



Research Article

Molecular detection of *Potato virus S* in Mazandaran Province, Iran

Faramarz Janborarzade¹, Seyyedeh Atefeh Hosseini^{1✉}, Asra Salary²

1. Plant Protection Department, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran

2. Plant Protection Department, Faculty of Agriculture, University of Jiroft, Jiroft, Iran

Abstract: *Potato virus S* (PVS) is one of the damaging and limiting agents affecting potato cultivation in Mazandaran Province, in north Iran. This virus belongs to the genus Carlavirus, characterized by an isometric particle morphology, a single-stranded RNA genome, and a relatively narrow host range. PVS typically exhibits an additive effect and is often found in co-infection with other potato viruses. Considering the observed symptoms of the spread and damage caused by this virus in potato fields of Mazandaran Province, this study was conducted to carry out molecular identification and determine the distribution areas of the virus within the province. A total of 94 plant samples were collected from potato fields in three regions; Savadkuh, Galugah, and Parkuh, in Mazandaran Province during 2023–2024. Total viral RNA was extracted from samples displaying severe disease symptoms, and the coat protein gene region of the virus was amplified using RT-PCR. A band of 1,118 base pairs was detected. One positive sample from each region was selected and sent to Macrogen Inc. (South Korea) for sequencing. After sequencing, the similarity of the obtained sequences to the corresponding gene region of other isolates of this virus was determined using phylogenetic software. The results showed that Iranian isolates of this virus fall into two groups; Group I: includes isolates from Iran, Syria, South Korea, China, and Germany, while Group II contains only two Iranian isolates. The molecular identification of isolates of this virus in this province, their distribution areas, and their genetic similarity to isolates from other countries are reported for the first time.

Keywords: Phylogeny, Coat protein, Reverse transcriptase

مقاله پژوهشی

شناسایی مولکولی ویروس اس سیب‌زمینی در استان مازندران ایران

فرامرز جان‌بوازاده^۱، سیده عاطفه حسینی^{۱✉}، اسرا سالاری^۲

۱. گروه گیاه‌پزشکی و باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

۲. گروه گیاه‌پزشکی و باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، جیرفت، ایران

چکیده: ویروس اس سیب‌زمینی از عوامل خسارت‌زا و محدود کننده کشت این گیاه در استان مازندران در شمال ایران است. این ویروس متعلق به جنس کارلاویروس با پیکره چند وجهی و ژنوم RNA تک رشته‌ای و دامنه میزبانی نسبتاً محدود است. این ویروس معمولاً دارای اثر افزایشی و همراه با سایر ویروس‌های سیب‌زمینی در گیاه حضور دارد. نظر به مشاهده نشانه‌های شیوع و خسارت این ویروس در مزرعه‌های سیب‌زمینی استان مازندران این پژوهش برای شناسایی مولکولی و

✉Corresponding author: ahosseini@birjand.ac.ir; Received: 2025.05.12; Revised: 2025.08.06; Accepted: 2025.08.26

✉ دریافت: ۱۴۰۴/۰۲/۲۲، بازنگری: ۱۴۰۴/۰۵/۱۵، پذیرش: ۱۴۰۴/۰۶/۰۴

تعیین مناطق انتشار ویروس، در این استان اجرا گردید. تعداد ۹۴ نمونه گیاهی از مزرعه‌های سیب‌زمینی سه منطقه سوادکوه، گلوگاه و پرکوه در استان مازندران، طی سالهای ۱۴۰۲-۱۴۰۳ جمع‌آوری گردیدند. RNA کل ویروس از نمونه‌های دارای نشانه‌های شدید بیماری استخراج گردید و به روش RT-PCR، ناحیه ژنی پوشش پروتئینی ویروس تکثیر گردید و باندی به اندازه ۱۱۱۸ جفت باز تشخیص داده شد. یک نمونه مثبت از هر منطقه انتخاب و برای تعیین توالی به شرکت ماکرو ژن کره ارسال گردیدند. پس از تعیین توالیها میزان تشابه آنها با توالی این ناحیه ژنی سایر جدایه‌های این ویروس با استفاده از نرم‌افزارهای تبارشناسی تعیین گردید. نتایج نشان داد که جدایه‌های ایرانی این ویروس در دو گروه قرار دارند، گروه یک شامل جدایه‌های ایران، سوریه، کره جنوبی، چین، آلمان و در گروه دو تنها دو جدایه ایرانی قرار گرفتند. شناسایی مولکولی جدایه‌های این ویروس در این استان، مناطق انتشار آنها و شباهت ژنتیکی آنها با جدایه‌های سایر کشورها برای نخستین بار گزارش می‌شود.

واژگان کلیدی: تبارشناسی، پوشش پروتئینی، نسخه‌برداری معکوس

مقدمه

Introduction

سیب‌زمینی بعد از ذرت بیشترین پراکنش را در جهان دارد. این محصول در حدود ۱۴۰ کشور کشت می‌شود که بیش از ۱۰۰ کشور در مناطق گرمسیری و نیمه گرمسیری واقع شده‌اند، اما هنوز این محصول در مناطق معتدله، شامل کشورهای در حال توسعه قاره آسیا بیشترین تولید را دارد. این گیاه دوره رشدی کوتاهی دارد اما میزان بسیار بالایی پروتئین و انرژی تولید می‌کند (Dolincar 2021). در ایران استان‌های زنجان، آذربایجان شرقی و غربی، همدان، اصفهان، فارس، کرمان و خراسان دارای بیشترین سطح زیر کشت سیب‌زمینی می‌باشند. بیماری‌های ویروسی متعددی این گیاه را آلوده می‌کنند که از مهمترین آنها ویروس اس سیب‌زمینی (PVS)، ویروس وای سیب‌زمینی، ویروس پیچیدگی برگ سیب‌زمینی، ویروس موزاییک یونجه، ویروس آ سیب‌زمینی و ویروس ام سیب‌زمینی است (Burrows & Zitter 2005). ویروس اس سیب‌زمینی بر اساس آزمایش‌های سرولوژیک و واکنش روی لوییای رقم Red Kidney نخستین بار در اصفهان تشخیص داده شده است (Danesh et al. 1992). این ویروس در سطح جهانی نیز شیوع بالایی در مزرعه‌های سیب‌زمینی داشته و در کشورهای استرالیا، آمریکای جنوبی، آفریقا و در سرتاسر اروپا پراکنده است (Grbin 2023). این ویروس متعلق به جنس کارلاویروس است که دارای پیکره ای رشته‌ای شکل بوده و تقریباً در تمام مناطق کاشت سیب‌زمینی وجود دارد. افراد این جنس آلودگی با علائم خفیف و بعضی اوقات بدون علائم ایجاد می‌کنند. نوع ژنوم این ویروس RNA تک رشته ای بوده و در انتهای ۵ دارای Vpg و در انتهای ۳ دارای کلاک یا Cap دارد. از آنجائیکه Vpg بصورت کووالانته (قطبی) به RNA ویروس متصل می‌شود، لذا تعامل (برهمکنش) Vpg با اجزاء میزبان، می‌تواند انتقال RNA ویروس را از سلولی به سلول دیگر، آسان نماید. این ویروس به سه روش مکانیکی، ناقل و روشهای تکثیری نظیر غده آلوده و پایه و پیوندک منتقل می‌شود. نظر به مشاهده نشانه‌های شیوع و خسارت این ویروس در مزرعه‌های سیب‌زمینی استان مازندران این پژوهش برای شناسایی مولکولی و تعیین مناطق انتشار ویروس، در این استان اجرا گردید.

مواد و روشها

Materials and Methods

در بهار ۱۴۰۳، طی بازدید از مزرعه‌های سیب‌زمینی استان مازندران و از بوته‌های دارای علائم بیماری ویروسی، تعداد ۹۴

نمونه برداشت گردیدند. این علائم شامل موزائیک، کوتولگی بوته، زردی، تاولی شدن و بدشکلی برگها بود. ارقام سیبزمینی نمونه برداری شده شامل آگریا، کوزیما، آریندا، مارفوما بودند. هر گیاه آلوده به عنوان یک نمونه داخل کیسه فریزر گذاشته شده و تاریخ، محل نمونه‌برداری، نام گیاه و رقم کشت شده در آن درج گردید. نمونه‌ها روی یخ به آزمایشگاه منتقل و تا زمان انجام آزمایش در دمای ۴ درجه سلسیوس و در طولانی مدت در دمای منفی ۲۰ درجه سلسیوس نگهداری شدند. مناطق نمونه‌برداری شده به منظور شناسایی و تعیین پراکنش ویروس S سیب‌زمینی (PVS) طی سالهای ۱۴۰۲-۱۴۰۳ شامل شهرستانهای گلوگاه، سوادکوه و روستای پرکوه در حومه ساری بودند.

استخراج RNA کل از گیاه آلوده به ویروس S سیب‌زمینی

برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) می‌توان از RNA کل استفاده نمود. برای استخراج RNA کل از کیت High Pure Viral Nucleic Acid Kit مربوط به کمپانی Roche استفاده گردید.

آزمون زنجیره‌ای پلیمراز و تعیین توالی پروتئین پوششی ویروس

آزمون واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به روش نسخه برداری معکوس (Reverse-transcription polymerase chain reaction (RT-PCR)) از PCR برای تکثیر قطعه ژنوم مورد نظر استفاده شد و برگرفته از اصول همانندسازی DNA در داخل سلول است. جهت تبدیل RNA به DNA از روش RT-PCR استفاده می‌گردد که در این روش مولکول RNA با آنزیم Reverse transcriptase (RT) به cDNA تبدیل و سپس cDNA حاصله طی فرآیند PCR تکثیر می‌گردد. سیکل‌های PCR شامل سه مرحله واسرشت سازی (Denaturing)، اتصال (Annealing) و توسعه (Extension) بودند. تنظیم حرارت، زمان و تعداد سیکل با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Techne مدل Tc-(312) انجام گردید. برای انجام آزمون ابتدا RNA کل گیاه آلوده نسبت به PVS استخراج و به عنوان الگوی هدف مورد استفاده قرار گرفت. آزمون RT-PCR، با استفاده از آغازگرهای الیگونوکلوئیدی تهیه شده توسط شرکت WMG آلمان انجام گردید. در ابتدا مواد لازم به منظور ساخت cDNA بر طبق دستورالعمل زیر آماده گردیدند:

جدول ۱. مواد موردنیاز برای آزمون نسخه‌برداری معکوس

Table 1. Materials required for reverse transcription test

Material	Amount
RNA	2
10 picomole primer	2
Water	8
Buffer	4
DNTPs 10 mM	2
RNAsin	0/5
MMLV Enzyme	1
Total	20

مخلوط RT، در دمای ۴۲ درجه سلسیوس برای مدت ۴۵ دقیقه انکوبه و سپس فعالیت آنزیم MMLV (Roche) با حرارت دادن در ۹۵ درجه سلسیوس به مدت ۵ دقیقه، متوقف شد. سپس cDNA به صورت زیر در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز تکثیر گردید. در این تحقیق به منظور ردیابی RNA ویروسی از آغازگرهای F1/R1 مربوط به ژن پوشش پروتئینی استفاده

جدول ۲. مواد مورد نیاز جهت سنتز cDNA و واکنش PCR

Table 2. Materials required for cDNA synthesis and PCR reaction

Material	Amount
H2O	35
X PCR buffer10	5
MgCl2	1
dNTPs	1
Forward Primer	1
Reverse Primer	1
DNA polymerase	1
cDNA	5
Total	50

گردید. مشخصات این آغازگرها به این صورت است که:

و آغازگر مستقیم شامل F1/R1 5'-TGGGGAATCAGTCCGGCTGGTC-3 'PVS-F1: و آغازگر معکوس شامل 5'-AACTGGACCTGCGCTTAGGCT-3 'PVS-R1: بود.

سه نمونه آلوده که در واکنش زنجیره‌ای پلیمرز مثبت بودند، محصول PCR آن از روی ژل خالص‌سازی و جهت تعیین توالی به شرکت ماکروژن کره ارسال گردید.

مقایسه توالی نوکلئوتیدی ژن CP باتوالی مشابه در سایر جدایه‌های موجود در بانک جهانی ژن

به منظور تعیین جایگاه تبارشناسی نژادهای PVS، پوشش پروتئینی تکثیر شده جهت تعیین ترادف به شرکت ماکروژن ارسال و با دستگاه Automatic Sequencer 3730XL تعیین توالی شدند. پس از تعیین توالی نوکلئوتیدی، نتایج حاصل از توالی با فرمت الکتوگرام Chromas با استفاده از نرم افزار Chromas Version 1.41 مورد بررسی قرار گرفتند. آنگاه این توالیها باتوالیهای موجود در بانک ژن در شبکه (NCBI <http://ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) و با جستجوی بلاست مقایسه گردیدند. نتایج حاصل از جستجوی بلاست با اطلاعات موجود در بانک ژن، نشان دهنده آلودگی به ویروس PVS در بیشتر نمونه‌ها بود. تنظیم توالیها با استفاده از نرم افزار Gen Doc Ver2.6 انجام گرفت و این توالیهای ردیف شده با پسوند philyp ذخیره شدند. تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی داده‌ها با روش Neighbor-joining با استفاده از نرم افزار Tree Con Version 1.3b با Bootstrap 100 نیز انجام گرفت. لازم به ذکر است که پسوند philyp در مورد نرم افزار Tree Con استفاده شد. در ضمن بررسی توالیها با استفاده از نرم افزار MegaX نیز صورت گرفت و درخت تبارشناسی آن با استفاده از نرم‌افزارهای ذکر شده رسم گردید.

Results

یافته‌ها

شناسایی و تعیین مناطق پراکنش ویروس S سیب‌زمینی در استان مازندران

نمونه‌های بیمار جمع‌آوری شده دارای علائمی نظیر موزاییک، زردی، برجستگی سطح برگ و کوتولگی بودند (شکل ۱)، که از تعداد ده مزرعه واقع در شهرستانهای مذکور نمونه‌برداری شدند (جدول ۳). بیشتر نمونه‌ها مربوط به برگ بود و تعدادی از



شکل ۱. علائم ریزبرگی و برجستگی سطح برگها در سیب‌زمینی‌آلوده به ویروس اس سیب‌زمینی

Figure1. Small and distortion leaves in infected potatoes with PVS

جدول ۳. مناطق نمونه برداری و میزان آلودگی ویروس اس سیب زمینی در سه منطقه از استان مازندران

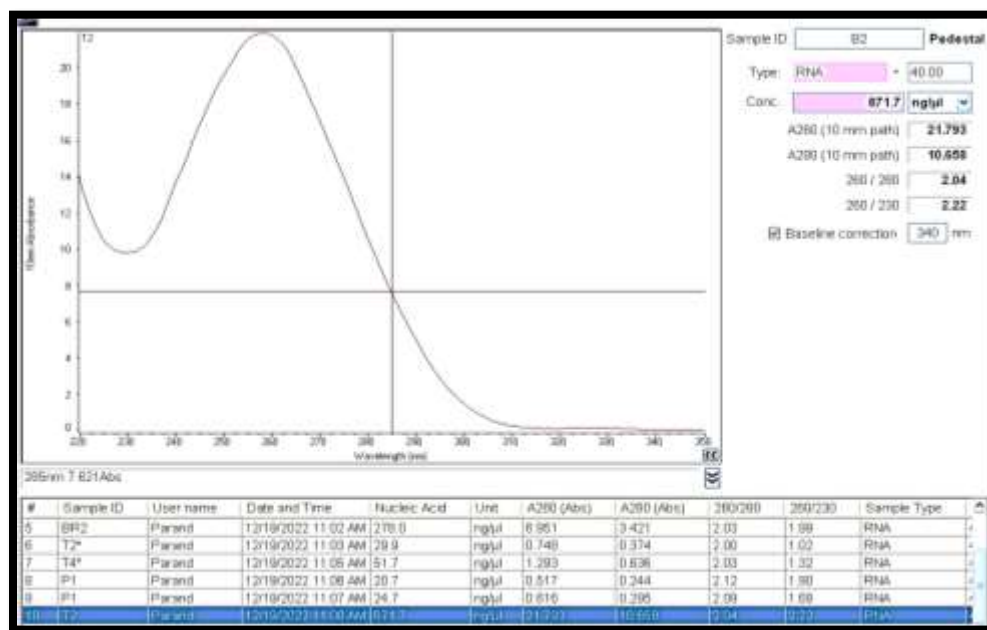
Table 3. Sampling areas and potato virus S contamination levels in three region of Mazandaran province

Location	Total number of samples	Number of samples infected with Potato virus S
Par kuh	30	5
Savad kuh	45	7
Galugah	20	3
Total	95	15

نمونه‌ها تمام بوته‌ها برداشت شد. نمونه‌ها به منظور بررسی بیشتر در آزمایشگاه بیماری‌شناسی مورد مطالعه قرار گرفتند. اگر چه روش‌های سرولوژیکی نظیر الایزا می‌تواند نقش موثری در شناسایی ویروس داشته باشد اما به دلیل روابط زیاد سرولوژیک در جنس کارلاویروس و پنهان بودن علائم در برخی نمونه‌ها کاربرد روش‌های مولکولی جهت شناسایی موثرتر می‌باشد.

استخراج RNA کل و آزمون PCR

استخراج RNA کل با استفاده از کیت High pure viral nucleic acid kit ساخت شرکت (Roche) انجام شد. (RNA) ی استخراج شده توسط کیت شرکت پارس توس و آغازگر PVS-R مربوط به ژن پوشش پروتئینی انجام شد و در آزمون RT-PCR تبدیل به cDNA گردید. نتایج RT-PCR روی هر نمونه نشان دهنده این است که این روش استخراج برای بررسی این ویروس روش مناسبی می‌باشد. فراورده‌های حاصل از PCR با استفاده از آغازگرهای PVS-F1 و PVS-R1 در الکتروفورزمنجر به تشکیل باند ۱۱۱۸ جفت بازی در ژل آگاروز یک درصد گردید. قطعه به دست آمده حاوی طول کامل ژن CP می‌باشد. از طرفی الکتروفورز فراورده PCR حاصل از استخراج DNA از گیاه سالم هیچ بانندی را تشکیل نداد.



شکل ۲. بررسی کیفیت RNA استخراج شده با استفاده از اسپکتروفتومتر نانودراپ مدل (Thermo scientific nanodrop 2000c)
Figure 1. Checking the quality of extracted RNA using a Nanodrop spectrophotometer (Thermo scientific nanodrop 2000c)

تعیین کیفیت RNA استخراج شده

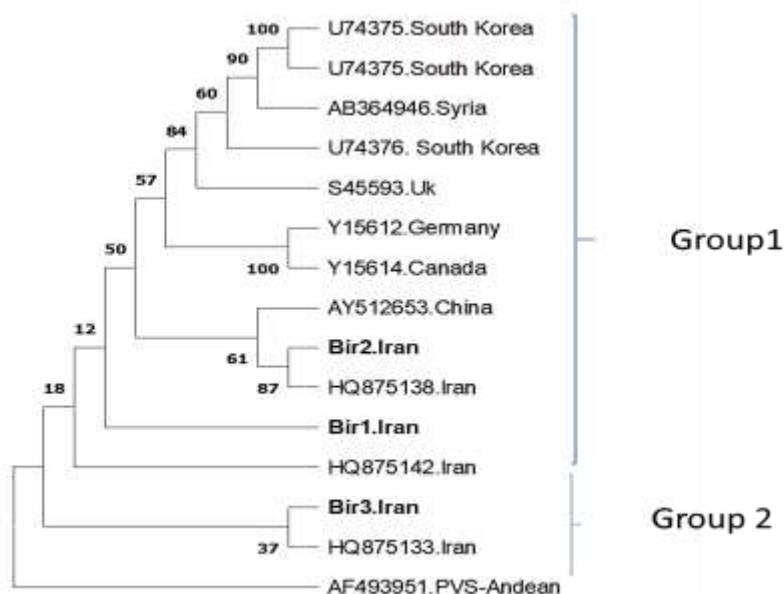
برای تعیین کیفیت RNA استخراج شده، از دستگاه نانودراپ استفاده گردید که جذب نوری ۲۶۰ به ۲۸۰ و نیز ۲۶۰ به ۲۳۰ را خوانش نمود. چنانچه پیک ایجاد شده بلند بوده و غلظت بالای ۱۵ نانوگرم بر میلی لیتر تولید می شد به عنوان نمونه مثبت در نظر گرفته شد (شکل ۲).

همسانه سازی و تعیین توالی ژن CP جدایه های مختلف ویروس

پس از تکثیر قطعات ژنومی پوشش پروتئینی محصول PCR سه نمونه آلوده سیب زمینی (هر نمونه مربوط به یک منطقه) در دو جهت رفت و برگشت تعیین توالی و به شرکت ماکروژن کره جنوبی ارسال گردید. توالی های خوانش شده ابتدا در Blast n بررسی گردید و نهایتاً با نرم افزار Genious sv سرهم گردید و با نرم افزار Bioedit همردیف سازی شد. در این پژوهش سه جدایه مربوط به ایران با نامهای Bir1، Bir2 و Bir3 تعیین توالی و در بررسی های تبارشناسی مورد استفاده واقع شدند. Bir1 مربوط به منطقه گلوگاه، Bir2 مربوط به منطقه سوادکوه و Bir3 مربوط به منطقه پرکوه است.

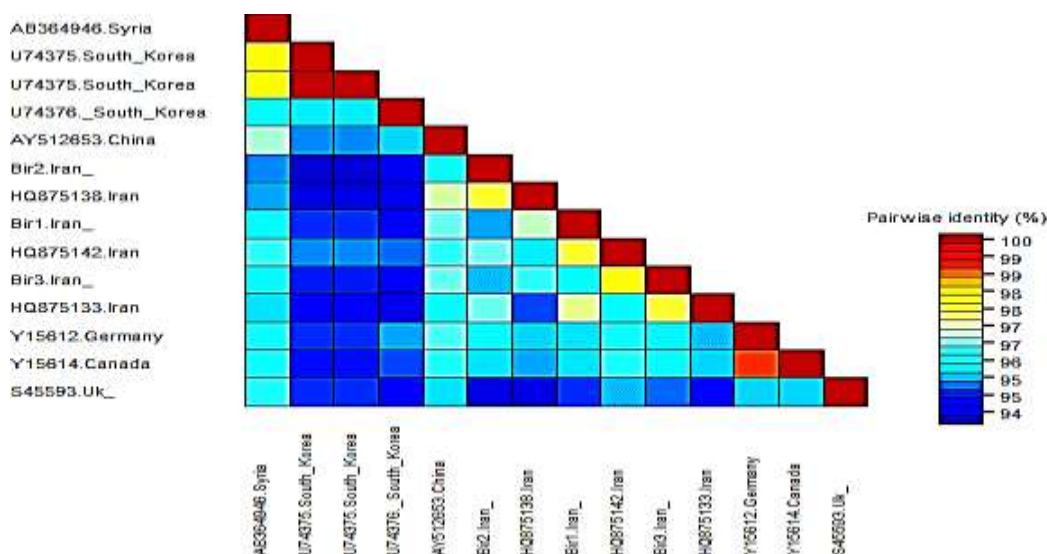
شباهت ژنتیکی ناحیه ژنی پروتئین پوششی سه جدایه ویروس اس سیب زمینی از استان مازندران با جدایه های سایر کشورهای جهان

درخت تبارشناسی سه جدایه ویروس اس این پژوهش با جدایه های موجود در بانک ژنی NCBI بر اساس ناحیه ژنی پوشش پروتئینی با استفاده از نرم افزار MEGA7 (Kumar et al. 2016) با روش Maxilum-liklelihood و بهترین مدل جانشینی نوکلئوتیدی و با تکرار ۱۰۰۰ ترسیم گردید (شکل ۳). در بررسی تبارشناسی صورت گرفته با استفاده از نرم افزار Mega دو گروه تبارشناسی تشکیل گردید که گروه اول دارای ۴ زیر گروه و جدایه های مربوط به کشورهای کره جنوبی، آلمان، انگلیس، کانادا و چین و ایران بود و در گروه دو تنها جدایه ای ایرانی این ویروس قرار گرفتند.



شکل ۳. درخت تبارشناسی رسم شده با استفاده از توالی نوکلئوتیدی انتهای ۳' ژنوم جدایه های ایرانی PVS (شامل ژن CP) و سایر جدایه های موجود در بانک جهانی ژن با استفاده از نرم افزار MegaX.

Figure 2. Phylogenetic tree drawn using the nucleotide sequence of the 3' end of the genome of Iranian PVS isolates (including the CP gene) and other isolates available in the World Gene Bank using MegaX software.



شکل ۴. ماتریکس تشابه جدایه های ایرانی با جدایه های دنیا مربوط به ژن پروتئین پوششی ویروس اس سیبزمینی با استفاده از نرم افزار Sdtv.

Figure 3. Similarity matrix of Iranian isolates with world isolates related to the coat protein gene of Potato virus S using Sdtv software.

در ماتریکس تشابه به دست آمده از جدایه‌های ایران در این پژوهش، بیشترین شباهت بین جدایه‌های این پژوهش با جدایه‌های ایرانی که قبلاً تعیین توالی شده بود مشاهده گردید (شکل ۴).

بحث

Discussion

در بازدیدهای به عمل آمده از مزرعه‌های سیب‌زمینی مازندران در طی سال ۱۴۰۲-۱۴۰۳ نشان داده شده است که علائم بیماری‌های ویروسی در این مزرعه‌های مشهود بوده و بنابراین امکان وقوع آن وجود دارد. بیشترین میزان آلودگی در مزرعه‌های سیب‌زمینی مربوط به ویروس وای سیب‌زمینی است و بعد از آن ویروس ایکس و اس سیب زمینی حائز اهمیت می‌باشند (Hall & Wick 2003). در بسیاری از موارد علائم مشاهده شده مثل کوتولگی، موزاییک و برجستگی سطح برگ می‌تواند به دلیل آلودگی‌های مخلوط ویروسی باشد. ویروس اس سیب زمینی دارای دو نژاد اردیناری و آندین می‌باشد (Foster 1992). جدایه‌های ویروس بر اساس نحوه انتقال با شته به دو گروه تقسیم می‌شود گروه اردیناری این پژوهش با شته منتقل نمی‌شود و تنها آندین با شته *Mysus persicae* قابل انتقال است. در بررسی پروتئین پوششی یک بلوک ژنی با ۱۱ اسید آمینه مسئول انتقال با شته است که در جدایه‌های این پژوهش شبیه جدایه‌های اردیناری است و قابلیت انتقال با شته را ندارد (Topkava et al. 2023).

در آزمون زنجیره ای پلیمرز نیز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی باند مورد نظر تشکیل گردید که نشانگر تایید آلودگی ویروسی است. آغازگر دایمرها نیز در بیشتر موارد مشاهده گردید که با تغییر پارامترهایی از قبیل میزان آغازگرها از ۱ به ۰/۶ در یک واکنش ۵۰ باند‌های اضافی حذف گردید. استخراج RNA به دلیل حساس بودن آن نسبت به DNA با مشکلات بیشتری همراه است و نسبت به آلودگی در شرایط آزمایشگاه بسیار حساس بوده به همین دلیل نیز استریل بودن لوازم مورد نیاز شرط اصلی آغاز آزمایش می‌باشد. در روش PCR مواد آلوده کننده ای نظیر ترکیبات آلی گیاهی همراه با RNA خالص سازی می‌شوند. ترکیبات آلی گیاهی نظیر پلی ساکاریدها که دارای ساختمان مشابه با اسیدهای نوکلئیک می‌باشند به دلیل همین تشابه می‌توانند سبب ایجاد آلودگی در استخراج شوند. از میان پلی‌ساکاریدهای مختلف، پلی ساکاریدهای اسیدی قدرت بازدارندگی بیشتری نسبت به پلی‌ساکاریدهای خنثی و قلیایی دارند که از جمله این پلی ساکاریدهای اسیدی، سولفات دکستران می‌باشد. استفاده از کیت‌های استخراج و خالص سازی RNA نیز این مواد بازدارنده را حذف و سبب خالص سازی RNA می‌شوند (Wilson 1997).

بررسی تنوع ژنتیکی در جدایه‌های ویروس اس سیب‌زمینی با استفاده از تعیین توالی و رسم درخت تبارشناسی انجام گرفت. در این بررسی جدایه‌های این پژوهش در دو گروه مجزا قرار گرفتند. در گروه یک، جدایه‌هایی از کشور کره جنوبی، سوریه، آلمان، کانادا، چین و ایران و نیز دو جدایه Bir1 و Bir2 قرار داشت و در گروه دو نیز جدایه‌هایی از کشور ایران و جدایه Bir3 از ایران قرار گرفت.

به طور کلی جدایه‌های ویروس اس سیب‌زمینی بررسی شده در این پژوهش شبیه سایر جدایه‌های ویروس اس سیب‌زمینی که در پژوهشات پیشین تعیین توالی شده اند می‌باشد که بیانگر این است که جدایه‌های ایرانی از نظر منطقه جغرافیایی از هم جدا نمی‌شوند و به لحاظ ژنتیکی تنوع نژادی بالایی ندارند. در مجموع می‌توان بیان نمود که جهت تعیین شناسایی و جایگاه جدایه‌های PVS بایستی از روش‌های مختلف مولکولی و بیولوژی استفاده نمود، به نحوی که هر یک از روش‌های موجود می‌توانند مکمل یکدیگر در شناسایی جدایه‌ها باشند. در سال‌ها اخیر استفاده از روش‌های نوین سنجش از راه دور نیز می‌تواند برای ردیابی این ویروس‌ها قبل از خسارت شدید و اقتصادی استفاده گردد. سیستم‌های طیفی نور مرئی و مادون

قرمز، سیستمهای فلورسانس و حرارتی، رادارهای دهانه مصنوعی و سیستمهای تشخیص نور و تجهیزات محدود برای تشخیص بیمارگرهای ویروسی از راه دور و قبل از شیوع شدید آنها کاربرد دارد (حسینی و انوری، ۱۴۰۲)

Conclusion

نتیجه‌گیری

ویروس‌اس‌سیب‌زمینی به عنوان یکی از عواملی خسارتزا در مزرعه‌های سیب‌زمینی استان مازندران تاکنون بررسی نشده بود، لذا در پژوهش حاضر برای نخستین بار در این استان با روشهای مولکولی ردیابی و شناسایی گردید و جایگاه تبارشناسی جدایه‌های آن تعیین گردید. از آنجائیکه این ویروس در بسیاری از موارد بدون علائم است شناسایی مولکولی آن می‌تواند به جلوگیری از شیوع بیشتر آن کمک کند. استفاده از روشهای نوین گرمادرمانی و کشت بافت شاخه‌های انتهایی جهت تولید گیاهچه‌های سالم را می‌توان برای مدیریت بیماری پیشنهاد کرد (Betoni et al. 2022).

References

منابع

۱. حسینی، س.ع. و انوری، ز. (۱۴۰۲). کاربردهای فناوری‌های اطلاعات در بیماری‌شناسی گیاهی. *دانش بیماری‌شناسی گیاهی* ۱۳ (۱)، ۱۳۵-۱۴۸.
2. Burrows M. E., & Zitter, T. A. (2005). Virus problems of potatoes. *Department of Plant Pathology, USDA-ARS, Cornell University, NY, 14853*.
3. Danesh D., Soleimanian S., Filsof F., & Ashkan S.M. (2010). Frequency of four potato pathogenic viruses in Fereydoun Experimental Farm, Isfahan. *Plant Disease*, 28, 1-9.
4. Dolincar P. (2021). Importance of Potato as a Crop and Practical Approaches to Potato Breeding. *Methods Mol Biol* 2354:3-20. doi: 10.1007/978-1-0716-1609-3_1.
5. Bettoni J., Mathew L., & Pathirana R. (2022). Eradication of Potato virus S, Potato virus A, and potato virus M from infected in vitro-grown potato shoots using in vitro therapies. *Frontiers in Plant Science*, 13, 13-16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.878733>
6. Grbin D, Pecman, A., Šeruga Musić, M., Kutnjak, D., & Škorić, D. (2023). First Report of *Potato Virus S* and *Potato Virus Y* in Tomatoes from Croatia. *Plant Disease*, 107, 3. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-22-1390-PDN>.
7. Foster G. D. (1992). The structure and expression of the genome of carlaviruses. *Research in Virology*, 143, 103-112.
8. Hall, B. H., & Wick, S. (2003). Potato viruses in South Australia. South Australia Research and Development Institute, Adelaide, South Australia. Available on Internet at: www.Sardia.Sa.gov.au/hort/hort_crops/potatoes/viruses/virus_abstract.
9. Jafarpour, B. (1989). Identification of potato viruses S and X in Mashhad. Abstractbook of the 9th Iranian Plant Protection Congress, Mashhad, Iran, 16p.
10. Kumar, S., Stecher G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33(7): 1870-1874.
11. Wilson, I. G. (1997). Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(10), 3741-3751.

12. Santillan, F., Fribourg C., Adams I.P., & Gibbes A. (2018). The Biology and Phylogenetics of *Potato virus S* Isolates from the Andean Region of South America. *Plant Disease* 102,5.
13. Salari, K., Massumi H., Heydarnezhad J., Hosseini Pour A., & Varsani A. (2011). Analysis of Iranian Potato virus S. *Virus Genes*, 43, 281-288 2011
14. Topkaya S., Adyatma A.C., Santosa, I., & Jones, R. (2023). Molecular Analysis of the Global Population of *Potato Virus S* Redefines Its Phylogeny, and Has Crop Biosecurity Implications. *Viruses* 3015(5):1104. doi: 10.3390/v15051104
15. Won, P. S., Heung J. J., Soon H. S., & Hyour, J. (2009). Effect of antiviral chemical on eradication of Potato virus S in potato (*Solanum tuberosum* L.) shoot tip culture. *Journal of Korean Society of Horticultural Science*, 35, 32-35.
16. Wright, N. S. (2003). A strategy for PVX and PVS control on seed farms. (Abstract) *American Potato Journal*, 58, 525.