



# 20<sup>th</sup> Iranian Plant Protection Congress

26-29 August 2012, Shiraz University

بیستمین  
کنگره‌ی  
گیاه‌پزشکی  
ایران

۷-۲۹ شهریور ۱۳۹۱ دانشگاه شیراز



## شیوع *Wolbachia* در برخی گونه‌های مگس‌های میوه خراسان: مطالعه‌ای با رویکرد MLST

جواد کریمی و ریحانه درسوئی

گروه گیاه پزشکی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، [jkb@um.ac.ir](mailto:jkb@um.ac.ir)

مهترین همزیست طیف گسترده‌ای از حشرات میباشد که ارتباط آن با میزان، منجر به بروز اثرات مختلفی میشود. در مطالعه‌ی حاضر تلاش شد همزیست *Wolbachia* در چندین گونه از مهترین مگس‌های میوه‌ی بومی کشور را ایابی شود. نتایج حاصل بیانگر این بود که از بین پنج گونه مگس میوه‌ی مورد بررسی شامل مگس جالیز (*Dacus ciliatus*)، مگس گیلاس (*Rhagoletis cerasi*)، مگس میوه‌ی مدیترانه‌ای (*Ceratitis capitata*)، مگس خربزه (*Myiopardalis pardalina*) و مگس عناب (*Caryopomyia vesuviana*)، مگس عناب و مگس گیلاس، سطوح مختلفی از آلودگی به دو استرین جدید از به نام‌های wRc1 و wCv1 را اثناشان دادند علاوه بر این گونه‌ی *C. vesuviana* به عنوان میزانی جدید برای همزیست مذکور گزارش میشود. در *Wolbachia* تیپ بندی استرین‌های *Wolbachia* با اثکا به رویکرد گروه بندی چند ژنی (MLST) و توالی ژن wsp، همزیست مگس عناب در تیپ جدیدی با عنوان ST 277 از زیرگروه A باکتری *Wolbachia* معرفی شد. میزان شیوع همزیست نیز در دو گونه، سطوح متفاوتی داشت. بدین صورت که در جمعیت‌های مگس گیلاس، آلودگی تثبیت شده بود در حالی که نرخ شیوع دمگس عناب متغیر بود. به منظور ارزیابی تأثیر احتمالی *Wolbachia* روی واگرایی ژن COI، برآکد این ناحیه برای دوازده جمعیت از مگس‌های میوه‌ی مذکور مشخص گردید سپس فواصل بین و درون گونه‌ای محاسبه شد که نتایج به دست آمده مؤید کارایی بالای این ناحیه ژنی میباشد. با توجه به روند مطالعات انجام شده روی همزیست *Wolbachia*، تکمیل این اطلاعات میتواند زمینه ساز استفاده از شیوه‌ی نازسانی‌گاری سیتوپلاسمی در برنامه‌های کنترل این گروه از آفات شود. بررسی جاری، نخستین مطالعه با رویکرد MLST روی همزیست‌های حشرات در ایران می‌باشد.

## *Wolbachia* infection among some fruit flies species of Khorasan an attempt using MLST system

**Karimi, J. and R. Darsouei**

Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Iran, [jkb@um.ac.ir](mailto:jkb@um.ac.ir)

*Wolbachia* is a widespread endosymbiont of insects with diverse range of biological effects on its hosts. We studied the prevalence of *Wolbachia* in some important species of tephritids in the Iran. Among different populations of five fruit fly species, *Dacus ciliatus* (cucurbit fly), *Rhagoletis cerasi* (cherry fruit fly), *Ceratitis capitata* (Mediterranean fruit fly), *Myiopardalis pardalina* (melon fly) and *Caryopomyia vesuviana* (jujube fly), two species including *R. cerasi* and *C. vesuviana* showed different levels of *Wolbachia* infection with two new strains, namely wRc1 and wCv1, respectively. *C. vesuviana* is introduced here as a new host for *Wolbachia*. Genotyping of *Wolbachia* strains in 12 populations of five fruit fly species, using multilocus sequence typing (MLST) and *wsp* gene sequence showed occurrence of two new strains as well new strain type assigned as ST 277 belong to the A supergroup as symbiont with *C. vesuviana*. Prevalence status of *Wolbachia* was different among infected species. While we showed fixed infection of cherry fruit fly with *Wolbachia*, this condition was variable for *Caryopomyia vesuviana*. Here, 12 barcodes under 5 species of Iranian tephritids are added to the database of DNA barcodes. Inter-intra specific differences among COI sequences showed a clear gap barcoding between most fruit flies. Considering the research trend about *Wolbachia*, this knowledge will promise for a new approach toward application of *Wolbachia* through cytoplasmic incompatibility (CI) for management of pest species of tephritids. Current work is the first attempt using MLST approach toward characterization of insect endosymbiont in Iran.