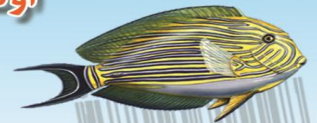




## اولین همایش جایگاه DNA Barcoding در آرایه شناسی بهمن ماه ۱۳۹۰



### تعیین مشخصات برخی از نماتودهای بیمارگر حشرات همدان بوسیله توالی ژن های ITS و 28S

تهمینه صفاری<sup>۱</sup>، جواد کریمی<sup>۲</sup>، حسین مددی<sup>۱</sup>

۱. دانشگاه بوعلی سینا همدان، دانشکده کشاورزی، گروه گیاه پزشکی

۲. دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده کشاورزی، گروه گیاه پزشکی

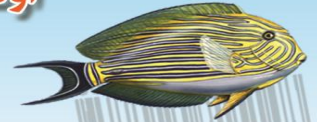
t\_saffari63@yahoo.com

نماتودهای بیمارگر حشرات (EPNs) از عوامل مهم در کنترل بیولوژیک آفات می‌باشند که در برنامه‌های مدیریت تلفیقی آفات به کار گرفته می‌شوند. وارد کردن آنها به عنوان عوامل کنترل بیولوژیک در یک منطقه، نیازمند آگاهی از وجود آنها و شناسایی گونه‌های بومی است. نیمی از گونه‌های معرفی شده EPNs در دهه اخیر شناسایی و توصیف شده‌اند. دقت و سرعت تشخیص این گونه‌ها نیازمند به استفاده از روش‌های سریع و کارآمد است بنابراین، شناسایی و طبقه‌بندی این عوامل باید با اتکا به تلفیقی از روش‌های کلاسیک و داده‌های مولکولی باشد. از جمله این روش‌ها می‌توان به استفاده از اطلاعات مولکولی نواحی ژنی ITS1-5.8S-ITS2 و 28S rDNA اشاره نمود. به منظور ردیابی این گروه از نماتودها در شهرستان همدان، تعداد ۱۰۰ نمونه خاک جمع‌آوری شد. بررسی نمونه‌ها به روش طعمه‌گذاری با لارو پروانه موم خوار *Galleria mellonella*، منجر به جداسازی ۳۰ جمعیت از نمونه‌های مشابه جنس *Steinernema* گردید. تعیین مشخصات اولیه نشان داد که این نمونه‌ها به سه گروه گونه‌ای "*feltiae*"، "*carpocapsae*" و "*intermedium*" تعلق دارند. بررسی‌های مولکولی شش جمعیت بوسیله آنالیز توالی نوکلئوتیدی نواحی ITS1-5.8S-ITS2 و 28S انجام شد. توالی‌ها با توالی‌های موجود در بانک ژن مقایسه و سپس ارتباط فیلوژنی آنها بازسازی شد. نتایج نشان داد که جمعیت‌های جدا شده متعلق به گروه‌های "*feltiae*" و "*monticolum*" می‌باشند. توالی‌های DNA در حال حاضر به‌طور گسترده‌ای در آرایه‌شناسی نماتودهای عامل کنترل بیولوژیک استفاده می‌شود و به عنوان مناسب‌ترین روش برای ارزیابی روابط فیلوژنتیک در سطوح مختلف طبقه‌بندی و تعیین حدود گونه‌ها در نظر گرفته شده‌است. 28S rDNA، ژنی مناسب و حاوی اطلاعات با ارزش برای تعیین روابط تکاملی میان گروه‌های *Steinernema* و تعیین هویت گونه‌های مختلف است. اطلاعات حاصل از این ناحیه به همراه داده‌های مربوط به توالی ITS می‌تواند به عنوان معیار تشخیص مولکولی نماتودهای بیمارگر حشرات با اعتماد مورد استفاده قرار گیرد.

کلمات کلیدی: ITS - 28S - شناسایی - کنترل بیولوژیک - بیمارگر حشرات



اولین همایش جایگاه DNA Barcoding در آرایه شناسی  
بهمن ماه ۱۳۹۰



## Characterization some entomopathogenic nematodes from Hamedan using ITS and 28S gene sequences

Tahmineh Saffari<sup>1</sup>, Javad Karimi<sup>2</sup>, Hossein Madadi<sup>1</sup>

1. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran
2. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

t\_saffari63@yahoo.com

Entomopathogenic nematodes (EPNs) are one of the important biological control agents of pests applying in integrated pest management programs. Introduction EPNs as biocontrol agents in an area requires knowledge of their occurrence and identification of native species. Half of the introduced EPNs species have been identified and described in last decade. Accuracy and fast detection of EPNs species requires applying quick and efficient methods. Therefore, identification and classification of these agents should be relied upon combination of classical methods and molecular data, such as use of ITS1-5.8S-ITS2 and 28S rDNA gene regions. One hundred soil samples were collected to track this group of nematodes in Hamedan province, Analysing samples baited using *Galleria mellonella* larva lead to isolation 30 populations of *Steinernema* specimens from this genus. The initial characteristics showed the EPNs isolates were from three groups as "*feltiae*", "*carpocapsae*" and "*intermedium*". Molecular analysis of six populations was conducted by using sequences analysis of ITS1-5.8S-ITS2 and 28S regions. The sequences were compared with available sequences in gene bank, followed by reconstruction of their phylogenetic relationships. The results showed that isolated populations are belong to "*feltiae*" and "*monticolum*" groups. DNA sequences is now widely used at barcoding of entomopathogenic nematodes and it is considered the most suitable approach for assessing phylogenetic relationships at different taxonomic levels and species delimitation. 28S rDNA gene is a suitable and informative gene for interpreting evolutionary relationships among *Steinernema* groups and identify different species. Information obtained from this gene as well ITS sequence data could be used as a reliable criterion for molecular detection of entomopathogenic nematodes .

Key words: ITS - 28S- identification - biological control - entomopathogen