

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



سامانه ویراستاری STES



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی



مقاله نویسی علوم انسانی



اصول تنظیم قراردادها



آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله

کاربرد ژن‌های میتوکندریایی *COXI* و *16S rRNA* در تجزیه و تحلیل ژنتیک جمعیت سوسک پوست‌خوار کاج، *Orthotomicus erosus*

مسعود مهرپرور^۱، جهانگیر خواجه‌علی^۲ و غلامرضا صالحی‌جوزانی^۳

۱- کارشناسی ارشد حشره‌شناسی، دانشگاه صنعتی اصفهان

۲- استادیار گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

۳- دانشیار بخش تحقیقات بیوتکنولوژی میکروبی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران (ABRII)، کرج، ایران
mehrpavar.masoud@yahoo.com

یکی از مهم‌ترین سوسک‌های پوست‌خوار درختان کاج در کشور، سوسک پوست‌خوار مدیترانه‌ای کاج با نام علمی (Wollaston, 1857) *Orthotomicus erosus* می‌باشد. تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ای میتوکندریایی، اطلاعات مهمی در مورد تنوع ژنتیکی جمعیت‌های حشرات فراهم می‌کند. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی این گونه، جمعیت‌های سوسک پوست‌خوار مدیترانه‌ای کاج طی سال‌های ۹۴-۱۳۹۳ از درختان کاج آلوده به سوسک پوست‌خوار از شهرهای اصفهان، تهران، شیراز، یزد، اردکان، کرمان، رفسنجان، نایین و بیرجند جمع‌آوری و ناحیه ۴۸۸ جفت بازی ژن *COXI* و ناحیه ۳۸۳ جفت بازی ژن *16S rRNA* آن‌ها برای ۱۵ جمعیت از هر ژن تکثیر و توالی‌یابی شد. نتایج درخت فیلوژنی با روش‌های اتصال همسایه و حداکثر صرفه‌جویی برای هر دو ژن، نشان داد که برمبنای خصوصیات اندازه‌گیری شده بین برخی از ژنوتیپ‌ها و نمونه‌ها فاصله ژنتیکی وجود داشته و این اطلاعات ما را در شناسایی دورترین والدین جد مشترک یاری خواهد کرد. هم‌چنین موقعیت قرارگیری نمونه‌های ایران با جنس *Orthotomicus* مطابقت داشته و حالت مونوفیلیک با گونه‌های دیگر این جنس مانند *O. caelatus* و سایر جنس‌ها مانند *Xylosandrus germanus* مطابقت ندارد. نتایج ساعت مولکولی برای هر دو ژن نشان داد رابطه بین جمعیت‌های مورد بررسی قدمتی کمتر از (۰/۱) میلیون سال دارد و زمان زیادی از جدایی آن‌ها نسبت به هم نمی‌گذرد. نتایج ماتریس فاصله ژنتیکی برای ژن *COXI* کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۰۰۲) و بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۱۰۱) و برای ژن *16S rRNA* کمترین فاصله ژنتیکی صفر و بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۲۳۵) بدست آمد. آنالیز توزیع عدم تطابق برای هر دو ژن برای جمعیت‌های مورد بررسی نتایج مشابهی نشان داد و مطابق با گسترش جمعیت از جمعیت‌های کوچک بود. پارامترهای اساسی تنوع ژنتیکی شامل تعداد هاپلوتایپ‌ها، تنوع هاپلوتایپی، تنوع نوکلئوتیدی، تعداد سایت‌های پلی‌مورف و میانگین تفاوت‌های نوکلئوتیدی دوه‌دو برای هر دو ژن مورد مطالعه محاسبه شد. نتایج هم‌ردیف‌سازی داده‌ها به ترتیب ۲۳ و ۱۱۱ موقعیت چند شکلی در سایت‌های قرارگیری بازهای آلی DNA برای *COXI* و *16S rRNA* نشان داد. برای ژن *COXI* مقدار تنوع ژنتیکی ۰/۰۳، تاجیما ۰/۸۱۹-، فو ۰/۸۰۱- و برای ژن *16S rRNA* مقدار تنوع ژنتیکی ۰/۰۶، تاجیما ۱/۷۵-، فو ۱/۸۱۷- محاسبه شد که نشان‌دهنده اثر گسترش اخیر جمعیتی سوسک پوست‌خوار کاج در ایران و یا اثر انتخاب طبیعی جهت‌دار بر روی این ژن‌ها و در تعادل بودن روندهای جهش-رانس ژنتیکی در طول تکامل است. از میان دو ژن میتوکندریایی استفاده‌شده، ۱۵ هاپلوتایپ مربوط به ژن *COXI* و ۱۴ هاپلوتایپ در ژن *16S rRNA* مشاهده شد. مقدار تنوع هاپلوتایپی مربوط به ژن *COXI* (۱/۰۰۰) و مربوط به ژن *16S rRNA* (۰/۹۹۰) برآورد شد. در نتیجه ژن *16S rRNA* به علت نشان دادن تفاوت نوکلئوتیدی و تنوع ژنتیکی بیشتر و هم‌چنین ارتباط و هم‌پلازی زیاد بین هاپلوتایپ‌ها، وضوح بهتری از داده‌ها را برای این گونه نشان می‌دهد و در بررسی سطوح تنوع ژنتیکی جمعیت‌های این گونه از شایستگی بالاتری نسبت به ژن *COXI* برخوردار است.

واژه‌های کلیدی: پوست‌خوار مدیترانه‌ای کاج، تنوع ژنتیکی، فیلوژنی، *COXI*، *16S rRNA*، *Orthotomicus erosus*.

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



سامانه ویراستاری STES



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی



مقاله نویسی علوم انسانی



اصول تنظیم قراردادها



آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله