



## Genetic diversity of *Tomato leaf curl Palampur virus* and its whitefly vector, *Bemisia tabaci*, in the Sistan region

Javad Abkhoo<sup>1</sup>, Ahmad Mehraban<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instructor, Agricultural Research Institute, University of Zabol, Zabol, Iran.

<sup>2</sup>Assistant Professor, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Zahedan Branch, Islamic Azad University, Zahedan, Iran.

### Abstract

**Background & Objectives:** *Tomato leaf curl Palampur virus* (ToLCPMV) is one of the most important plant viruses that has been reported from some regions of Iran. In this study, we analysed the genetic diversity of Sistani isolates of ToLCPMV and their vector, *Bemisia tabaci* by partial genome sequencing.

**Materials & Methods:** Leaves of plants expressing symptoms of ToLCPMV infection and *B. tabaci* adults were collected from cities of the Sistan region during the autumn season of 2019. Specific primers of gene coat protein were used to detect ToLCPMV in three crops (melon, eggplant and pepper).

**Results:** Nucleotide sequences of coat protein gene of three Sistani isolates of ToLCPMV showed 92-99% sequence identity with previously characterized ToLCPMV isolates. Phylogenetic analyses based on nucleotide sequences of coat protein gene indicated that in the Sistani isolates of ToLCPMV grouped with other Iranian isolates. Eggplant and pepper represent new natural hosts of ToLCPMV in Iran. Phylogenetic analysis based on mitochondrial cytochrome oxidase-I gene sequences showed that the collected *B. tabaci* samples from the Sistan region and other Iranian *B. tabaci* samples belong to the B biotype. *Bemisia tabaci* samples of Zabol, Zahak and Helmand counties showed respectively 100, 97.75 and 99.68% nucleotide sequence identity to some from Fars province samples of *B. tabaci*.

**Conclusion:** In this study, the Sistani isolates of ToLCPMV were grouped with Iranian isolates of ToLCPMV and the collected *B. tabaci* samples from the Sistan region belong to the B biotype.

**Keywords:** Phylogenetic analysis, Cytochrome oxidase-I gene, Sistan, *Tomato leaf curl Palampur virus*, *Bemisia tabaci*.

---

Correspondence to: Javad Abkhoo

Tel: +98 9151970725

E-mail: [javad.abkhoo@gmail.com](mailto:javad.abkhoo@gmail.com)

Journal of Microbial World 2020, 13(3): 290-299.

DOI:



Copyright © 2019, This article is published in Journal of Microbial World as an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License. Non-commercial, unrestricted use, distribution, and reproduction of this article is permitted in any medium, provided the original work is properly cited.



## تنوع ژنتیکی ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی و سفیدبالک ناقل آن بمیزیا تاباسی در منطقه سیستان

جواد آبخو<sup>۱\*</sup>، احمد مهربان<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup>مریی، پژوهشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران.

<sup>۲</sup>استادیار، گروه زراعت دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد زاهدان، زاهدان، ایران.

### چکیده

**سابقه و هدف:** ویروس پالامپور پیچیدگی برگ از بیماری های مهم گوجه فرنگی است که از برخی مناطق ایران گزارش شده است. در این تحقیق تنوع ژنتیکی جدایه های این ویروس از منطقه سیستان و سفیدبالک ناقل آن بمیزیا تاباسی با استفاده از تعیین توالی بخشی از ژنوم آن ها تجزیه و تحلیل شد.

**مواد و روش ها:** برگ بوته های دارای علائم این ویروس و حشرات بالغ بمیزیا تاباسی از شهرستان های منطقه سیستان در پاییز ۱۳۹۸ جمع آوری شدند. ردیابی این ویروس با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ژن پروتئین پوششی در سه محصول خربزه، بادمجان و فلفل انجام شد.

**یافته ها:** توالی های نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی مربوط به سه جدایه این ویروس با سایر جدایه های این ویرس که قبلاً گزارش شده بودند، ۹۹-۹۲ درصد یکسانی نوکلئوتیدی نشان دادند. درخت تبارزایی ترسیم شده براساس توالی ژن پروتئین پوششی نشان داد که جدایه های منطقه سیستان با جدایه های ایرانی گروه بندی می شوند. بادمجان و فلفل میزبان های جدیدی برای این ویروس در ایران بودند. تجزیه و تحلیل تبارزایی بر اساس توالی نوکلئوتیدی ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی نشان داد که نمونه های بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از منطقه سیستان به همراه سایر نمونه های بمیزیا تاباسی ایرانی در گروه بیوتیپ B قرار می گیرند. نمونه های سفید بالک شهرستان های زابل، زهک و هیرمند به ترتیب دارای یکسانی نوکلئوتیدی ۱۰۰، ۹۷/۷۵ و ۹۹/۶۸ درصد با برخی از نمونه های سفید بالک استان فارس بودند.

**نتیجه گیری:** در این تحقیق جدایه های این ویروس از منطقه سیستان با جدایه های ایرانی گروه بندی شدند و نمونه های بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از منطقه سیستان متعلق به بیوتیپ B بودند.

**واژگان کلیدی:** مطالعات تبارزایی، ژن سیتوکروم اکسیداز-I، ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی، بمیزیا تاباسی.

پذیرش برای چاپ: شهریور ماه ۹۹

دریافت مقاله: اردیبهشت ماه ۹۹

### مقدمه

ژنوم دو بخشی (DNA A و DNA B) است که متعلق به جنس

بگوموویروس (*Begomovirus*) (۱) و خانواده ژمینی ویریده

(*Geminiviridae*) است (۲). این ویروس از کشورهای هند

(۱، ۳، ۴، ۵ و ۶) و پاکستان (۷ و ۸) روی محصولات مختلف

ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی

(*Tomato leaf curl Palampur virus ToLCPMV*) دارای

(\* آدرس برای مکاتبه: زابل، دانشگاه زابل، پژوهشکده کشاورزی.

پست الکترونیک: javad.abkhoo@gmail.com

تلفن: ۰۹۱۵۱۹۷۰۷۲۵

حقوق نویسندگان محفوظ است. این مقاله با دسترسی آزاد و تحت مجوز مالکیت خلاقانه (<http://creativecommons.org/licenses/bync/4.0/>)

در فصلنامه دنیای میکروب‌ها منتشر شده است. هرگونه استفاده غیرتجاری فقط با استناد و ارجاع به اثر اصلی مجاز است.



ژن پروتئین پوششی این ویروس طراحی شده بود  
(Forward: 5'-TAATCTCTGTCGTCCTCGTGC-3')

(Reverse: 5'-GCAAAGAACAGTTGATGTATGG-3')

انجام شد. واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۵۰ میکرولیتر شامل ۲۵ میکرولیتر Taq DNA Polymerase 2x Master Mix (RED, Ampliqon)، ۲ میکرولیتر آغازگر رفت (۱۰ پیکومولار)، ۲ میکرولیتر آغازگر برگشت (۱۰ پیکومولار) ۱۸ میکرولیتر آب و ۳ میکرولیتر از نمونه DNA بود. واکنش زنجیره ای پلی مرز شامل مرحله واسرشت سازی اولیه در ۹۴ درجه سلسیوس به مدت پنج دقیقه و سپس ۳۵ چرخه شامل دمای ۹۴ درجه سلسیوس، دمای ۵۴ درجه سلسیوس و دمای ۷۲ درجه سلسیوس هر کدام به مدت ۶۰ ثانیه بود. پس از آخرین چرخه، مخلوط واکنش به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سلسیوس نگهداری شد. محصولات واکنش زنجیره ای پلی مرز بر روی ژل آگارز یک درصد حاوی رنگ فلورو الکتروفرز بوسیله دستگاه ترانس لومیناتور مورد بررسی قرار گرفتند (۱۶).

ب) تعیین توالی ژن پروتئین پوششی: محصولات واکنش زنجیره ای پلی مرز که دارای اندازه تقریبی ۸۵۰ جفت باز بودند برای تعیین توالی به شرکت پیشگام بیوتکنولوژی ایران ارسال شدند. توالی های نوکلئوتیدی جدایه های حاصل با توالی های متناظر موجود در بانک ژن NCBI مقایسه و بر پایه نتیجه های این مقایسه، ۲۵ جدایه ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی از میزبان ها و منطقه های مختلف دنیا انتخاب شدند. ترسیم درخت تبارزایی با استفاده از نرم افزار MEGA5 و به روش Maximum likelihood و با ۱۰۰۰ تکرار انجام شد (۱۷).

ج) تعیین توالی ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی (mitochondrial cytochrome oxidase) از سه نمونه بمیزیا تاباسی که از شهرستان های زابل، زهک و هیرمند منطقه سیستان جمع آوری شده بودند برای تعیین توالی بخشی از ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز

گزارش شده است. همچنین در ایران این ویروس اولین بار از مزارع گوجه فرنگی استان هرمزگان شناسایی و طول کامل ژنوم آن تعیین توالی شده است (۹ و ۱۰). این ویروس علاوه بر استان هرمزگان از استان های کرمان، فارس، سیستان و بلوچستان، خراسان رضوی و یزد در محصول خربزه، هندوانه، خیار، گوجه فرنگی، کدو، لوبیا و برخی از علف های خود-رو مشاهده و میزان آلودگی مزارع خربزه و خیار گلخانه ای به این ویروس بین ۵۰ تا ۱۰۰ درصد گزارش شده است (۹ و ۱۰). ویروس های جنس بگوموویروس از طریق سفید بالک با نام علمی بمیزیا تاباسی (*Bemisia tabaci*) منتقل می شوند (۱۱). بمیزیا تاباسی یک گونه مرکب است که از ۳۱ گونه تشکیل شده است (۱۲). بررسی ها نشان داده است که نمونه های سفید بالک بمیزیا تاباسی استان های خراسان، یزد، کرمان و هرمزگان بیشترین ارتباط را با بیوتیپ B دارند (۱۳). همچنین نمونه سفید بالک بمیزیا تاباسی استان فارس در گروه بیوتیپ B قرار گرفتند (۱۴). با توجه به نبود اطلاعات در باره تنوع ژنتیکی این ویروس و ناقل آن در منطقه سیستان در این تحقیق وقوع، دامنه میزبانی و رابطه ژنتیکی این ویروس با سایر جدایه های ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی بررسی و بیوتیپ ناقل آن تعیین شد.

## مواد و روش ها

الف) جمع آوری نمونه های آلوده و ردیابی ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی: برگ بوته های خربزه، بادمجان و فلفل که دارای علائم موزائیک، زردی و کوتولگی بودند از مزارع شهرستان های منطقه سیستان شامل زابل، زهک و هیرمند در فصل پاییز ۱۳۹۸ جمع آوری شدند. علائم بیماری در مزرعه ثبت شد و نمونه ها به آزمایشگاه منتقل گردید. با استفاده از کیت High Pure Viral Nucleic Acid Kit (Roche, Germany) DNA از برگ ها استخراج شد (۹) و در دمای ۲۰- درجه سلسیوس نگهداری گردید (۱۵). واکنش زنجیره ای پلی مرز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی که برای

از ایران روی برخی از گیاهان گزارش شده است (۹ و ۱۰). گیاهان فلفل آلوده به این ویروس علائم موزاییک و زردی را نشان دادند (شکل ۱).

ب) ردیابی ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی بوسیله واکنش زنجیره ای پلی مرز: آغازگرهای اختصاصی ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی قطعاتی را با اندازه مورد انتظار از نمونه های بادمجان، فلفل و خربزه تکثیر کردند (شکل ۲).

ج) تجزیه و تحلیل توالی های نوکلئوتیدی ویروس: پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی منطقه سیستان که از خربزه، بادمجان و فلفل جدا شده بودند یکسانی نوکلئوتیدی ۹۹-۹۲

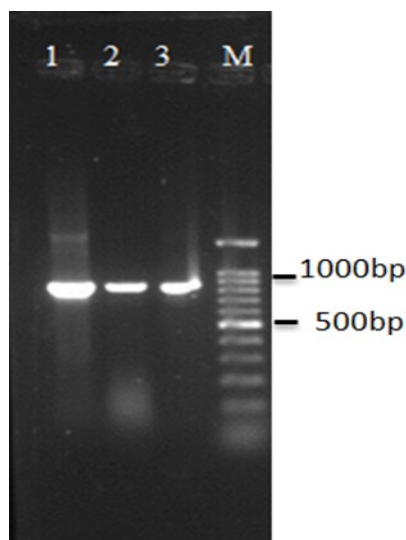


شکل ۱: علائم ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی روی فلفل (الف) بادمجان (B) و خربزه (C).

میتوکندریایی استفاده شد. استخراج DNA کل با استفاده از کیت DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN, Germany) انجام شد. قطعه ای در حدود ۸۵۰ جفت باز از ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی با استفاده از آغازگرهای (5′-C1-J-2195 TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT-3′) و (5′-TCCAATGCACTAATCTGCCATA L2-N-3′) و واکنش تکثیر شد (۱۷). واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۵۰ میکرولیتر شامل ۲۵ میکرولیتر Taq DNA Polymerase 2x Master Mix RED (Ampliqon)، ۲ میکرولیتر آغازگر رفت (۱۰ پیکومولار)، ۲ میکرولیتر آغازگر برگشت (۱۰ پیکومولار) ۱۸ میکرولیتر آب و ۳ میکرولیتر از نمونه DNA بود. واکنش زنجیره ای پلی مرز شامل مرحله واسرشت سازی اولیه ۵ دقیقه در ۹۴ درجه سلسیوس سپس ۴۰ سیکل شامل ۶۰ ثانیه در ۹۴ درجه سلسیوس، ۶۰ ثانیه در دمای ۵۱ درجه سلسیوس و ۸۰ ثانیه در ۷۲ درجه سلسیوس بود. پس از آخرین چرخه، مخلوط واکنش به مدت ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه سلسیوس نگهداری شد. محصولات واکنش زنجیره ای پلی مرز بر روی ژل آگارز یک درصد حاوی رنگ فلورو (FluoroVue, NS1000, SMOBIO, Taiwan) منتقل و پس از الکتروفورز بوسیله دستگاه ترانس لومیناتور مورد بررسی قرار گرفتند (۱۶) و برای تعیین توالی به شرکت پیشگام بیوتکنولوژی ایران ارسال شدند. توالی های نوکلئوتیدی به دست آمده ابتدا با توالی های موجود در بانک ژن NCBI مقایسه شدند. پس از هم تراز سازی چندگانه (multiple sequence alignment) با نرم افزار MEGA5، ۵۸۵ نوکلئوتید برای تجزیه و تحلیل انتخاب و درخت تبارزایی به روش Maximum likelihood و ۱۰۰۰ بار تکرار نگاشته شد (۱۷). شماره دسترسی (accession number)، میزبان و محل جغرافیایی نمونه های بمیزیاب تاباسی مورد مطالعه در این تحقیق در جدول ۱ نشان داده شده است.

#### یافته ها

الف) علائم: ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی قبلاً



شکل ۲: محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز سه جدایه ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی. چاهک های ۱: خربزه، ۲: بادمجان، ۳: فلفل، M: نشانگر ۱۰۰ جفت باز (سیناژن، ایران).

درصد را با سایر جدایه های این ویرس که قبلاً گزارش شده بودند نشان دادند توالی های نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی مربوط به سه جدایه ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی منطقه سیستان جدا شده از خربزه، بادمجان و فلفل، با سایر جدایه های این ویرس که قبلاً گزارش شده بودند بین ۹۲-۹۹ درصد یکسانی نوکلئوتیدی نشان دادند. درخت تبارزایی ترسیم شده براساس توالی ژن پروتئین پوششی نشان داد که جدایه های ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی از منطقه سیستان با جدایه های ایرانی گروه بندی می شوند (شکل ۳).

د) تجزیه و تحلیل توالی های نوکلئوتیدی بمیزی تاباسی: پس از انجام واکنش زنجیره ای پلی مرز قطعه ای به طول تقریبی ۸۵۰ جفت باز از نمونه های این سفید بالک، جمع آوری

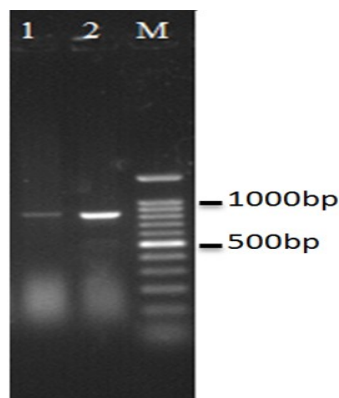
جدول ۱: توالی های مرتبط با ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی نمونه های سفید بالک بمیزی تاباسی استفاده شده در تجزیه و تحلیل های تبارزایی.

منبع	شماره دسترسی	منطقه جغرافیایی	نمونه (میزبان)	منبع	شماره دسترسی	منطقه جغرافیایی	نمونه (میزبان) *
۱۳	EU547772	Iran (Kerman)	۲۰(-)	این مطالعه	MT627603	Iran (Zabol)	Zabol (eggplant)
۱۹	GU086350	Iran	MedAmAf_1Iran_new1 (-)	این مطالعه	MT636855	Iran (Zahak)	Zahak (melon)
۱۹	GU086351	Iran	MedAmAf_1Iran_new2 (-)	این مطالعه	MT639600	Iran (Hirmand)	Hirmand (melon)
۱۹	GU086352	Iran	MedAmAf_1Iran_new3 (-)	۱۴	JN559753	Iran (Mobarakabad)	MOB (cotton)
۱۹	GU086353	Iran	MedAmAf_1Iran_new5 (-)	۱۴	JN559752	Iran (Kaftarak)	KAF (pepper)
۲۰	EU192052 Non-B/Q	China	tomato))۲۱	۱۴	JN559751	Iran (Kaftarak)	KAF5 (pepper)
۲۰	EU192034 Non-B/Q	China	wild lettuce))۰۳	۱۴	JN559750	Iran (Kaftarak)	KAF4 (pepper)
۲۰	EU192049 Q	China	poinsettia))۱۸	۱۴	JN559749	Iran (Kaftarak)	KAF10 (pepper)
۲۰	EU263625 B	China	bt02(rape)	۱۴	JN559748	Iran (Fasa)	FSA1 (pepper)
۲۱	HE863763 Q	Morocco	B2205(tomato)	۱۴	JN559747	Iran (Fasa)	FSA9 (cotton)
۲۲	AF164675 B	USA	cabbage))-	۱۴	JN559746	Iran (Fasa)	FSA8 (cotton)
۲۳	AM945180 B	Cyprus	CY33a(tomato)	۱۴	JN559745	Iran (Fasa)	FSA6 (cotton)
۲۳	AM944347 Q	Cyprus	CY19c(common bean)	۱۴	JN559744	Iran (Fasa)	FSA3 (cotton)
۲۴	KY441488 B	Costa Rica	sweet pepper))-	۱۴	JN559743	Iran (Fasa)	FSA2 (cotton)
۲۴	KY441522 Q	Costa Rica	tomato))-	۱۴	JN559742	Iran (Fasa)	FSA12 (cotton)
۲۵	KC959692 Q	Malaysia	H19-MidValleyMegamall poinsettia))	۱۴	JN542543	Iran (Fasa)	FSA13 (cotton)
۲۶	KP137473 B	China	HB3(eggplant)	۱۳	EU547771	Iran (Yazd)	۱۵ (-)
۲۴	KP137475 Q	China	HQ1(poinsettia)	۱۳	EU547769	Iran (Kerman)	۵ (-)
۲۷	AY521262	Hong Kong	<i>Tetraleurodes acaciae</i> (Ivory Coral)**	۱۳	EU547768	Iran (Hormozgan)	۱ (-)
				۱۳	EU547770	Iran (Khorasan)	۱۰ (-)

\* - not found (یافت نشد)

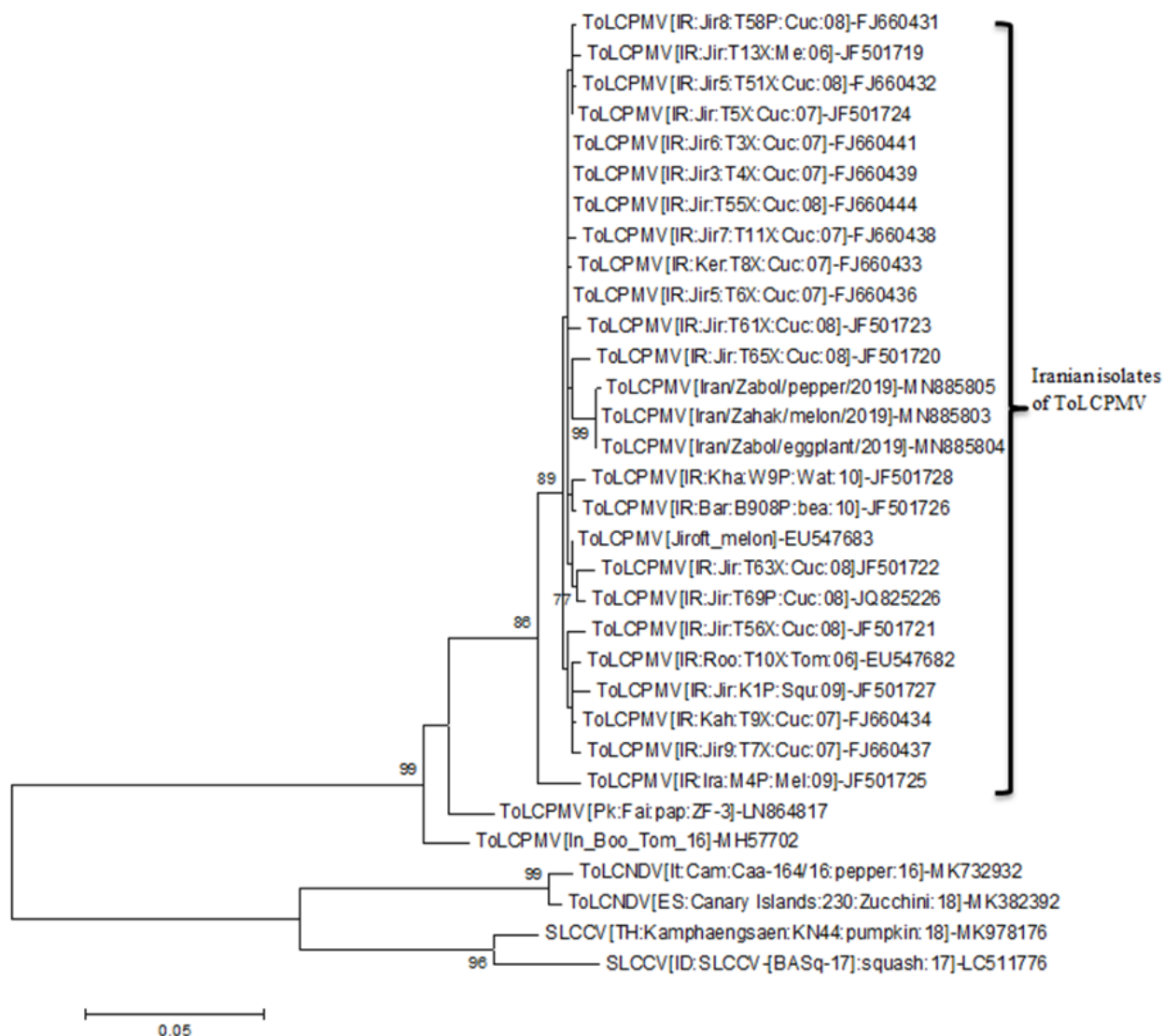
\*\* گونه *Tetraleurodes acaciae* به عنوان برون گروه در نظر گرفته شد.





شکل ۴: الکتروفورز حاصل از واکنش زنجیره ای پلی مرز ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی از نمونه های بمیزیا تاباسی. چاهک های ۱: زابل و ۲: زهک، M: نشانگر ۱۰۰ جفت باز (سیناژن، ایران).

شده از منطقه سیستان، تکثیر شد (شکل ۴). درخت تبارزایی که با استفاده از ۵۸۵ نوکلئوتید و به روش Maximum likelihood ترسیم شد حاوی سه گروه اصلی مطابق با بیوتیپ های B، Q و Non-B/Q بود (شکل ۵). گونه *Tetraleurodes acaciae* برون گروهی (outgroup) را تشکیل داد و در انتهای درخت تبارزایی قرار گرفت. نمونه های سفیدبالک بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از منطقه سیستان به همراه سایر نمونه های ایرانی در بیوتیپ B قرار گرفتند. نمونه سفیدبالک زابل (از روی بادمجان) و نمونه های JN559742 (از روی پنبه) و JN542543 (از روی پنبه) که از فسا گزارش



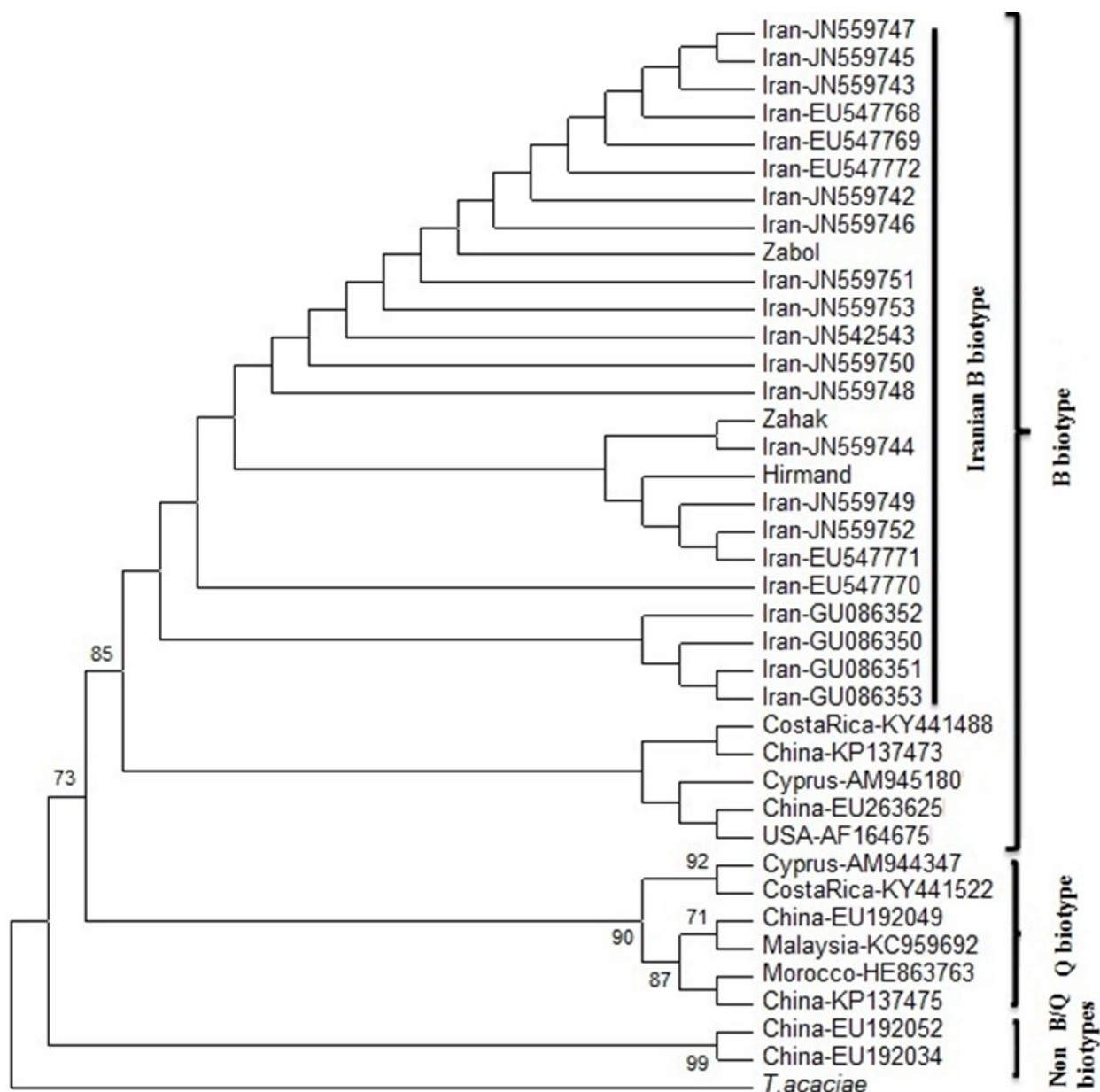
شکل ۳: درخت تبارزایی برپایه توالی نوکلئوتیدی ژن پروتئین پوششی جدایه های ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی منطقه سیستان و جدایه های موجود در بانک ژن با بکارگیری نرم افزار MEGA5، به روش Maximum likelihood مدل T92+G و ۱۰۰۰ تکرار.

کفترک گزارش شده اند (۱۴) ۹۹/۶۸ درصد تشابه داشتند.

### بحث

در این تحقیق جدایه های ویروس پالامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی که از مزارع خربزه، بادمجان و فلفل منطقه سیستان جدا شده بودند با جدایه های ایرانی براساس توالی ژن پروتئین پوششی گروه بندی شدند. بنابراین نشان دهنده تنوع

شده اند (۱۴) درصد تشابه ۱۰۰، نمونه سفید بالک زهک (از روی خربزه) و نمونه JN559744 (از روی پنبه) که از فسا گزارش شده است (۱۴) درصد تشابه ۹۷/۷۵ و نمونه سفید بالک هیرمند (از روی خربزه) با نمونه های JN559742 (از روی پنبه) و JN542543 (از روی پنبه) که از فسا گزارش شده اند (۱۴) و نمونه های JN559753 (از روی پنبه) و JN559751 (از روی فلفل) که به ترتیب از مبارک آباد و



شکل ۵: درخت تبارزایی براساس توالی نوکلئوتیدی بخشی از ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی نمونه های سفید بالک بمیزیا تاباسی منطقه سیستان با نمونه های موجود در بانک ژن با بکارگیری نرم افزار MEGA5. به روش Maximum likelihood مدل HKY+G و ۱۰۰۰ تکرار. گونه *Tetraleurodes acaciae* به عنوان گروه خارجی (outgroup) در نظر گرفته شده است.

کفترک، مهارلو، فسا و خیر استهبان استان فارس را با استفاده از تعیین توالی نوکلئوتیدی سیتوکروم اکسیداز I میتوکندریایی مطالعه کردند و نتایج آنها نشان داد که همه نمونه های سفید بالک بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از استان فارس در گروه بیوتیپ B قرار می گیرند (۱۴) مطابقت دارد.

### نتیجه گیری

نتایج این تحقیق نشان داد که جدایه های ایرانی ویروس پلامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی با جدایه های دیگر این ویروس از سایر نقاط جهان در گروههای جداگانه ای قرار می گیرند و لذا احتمالا دارای منشا متفاوتی هستند. همه جدایه های ایرانی ویروس نیز در یک گروه تبارزایی قرار گرفتند که نشان دهنده تنوع ژنتیکی کم این ویروس در ایران است. بادمجان و فلفل میزبان های جدید این ویروس در ایران هستند. نمونه های بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از منطقه سیستان متعلق به بیوتیپ B بودند.

### ملاحظات اخلاقی

نویسندگان تمامی نکات اخلاقی شامل عدم سرقت ادبی، انتشار دوگانه، تحریف داده ها و داده سازی را در این مقاله رعایت کرده اند.

### تشکر و قدردانی

نویسندگان مقاله از معاون پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی زاهدان و کارشناسان معاونت پژوهشی به دلیل حمایت های اجرایی کمال امتنان را دارند.

### تعارض منافع

وجود ندارد.

کم این ویروس در ایران است. این موضوع با تحقیقات حیدر نژاد (Heydarnejad) و همکاران (۲۰۰۹ و ۲۰۱۳) تطابق دارد (۹ و ۱۰). در ایران، حیدر نژاد (Heydarnejad) و همکاران (۲۰۱۳) وقوع این ویروس را از استان های هرمزگان، فارس، کرمان، سیستان و بلوچستان، خراسان رضوی و یزد از روی خربزه، هندوانه، خیار، گوجه فرنگی، کدو، لوبیا و برخی از علف های خود-رو گزارش کردند (۹ و ۱۰) و از آنجا که این ویروس قبلا از میزبان های بادمجان و فلفل در ایران گزارش نشده بود این دو میزبان برای اولین بار از ایران گزارش می شوند. ویروس پلامپور پیچیدگی برگ گوجه فرنگی همچنین یک ویروس جدید در منطقه سیستان می باشد. این ویروس روی بادمجان در هند (۴) و روی خربزه در پاکستان (۸) نیز گزارش شده است. تجزیه و تحلیل های تبارزایی این ویروس براساس توالی کامل DNA A آن نشان داده است که جدایه های این ویروس که از کشور پاکستان گزارش شده اند از جدایه های این ویروس که از کشور های هند و ایران گزارش شده اند، جدا می شوند (۸) و جدایه های این ویروس که از کشور هند گزارش شده اند از جدایه های این ویروس که از کشور ایران گزارش شده اند، جدا می شوند (۲۸). نتایج این تحقیق نیز جدایه های ایرانی را در گروهی جدا گانه دسته بندی نمود که با تحقیقات مالیک (Malik) و همکاران (۲۰۱۱) از پاکستان (۸) و کومار (Kumar) (۲۰۱۱) از هند (۲۸) مطابقت می کند. همچنین همه نمونه های سفید بالک بمیزیا تاباسی که از منطقه سیستان جمع آوری شده بودند در بیوتیپ B قرار گرفتند. این نتایج با تحقیقات رجایی شورجه (Rajaei Shoorcheh) و همکاران (۲۰۰۸) که تغییرات ژنتیکی نمونه های این سفید بالک از چهار استان یزد، خراسان، کرمان و هرمزگان را با استفاده از تعیین توالی بخشی از ژن زیر واحد شماره ۱ سیتوکروم اکسیداز میتوکندریایی بررسی کردند و نتایج آنها نشان داد که جمعیت های بمیزیا تاباسی ایران بیشترین ارتباط را با بیوتیپ B دارند (۱۳) و تحقیقات شهبازی (Shahbazi) و همکاران (۲۰۱۵) که بیوتیپ های سفید بالک بمیزیا تاباسی جمع آوری شده از مزارع پنبه و فلفل شیراز،



## References

1. Kumar Y, Hallan V, Zaidi AA. Molecular characterization of a distinct bipartite begomovirus species infecting tomato in India. *Virus Genes* 2008; 37:425–431.
2. Kumar Y, Hallan V, Zaidi, AA. *Chilli leaf curl Palampur virus* is a distinct begomovirus species associated with a betasatellite. *Plant Pathol.* 2011; 60:1040–1047.
3. Namrata J, Saritha RK, Datta D, Singh M, Dubey RS, Rai AB, Rai M. Molecular characterization of *Tomato leaf curl Palampur virus* and *Pepper leaf curl betasatellite* naturally infecting pumpkin (*Cucurbita moschata*) in India. *Indian J. Virol.* 2010; 21(2): 128–132.
4. Venkataravanappa V, Prasanna HC, Lakshminarayana CN, Krishna Reddy M. Molecular Detection and Characterization of *Phytoplasma* in Association With *Begomovirus* in Eggplant. *Acta Virol.* 2018; 62(3): 246-258.
5. Kumari S, Krishnan N, Dubey V, Kumar Pandey K, Singh J. Characterization of recombinant tomato leaf curl Palampur virus causing leaf curl disease of *Basella alba* L. in India. *JPP.* 2020; 102: 523–527.
6. Raj SK, Kumar S, Srivastava A. Association of tomato leaf curl Palampur virus with yellow mosaic disease of Armenian cucumber (*Cucumis melo* var. *flexuoses*) and wild melon (*C. callosus* var. *agrestis*) in India. *Arch Phytopath Plant Protect.* 2016; 48(9):1-9.
7. Ali I, Malik AH, Mansoor S. First Report of *Tomato leaf curl Palampur virus* on Bitter Gourd in Pakistan. *Plant Dis.* 2010; 94(2): 276-276.
8. Malik AH, Briddon RW, Mansoor S. Infectious clones of *Tomato leaf curl Palampur virus* with a defective DNA B and their pseudo-recombination with *Tomato leaf curl New Delhi virus*. *Virol. J.* 2011; 8(1): 173.
9. Heydarnejad J, Mozaffari A, Massumi H, Fazeli R, Gray AJ, Meredith S, Lakay F, Shepherd DN, Martin DP, Varsani A. Complete sequences of *tomato leaf curl Palampur virus* isolates infecting cucurbits in Iran. *Arch Virol.* 2009; 154 (6): 1015-8.
10. Heydarnejad J, Hesari M, Massumi H, Varsani A. Incidence and natural hosts of *Tomato leaf curl Palampur virus* in Iran. *Australasian Plant Pathol.* 2013; 42: 195–203.
11. Jones DR. Plant viruses transmitted by whiteflies. *Eur J Plant Pathol.* 2003; 109: 195–219.
12. Lee W, Park J, Lee GS, Lee S, Akimoto S. Taxonomic status of the *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and reassessment of the number of its constituent species. *PLoS One.* 2013; 8(5): e63817.
13. Rajaei Shoorcheh H, Kazemi B, Manzari S, Brown JK, Sarafrazi A. Genetic variation and *mtCOI* phylogeny for *Bemisia tabaci* (Hemiptera, Aleyrodidae) indicate that the 'B' biotype predominates in Iran. *J Pest Sci.* 2008; 81: 199-206.
14. Shahbazi M, Behjatnia SAA, Alichy M, Roumi V, Izadpanah K. Biotypes of *Bemisia tabaci* (Genn.) from Fars province. *Iran J Plant Protect Sci;* 2015; 45(2): 201-211.
15. Mulenga RM, Legg JP, Ndunguru J, Chikoti CC, Miano DW, Mutitu WE, Alabi OJ. Survey, Molecular Detection, and Characterization of Geminiviruses Associated with Cassava Mosaic Disease in Zambia. *Plant Dis.* 2016; 100:1379-1387.

16. Ebadi N, Najaipour G, Faghihi MM, Ayazpou K. 2020. Determination of distribution pattern of *Candidatus Phytoplasma aurantifolia* in tomato plant revealed by Real-time PCR. *JMW*, 12 (4): 377-392. [In Persian]
17. Tamura K, Peterson D, Peterson, N, Stecher, G, Nei M. Kumar, S. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol*. 2011; 28: 2731-2739.
18. Frohlich DR, Torres-Jerez I, Bedford ID, Markham PG, Brown JK. A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Mol Ecol*. 1999; 8: 1683-1691.
19. Dinsdale, A., Cook, L., Riginosi, C., Buckley, Y. M. & De Barro, P. J. Refined global analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase 1 to identify species level genetic boundaries. *Entomol Soc Am*. 2010; 103: 196-208.
20. Ahmed MZ, Yuan Sh, GuiHua J, Shun Xiang R, Yu Zhou D, BaoLi Q. Population and host plant differentiation of the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae), in East, South and Southwest China. *Acta Entomologica Sinica*. 2009; 52(10): 1132-1138.
21. Tahiri A, Halkett F, Granier, M, Gueguen G. Peterschmitt M. Evidence of gene flow between sympatric populations of the Middle East-Asia Minor 1 and Mediterranean putative species of *Bemisia tabaci*. *Ecol Evol*. 2013; 3: 2619–2633.
22. Kirk AA, Lacey LA, Brown JK, Ciomperlik MA, Goolsby JA, Vacek DC, Wendel LE, Napompeth B. Variability within the *Bemisia tabaci* complex (Homoptera: Aleyrodidae) and its natural enemies: successful biological control of type B in the USA. *Bull Entomol Res*. 2000; 90(04): 317-327.
23. Papayiannis LC, Brown JK, Seraphides NA, Hadjistylli M, Ioannou N, Katis NI. A Real-Time PCR Assay to Differentiate the B and Q Biotypes of the *Bemisia Tabaci* Complex in Cyprus. *Bull Entomol Res*. 2009; 99(6): 573-82.
24. Barboza Na M, Esker P, Inoue-Nagata AK. Moriones E. Genetic diversity and geographic distribution of *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum* in Costa Rica. *Ann Appl Biol*, 2019; 174(2): 1–14.
24. Shadmany M, Boykin LM, Muhamad R, Omar D. Genetic Diversity of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) Species Complex Across Malaysia. *J Econ Entomol*. 2019; 112 (1): 75–84.
26. Tang XT, Cai L, Shen Y, Yu-Zhou Du YZ. Diversity and evolution of the endosymbionts of *Bemisia tabaci* in China. *Peer J*. 2018; 6: e5516.
27. Kareem AA, Logan SA, Port G, Wolff K. *Bemisia tabaci* in Iraq: Population structure, endosymbiont diversity and putative species. *J Appl Entomol*. 2020; 144(4): 297-307.
28. Kumar Y. 2011. Genome Organization and Mechanism of RNA Silencing Suppression of Begomoviruses Infecting Some Solanaceous Crops. Ph. D. Institute of Himalayan Bioresource Technology.