minutes and then 35 cycles including 95°C for 1 minute, 54°C for 1 minute, and 72°C for 2 minutes. Then the reaction mixture was kept at 72°C for 15 minutes. The PCR products, which had an approximate size of 1208 bp, were sequenced. Phylogenetic analysis was performed based on complete genome sequence with MEGA 11, using Maximum likelihood method and General Time Reversible model (GTR+G+I) with 1000 bootstrap replications.

### Results and Discussion

After receiving the high-throughput sequencing results from South Korea's MacroGen Company and their preliminary analysis, the complete genome of a new *Betanucleorhabdovirus* was identified in sugar beet. The identified isolates showed 86.13% nucleotide identity, and isolate IR1 (accession number OR227650) shared the highest nucleotide identity among the viruses in the GenBank with tomato betanucleorhabdovirus 2 isolate SKO20ST1 (70.3%) and had a nucleotide identity level below the demarcation criteria for delimiting ICTV species in the genus *Betanucleorhabdovirus* (nucleotide identity of 75% for the whole genome). Therefore, a new species tentatively called beet betanucleorhabdovirus 1 (beet leaf curl betanucleorhabdovirus) was identified in the genus *Betanucleorhabdovirus*. The full-length genome of beet betanucleorhabdovirus 1 had six open reading frames (3'-N-P-P3-M-G-L-5'). The beet betanucleorhabdovirus 1 specific primers amplified a fragment with the expected size of 1208 bp from the sugar beet sample followed by sequencing of the PCR product. The result confirmed infection of the original beet samples with beet betanucleorhabdovirus 1. The phylogenetic analysis showed that beet betanucleorhabdovirus 1 is most closely related to members of the genus *Betanucleorhabdovirus*. Sugar beet plants infected with beet betanucleorhabdovirus 1 showed curling and mild yellowing of leaf, although these symptoms could be caused by infection of the host plant with other infecting viruses.

### Conclusion

This research identified a new virus with a negative single-stranded RNA genome, which belongs to the genus *Betanucleorhabdovirus* as a new species.

**Keywords:** High-throughput sequencing, Reverse transcription polymerase chain reaction, Rhabdoviridae, Rhabdovirus

## شناسایی، بررسی خصوصیات ژنومی و واکاوی تبارزایی بتانوکلتورابدوویروس جدید آلوده‌کننده چغندرقد (*Beta vulgaris*) در ایران

جواد آبخو<sup>۱</sup>، محسن مهرور<sup>۱\*</sup>، محمد زکی عقل<sup>۱</sup>

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۰۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۱۹

### چکیده

چغندرقد (*Beta vulgaris*) یکی از محصولات مهم کشاورزی در ایران است که در استان‌های مختلف کشت می‌شود و ویروس‌های مختلف سبب بیماری آن می‌شوند. اعضای جنس *Betanucleorhabdovirus* دارای ژنوم تک‌بخشی و آر آن تک رشته منفی بوده، ژنوم آن‌ها دارای شش تا هفت قاب خوانش باز (ORF) است. جهت شناسایی عامل یا عوامل ایجاد بیماری ویروسی در چغندرقد که دارای علائمی مانند موزائیکی شدن و زردی برگ‌ها بودند، نمونه‌برداری از برگ‌ها و ریشه‌های چغندرقد دارای علائم بیماری ویروسی از مناطق عمده کشت چغندرقد در کشور طی شهریور و مهرماه سال ۱۴۰۲ انجام و آر آن‌ها جهت توالی‌یابی توان بالا یا ژرف (High-throughput sequencing) برپایه پلتفرم ایلومینا (illumina) انجام شد. برای تأیید حضور ویروس در نمونه‌های جمع‌آوری‌شده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز معکوس استفاده شد. ترسیم درخت تبارزایی براساس ترادف کامل نوکلئوتیدی ژنوم آن با استفاده از نرم‌افزار MEGA11 به روش Maximum likelihood و مدل General Time Reversible (GTR+G+I) انجام شد. ترادف کامل نوکلئوتیدی ژنوم یک بتانوکلتورابدوویروس گیاهی جدید در چغندرقد شناسایی شد. جدایه‌های شناسایی‌شده، یکسانی نوکلئوتیدی به میزان ۸۶/۱۳ درصد را نشان دادند و جدایه IR1 (رس شماره OR227650) بالاترین درصد یکسانی نوکلئوتیدی را در بین ویروس‌های موجود در بانک ژنی (GenBank) با بتانوکلتورابدوویروس شماره دو گوجه‌فرنگی (tomato betanucleorhabdovirus 2) جدایه SKO20ST1 به میزان ۷۰/۳ درصد داشت و دارای میزان یکسانی نوکلئوتیدی زیر معیار مرزبندی گونه‌های ICTV در جنس *Betanucleorhabdovirus* (تشابه نوکلئوتیدی ۷۵ درصد برای کل ژنوم) بود. بنابراین به‌عنوان یک گونه جدید به نام بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندرقد (betanucleorhabdovirus 1) (beet leaf curl) (چغندرقد برگ پیچیدگی) ثبت شد. بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندرقد دارای شش قاب خوانش باز بود (3'-N-P-P3-M-G-L-5'). واکاوی تبارزایی نشان داد که بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندرقد بیشترین ارتباط را با اعضای جنس *Betanucleorhabdovirus* دارد. این تحقیق برای اولین بار بتانوکلتورابدوویروس جدیدی را از روی چغندرقد به‌عنوان یک گونه جدید از جنس *Betanucleorhabdovirus* معرفی می‌کند.

**واژه‌های کلیدی:** توالی‌یابی توان بالا، رابدوویروس، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز معکوس، *Rhabdoviridae*

۲۰۱- گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

(\*)- نویسنده مسئول: Email: mehrvar@um.ac.ir

<https://doi.org/10.22067/JPP.2025.90010.1205>

## مقدمه

چغندرقد (*Beta vulgaris*) با سطح برداشت ۱۳۲۱۸۵ هکتار یکی از محصولات مهم کشاورزی در ایران است که در استان‌های مختلف کشت می‌شود (Agricultural Statistics, 2023). ویروس‌هایی که سبب بیماری در چغندرقد می‌شوند شامل ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندرقد (*Beet necrotic yellow vein virus*)، ویروس موزائیک خاک‌زاد چغندرقد (*Beet soil-borne mosaic virus*)، ویروس Q چغندرقد (*Beet virus Q*)، ویروس زردی غربی چغندرقد (*Beet western yellows virus*)، ویروس پیچیدگی بوته چغندرقد (*Beet curly top virus*) (Harvesom et al., 2009)، ویروس ایرانی پیچیدگی بوته چغندرقد (*Beet curly top Iran virus*) (Bolok-Yazdi et al., 2008) و ویروس سوختگی سیاه برگ چغندرقد (*Beet black scorch virus*) (Cui, 1988) است.

اعضای جنس *Betanucleorhabdovirus* دارای ژنوم از نوع آر ان ا خطی تک بخشی با سنس منفی به طول ۱۲/۹ تا ۱۴/۴ کیلوباز هستند که حاوی شش تا هفت قاب خوانش باز است

(<https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/betanucleorhabdovirus>). ژنوم آن‌ها در ویروئیدهای باسیلی شکل با قطر ۴۵ تا ۱۰۰ نانومتر و طول ۱۳۰ تا ۳۵۰ نانومتر محصور شده است (Jackson et al., 2005). جنس *Betanucleorhabdovirus* دارای ۱۸ گونه است

(<https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/betanucleorhabdovirus>). سایر بتانوکلتورابیدوویروس‌ها که آلوده‌کننده گیاهان بوده‌اند و شرح داده شده‌اند شامل رابیدوویروس شماره یک پاریس یونانسیس (*Paris yunnanensis rhabdovirus*) (Hu et al., 2023) و بتانوکلتورابیدوویروس شماره یک تا پنج آقطی سیاه (*Sambucus betanucleorhabdovirus* 1-5) (Šafářová et al., 2024) است. واکاوی‌های تبارزایی براساس ژن L نشان داده است که بتانوکلتورابیدوویروس‌ها یک گروه مونوفیلیک را تشکیل می‌دهند و با دی‌کوراویروس‌ها (*Dichorhavirus*) در یک گروه خواری قرار می‌گیرند (Li et al., 2015).

تعداد زیادی از رابیدوویروس‌های گیاهی با استفاده از روش توالی‌یابی توان بالا (High-throughput sequencing) شناسایی شده‌اند (Bejerman et al., 2021; Bejerman et al., 2020; Šafářová et al., 2024). تاکنون تحقیق جامع و کاملی در خصوص شناسایی و تعیین خصوصیات مولکولی بتانوکلتورابیدوویروس‌های

آلوده‌کننده چغندرقد در ایران انجام نشده است. لذا این طرح به‌منظور شناسایی و تعیین خصوصیات مولکولی این ویروس‌ها به اجرا درآمد تا راه برای سایر زمینه‌های تحقیقاتی به‌خصوص نحوه بیماری‌زایی و مدیریت آن‌ها هموار گردد.

## مواد و روش‌ها

## جمع‌آوری نمونه‌های آلوده

نمونه‌برداری از برگ‌ها و ریشه‌های بوته‌های چغندرقد دارای علائم بیماری ویروسی از مناطق عمده کشت چغندرقد در کشور شامل استان‌های خراسان شمالی (شیروان و فاروج)، خراسان رضوی (مشهد، فریمان، سفیدسنگ، تربت‌جام، تایباد، تربت‌حیدریه و جوین)، خراسان جنوبی (خضری دشت بیاض و نیمیلوک)، کرمانشاه (کرمانشاه)، لرستان (ازنا) و همدان (نهاداند) طی ماه‌های شهریور و مهر ۱۴۰۲ انجام شد.

## توالی‌یابی توان بالا

استخراج آر ان ا کل از ۶۰ میلی گرم بافت برگ‌ها و ریشه‌های بوته‌های چغندرقد با استفاده از SV Total RNA Extraction Kit (Promega, USA) انجام شد. پس از تعیین کمیت و کیفیت نمونه‌ها به‌وسیله دستگاه نانودراپ ۲۰۰۰ (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA)، از میان نمونه‌های آر ان ا کل خالص که دارای نسبت جذب نوری ۲۶۰ نانومتر به ۲۸۰ نانومتر تقریباً دو بودند (Barbas et al., 2007)، یک نمونه جهت توالی‌یابی توان بالا برپایه پلتفرم ایلومینا (illumina) به شرکت ماکروژن (کره جنوبی) ارسال شد (Turang et al., 2024).

## واکاوی داده‌های توالی‌یابی توان بالا

ابتدا کنترل کیفیت خوانش‌های توالی‌یابی توان بالا با استفاده از نرم‌افزار CLC Genomics Workbench (v.12) بررسی شد. پس از ویرایش خوانش‌ها، مونتاژ آن‌ها براساس پیش‌فرض نرم‌افزار انجام و قطعات کانتیگ ساخته شد. قطعات کانتیگ در پایگاه داده NCBI (GenBank) با استفاده از الگوریتم‌های BLASTX و BLASTN حاشیه‌نویسی شدند (Altschul et al., 1997).

## تأیید نتیجه توالی‌یابی توان بالا به‌وسیله واکنش

## زنجیره‌ای پلیمران معکوس (RT-PCR)

برای تأیید حضور ویروس در نمونه‌های جمع‌آوری‌شده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز معکوس استفاده شد. از آر ان ا کل مورد استفاده

شماره OR227650) بالاترین درصد یکسانی نوکلئوتیدی را در بین ویروس‌های موجود در GenBank با بتانوکلتورابدوویروس شماره دو گوجه‌فرنگی جدایه SKO20ST1 به میزان ۷۰/۳ درصد داشت (جدول ۱) و دارای میزان یکسانی نوکلئوتیدی زیر معیار مرزبندی گونه‌های ICTV در جنس *Betanucleorhabdovirus* (تشابه نوکلئوتیدی ۷۵ درصد - براساس رای ک - ل ژنوم)

<https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/betanucleorhabdovirus> بود. بنابراین به‌عنوان یک گونه جدید به نام بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند (بتانوکلتورابدوویروس پیچیدگی برگ چغندر قند) ((beet leaf curl betanucleorhabdovirus 1 (betanucleorhabdovirus جنس *Betanucleorhabdovirus* نام‌گذاری شد (شکل ۱). ژنوم بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند دارای شش قاب خوانش باز بود (3'-N-P-P3-M-G-L-5') (شکل ۲).

**تأیید آلودگی چغندر قند به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند به وسیله واکنش زنجیره‌ای پلیمران معکوس**  
آغازگرهای اختصاصی بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند قطعه‌ای را با اندازه مورد انتظار ۱۲۰۸ جفت باز از نمونه چغندر قند تکثیر کردند (شکل ۲) که پس از توالی‌یابی، آلودگی چغندر قند به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند تأیید شد.

### واکاوی تبارزایی

درخت تبارزایی ترسیم‌شده براساس ترادف کامل نوکلئوتیدی ژنوم نشان داد که بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند بیشترین ارتباط را با اعضای جنس بتانوکلتورابدوویروس دارد (شکل ۴).

جهت انجام توالی‌یابی با توان بالا به همراه آغازگر راندوم هگزامر (Random Hexamer) جهت تبدیل آن به cDNA استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مران با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ژن N (پروتئین نوکلئوکسپید) این ویروس که از روی ترادف دریافت‌شده از شرکت ماکروژن (کره جنوبی) (رس شماره OR227650) طراحی شده بود- (Forward: 5'- ACGAGCTCAAAGCCATCCG (Reverse: 5'- TGCAGCATACAGCTTGTCCA (3') انجام شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مران شامل مرحله واسرشت‌سازی اولیه در ۹۵ درجه سلسیوس به مدت پنج دقیقه و سپس ۳۵ چرخه شامل دمای ۹۵ درجه سلسیوس به مدت یک دقیقه، دمای ۵۴ درجه سلسیوس به مدت یک دقیقه و دمای ۷۲ درجه سلسیوس به مدت دو دقیقه بود. سپس مخلوط واکنش در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۱۵ دقیقه نگهداری شد. محصولات واکنش که دارای اندازه تقریبی ۱۲۰۸ جفت باز بودند برای تعیین توالی به شرکت فزایپرو (ایران) ارسال شد.

### واکاوی تبارزایی

ترسیم درخت تبارزایی براساس ترادف کامل نوکلئوتیدی ژنوم آن با استفاده از نرم‌افزار MEGA11 (Tamura et al., 2021) به روش Maximum likelihood و مدل General Time Reversible (GTR+G+I) (Nei & Kumar, 2000) و با ۱۰۰۰ تکرار انجام شد.

### نتایج

پس از دریافت نتایج توالی‌یابی توان بالا از شرکت ماکروژن (کره جنوبی) و واکاوی مقدماتی آن‌ها، ژنوم ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند، ویروس خاک‌زاد چغندر قند، ویروس Q چغندر قند، ویروس سوختگی سیاه برگ چغندر قند، ویروس پیچیدگی بوته چغندر قند و ژنوم یک بتانوکلتورابدوویروس جدید در چغندر قند شناسایی شد. جدایه‌های شناسایی‌شده از ژنوم بتانوکلتورابدوویروس، یکسانی نوکلئوتیدی به میزان ۸۶/۱۳ درصد را نشان دادند و جدایه IR1 (رس

جدول ۱- درصد یکسانی نوکلئوتیدی کل ژنوم بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند جدایه IR1 (beet betanucleorhabdovirus 1 isolate)

(IR1) (رس شماره OR227650) با سایر ترادف‌های موجود در GenBank

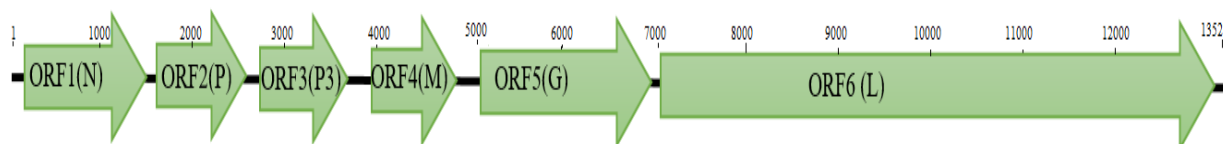
Table 1- Percentage of nucleotide identity of the complete genome of beet betanucleorhabdovirus 1 isolate IR1 (accession no. OR227650) with other sequences available in GenBank

| Scientific name                                      | Max score | Total score | Query cover | Percent identity | Accession number |
|------------------------------------------------------|-----------|-------------|-------------|------------------|------------------|
| Beet leaf curl betanucleorhabdovirus isolate Fariman | 14074     | 16161       | 100         | 86.13            | OQ784673         |
| Tomato betanucleorhabdovirus 2 isolate SKO20ST1      | 2190      | 4684        | 84          | 70.3             | OL472114         |
| Tomato betanucleorhabdovirus 2 isolate STR20AT       | 2179      | 4630        | 84          | 70.27            | OL472129         |
| Tomato betanucleorhabdovirus 2 isolate 09-50         | 2178      | 4845        | 79          | 70.3             | OP441765         |
| Tomato betanucleorhabdovirus 2 isolate 10-52         | 2174      | 4840        | 79          | 70.28            | OP441766         |



شکل ۱- بوته چغندر قند آلوده به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند (beet betanucleorhabdovirus 1) با علائم پیچیدگی و زردی خفیف برگ جمع آوری شده از منطقه فریمان، ایران

Figure 1- Sugar beet plant infected with beet betanucleorhabdovirus 1, showing curling and mild yellowing of the leaf collected from Fariman, Iran



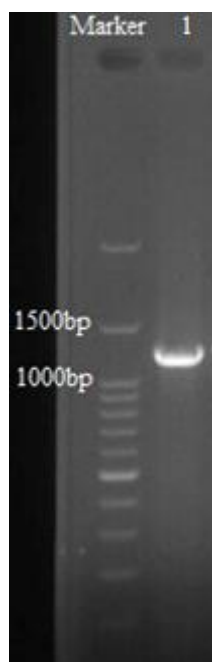
شکل ۲- تصویر شماتیک از ژنوم بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند جدایه IR1 (beet betanucleorhabdovirus isolate 1 IR1) (رس شماره 0227650). N (ژن پروتئین نوکلئوکپسید)، P (ژن فسفوپروتئین)، P3 (ژن پروتئین حرکتی)، M (ژن پروتئین ماتریکس)، G (ژن گلیکوپروتئین) و L (ژن پروتئین بزرگ)

Figure 2- Schematic illustration of the beet betanucleorhabdovirus isolate 1 IR1 genome (accession no. OR227650). N (nucleocapsid protein gene), P (phosphoprotein gene), P3 (movement protein gene), M (matrix protein gene), G (glycoprotein gene), L (large protein gene)

## بحث

گیاهی شناخته شده و همچنین ناشناخته را داشته و می تواند کل ژنوم ویروس های RNA دار را توالی یابی کند (Kreuze *et al.*, 2009; Adams *et al.*, 2009; Jones *et al.*, 2017; Al Rwahnih *et al.*, 2015). در مطالعه جدیدی روی چغندر قند در ایالات متحده آمریکا، *Alphanecrovirus* جدید آلوده کننده چغندر قند و ویروس های ماهواره ای همراه آن با استفاده از این روش شناسایی شد (Weiland *et al.*, 2020).

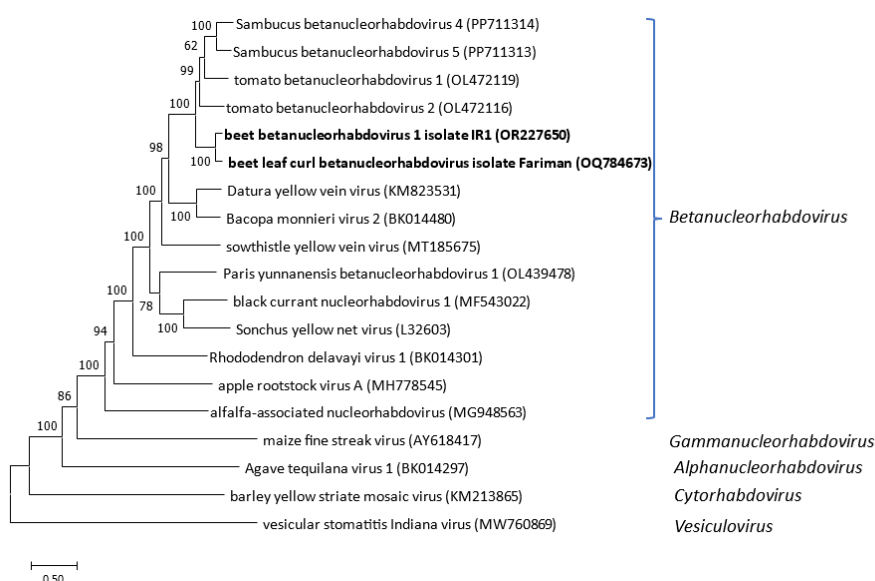
در این تحقیق برای اولین بار بتانوکلتورابدوویروس جدیدی بنام بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند روی چغندر قند جداسازی شد. ژنوم این ویروس دارای شش قاب خوانش باز بوده که براساس مترادف نوکلئوتیدی کل ژنوم با بتانوکلتورابدوویروس ها گروه بندی شده، و به عنوان گونه جدیدی از جنس *Betanucleorhabdovirus* معرفی می گردد. تکنیک توالی یابی توان بالا، توانایی تشخیص ویروس های



شکل ۳- نتایج واکنش زنجیره‌ای پلیمرز معکوس روی ژل آگارز یک درصد

Figure 3- Reverse polymerase chain reaction results on 1% agarose gel

چاهک ۱: نمونه آلوده به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند (beet betanucleorhabdovirus 1) از گیاهان چغندر قند، M: نشانگر 100 bp+3K (DM2300)  
Lane 1: sample infected with beet betanucleorhabdovirus 1 from sugar beet plants, M: marker 100 bp+3K (DM2300)



شکل ۴- درخت تبارزایی برپایه ترادف نوکلئوتیدی کل ژنوم بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندر قند (بتانوکلتورابدوویروس پیچیدگی برگ چغندر قند) (beet betanucleorhabdovirus 1 (beet leaf curl betanucleorhabdovirus)) و نمایندگانی از سایر جنس‌های خانواده

*Rhabdoviridae* با استفاده از نرم‌افزار MEGA 11 به روش Maximum likelihood و مدل General Time Reversible (GTR+G+I) و آزمون اعتبارسنجی با ۱۰۰۰ تکرار

Figure 4- Maximum likelihood tree of beet betanucleorhabdovirus 1 (beet leaf curl betanucleorhabdovirus) and other *Rhabdoviridae* constructed in MEGA11 using the GTR+G+I model, based on complete genome sequences, with 1000 bootstrap replications

ویروس ایندیانا وزیکولار استوماتیتیس (vesicular stomatitis Indiana virus) به عنوان عضو خارج از گروه در نظر گرفته شده است.

Vesicular stomatitis Indiana virus is considered as an outgroup.

گیاهان آلوده به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک تا پنج آقطی سیاه فاقد علائم بودند و یا علائم سبزدی خفیف برگ را نشان می‌دادند (Šafářová et al., 2024). گیاهان آلوده به رابدوویروس شماره یک پاریس یونانسیس در مراحل اولیه آلودگی رگبرگ روشنی و به دنبال آن زردی و نکروز برگ را نشان می‌دادند (Hu et al., 2023). بوته‌های چغندرقد آلوده به بتانوکلتورابدوویروس شماره یک چغندرقد، علائم پیچیدگی و زردی خفیف برگ را نشان دادند. بالاین حال، این علائم می‌تواند ناشی از آلودگی گیاه میزبان به سایر ویروس‌های آلوده‌کننده نیز باشد.

### نتیجه‌گیری

در این تحقیق برای اولین بار در دنیا یک بتانوکلتورابدوویروس جدید از روی چغندرقد شناسایی و گزارش گردید که به‌عنوان یک گونه جدید در جنس *Betanucleorhabdovirus* معرفی می‌گردد. تحقیقات آینده بر روی ویژگی‌های بیولوژیکی (ناقل و دامنه میزبانی)، میزان بیماریزایی و نحوه مدیریت آن توصیه می‌شود.

بلیت و همکاران (Belete et al., 2022) توالی کامل ژنوم رابدوویروسی جدید به‌نام ویروس شماره یک کنیدیم (*Cnidium virus 1*) از گیاه *Cnidium officinale* را در کره جنوبی شناسایی کردند که ژنوم آن از آن تک رشته‌ای با سنس منفی و به‌طول ۱۴ کیلوباز بود. سازمان ژنومی این ویروس شباهت زیادی به رابدوویروس‌های گیاهی داشته، شامل شش قاب خوانش باز (N-P-3-M-G-L) بود که به‌عنوان یک عضو جدید از جنس *Betanucleorhabdovirus* در خانواده *Rhabdoviridae* طبقه‌بندی گردید. هو و همکاران (Hu et al., 2023) یک بتانوکلتورابدوویروس جدید آلوده‌کننده گیاه *Paris polyphylla* var. *yunnanensis* به‌نام رابدوویروس شماره یک پاریس یونانسیس را در چین شناسایی کردند که ژنوم آن متشکل از ۱۳۵۰۹ نوکلئوتید بوده، دارای سازمان ژنومی معمولی رابدوویروس‌ها (حاوی شش قاب خوانش باز با مناطق بین ژنی حفاظت‌شده) است. صفروا و همکاران (Šafářová et al., 2024) پنج بتانوکلتورابدوویروس جدید به‌نام بتانوکلتورابدوویروس شماره یک تا پنج آقطی سیاه را از روی گیاه آقطی سیاه گزارش نمودند. این پنج بتانوکلتورابدوویروس جدید، ساختار ژنومی (3'-N-P-3-M-G-L-5') معمولی رابدوویروس‌های گیاهی را نشان دادند.

### References

- Adams, I.P., Glover, R.H., Monger, W.A., Mumford, R., Jackeviciene, E., Navalinskiene, M., Samuitiene, M., & Boonham, N. (2009). Next-generation sequencing and metagenomic analysis: A universal diagnostic tool in plant virology. *Molecular Plant Pathology*, 10(4), 537-45. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00545.x>
- Agricultural Statistics. (2023). Agricultural Statistics Crop Year 2021-2022, Volume one: Crops Products, Ministry of Agriculture Jihad, Deputy of Planning and Economics, ICT Center. (in Persian).
- Altschul, S.F., Madden, T.L., Schaffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., & Lipman, D.J. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 25, 3389-3402. <https://doi.org/10.1093/nar/25.17.3389>
- Al Rwahnih, M., Daubert, S., Golino, D., Islas, C., & Rowhani, A. (2015). Comparison of next-generation sequencing versus biological indexing for the optimal detection of viral pathogens in grapevine. *Phytopathology*, 105(6), 758-63. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-14-0165-R>
- Barbas 3rd, C.F., Burton, D.R., Scott, J.K., & Silverman, G.J. (2007). Quantitation of DNA and RNA. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2007, pdb.ip47. <https://cshprotocols.cshlp.org/content/2007/11/pdb.ip47.long>
- Belete, M.T., Igori, D., Kim, S.E., Lee, S.H., & Moon, J.S. (2022). Complete genome sequence of cnidium virus 1, a novel betanucleorhabdovirus infecting *Cnidium officinale*. *Archives of Virology*, 167(3), 973-977. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05348-9>
- Bejerman, N., Debat, H., & Dietzgen, R.G. (2020). The plant negative-sense RNA virosphere: virus discovery through new eyes. *Frontiers in Microbiology*, 11, 588427. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.588427>
- Bejerman, N., Dietzgen, R.G., & Debat, H. (2021). Illuminating the plant rhabdovirus landscape through metatranscriptomics data. *Viruses*, 13(7), 1304. <https://doi.org/10.3390/v13071304>
- Cui, X. (1988). An icosahedral virus found in sugar beet. *Journal Xinjiang Shihezi Agriculture College*, 10(1), 73-78.
- Bolok-Yazdi, H.R., Heydarnejad, J., & Massumi, H. (2008). Genome characterization and genetic diversity of beet curly top Iran virus: A geminivirus with a novel nonanucleotide. *Virus Genes*, 36, 539-545. <https://doi.org/10.1007/s11262-008-0224-2>
- Harvesom, R.M., Hanson, L.E., & Hein G.L. (2009). Compendium of Beet Diseases and Pests. The American Phyto-pathological Society. St. Paul, Minnesota, U.S.A. <https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/betanucleorhabdovirus>.

12. Hu, J., Miao, T., Que, K., Rahman, M.S., Zhang, L., Dong, X., Ji, P., & Dong, J. (2023). Identification, molecular characterization and phylogenetic analysis of a novel nucleorhabdovirus infecting *Paris polyphylla* var. *yunnanensis*. *Scientific Reports*, 13(1), 10040. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-37022-2>
13. Jackson, A.O., Dietzgen, R.G., Goodin, M.M., Bragg, J.N., & Deng, M. (2005). Biology of plant rhabdoviruses. *Annual Review of Phytopathology*, 43, 623–660. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.43.011205.141136>
14. Jones, S., Baizan-Edge, A., MacFarlane, S., & Torrance, L. (2017). Viral diagnostics in plants using next generation sequencing: Computational analysis in practice. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1770. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01770>
15. Kreuze, J.F., Perez, A., Untiveros, M., Quispe, D., Fuentes, S., Barker, I., & Simon, R. (2009). Complete viral genome sequence and discovery of novel viruses by deep sequencing of small RNAs: A generic method for diagnosis, discovery and sequencing of viruses. *Virology*, 388(1), 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2009.03.024>
16. Li, C.X., Shi, M., Tian, J.H., Lin, X.D., Kang, Y.J., Chen, L.J., Qin, X.C., Xu, J., Holmes, E.C., & Zhang, Y.Z. (2015). Unprecedented genomic diversity of RNA viruses in arthropods reveals the ancestry of negative-sense RNA viruses. *Elife*, 29(4), e05378. <https://doi.org/10.7554/eLife.05378>
17. Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Šafářová, D., Candresse, T., Veselská, J., & Navrátil, M. (2024). Novel betanucleorhabdoviruses infecting elderberry (*Sambucus nigra* L.): Genome characterization and genetic variability. *Pathogens*, 13(445), 1-17. <https://doi.org/10.3390/pathogens13060445>
18. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
19. Turang, S., Mehrvar, M., & Zakiagh, M. (2024). Identification, molecular and phylogenetic characterization of two isolates of vinca mosaic virus based on p1 and cp genes. *Journal of Iranian Plant Protection Research*, 38(3), 209-226. (in Persian with English abstract). <https://doi.org/10.22067/jpp.2024.82191.1144>
20. Weiland, J.J., Sharma, Poudel, R., Flobinus, A., Cook, D.E., Secor, G.A., & Bolton, M.D. (2020). RNAseq analysis of rhizomania-infected sugar beet provides the first genome sequence of beet necrotic yellow vein virus from the USA and identifies a novel alphanecrovirus and putative satellite viruses. *Viruses*, 12(6), 626. <https://doi.org/10.3390/v12060626>