

بررسی تنوع ژنتیکی سنکهای (*Orius niger* (Hemiptera:Anthocoridae) بر اساس توالی های

ITS1 در مناطق مختلف ایران

مهدی دهقانی زاهدانی^۱، علیمراد سرافرازی^۲، علی نظری^۳

^۱دانشگاه آزاد اسلامی واحد یزد، دانشکده کشاورزی، گروه گیاه پزشکی، dehghani.arash@gmail.com

^۲موسسه تحقیقات گیاه پزشکی کشور، بخش رده بندی حشرات asarafrazi@yahoo.com

^۳دانشگاه آزاد اسلامی واحد یزد، دانشکده هنر و معماری، گروه طراحی پارچه و لباس a.nazari_textile@yahoo.com

چکیده

Orius niger Wolff. در ایران یکی از گونه های مطرح در زمینه کنترل بیولوژیک آفات خصوصاً تریپس ها در شرایط گلخانه و مزرعه به شمار می رود. در این تحقیق حشرات کامل *O. niger* طی سالهای ۱۳۹۴-۱۳۹۱ از ۸ منطقه مختلف ایران جمع آوری گردیدند. مناطق نمونه برداری عبارت بودند از: یزد، آمل، شیراز، کرمان، اصفهان، همدان، شهرکرد و بندرعباس. توالی های نوکلئوتید ژن هسته ای ریبوزومی ITS 1 و نواحی مجاور آن بین جمعیت های *O. niger* مورد مقایسه قرار گرفتند. نتایج حاصل از PCA بیانگر این نکته بود که تفاوت های درون جمعیت در گونه *O. niger* نسبت به تفاوت های بین جمعیتی در این گونه بیشتر می باشد. با استفاده از آزمون Mantel مشخص گردید که بین فاصله جغرافیایی و فاصله ژنتیکی در جمعیت های *O. niger* ارتباط معنی داری وجود دارد. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل فیلوژنی در جمعیتها و افراد نشان داد که جمعیت های اصفهان و رودان دارای بیشترین اختلاف ژنتیک نسبت به سایرین می باشند. در نهایت مشخص گردید که میزان تنوع ژنتیک بین افراد در گونه *O. niger* نسبتاً زیاد بوده و ژن ITS 1 و نواحی جانبی آن می تواند به عنوان یک معیار مناسب جهت تشخیص تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت های *O. niger* مورد استفاده قرار گیرد.

واژه های کلیدی

تنوع ژنتیکی، *Orius niger*، ITS 1.

مقدمه

بدون شک یکی از مهمترین جنبه های کاربردی علم حشره شناسی استفاده از دشمنان طبیعی بر علیه آفات می باشد. استفاده از دشمنان طبیعی همواره به عنوان یکی از اجزا لاینفک مدیریت تلفیقی آفات (IPM) مورد توجه بوده است.

یکی از مشکلات اساسی در مدیریت آفات، عدم کارایی جمعیت های یک گونه دشمن طبیعی در اقلیم های متفاوت می باشد [4] (Hinomoto, et al. 2006). به عبارت ساده تر بسیاری از جمعیت های دشمن طبیعی زمانی که در شرایط اقلیمی متفاوت از محل استقرار خود قرار می گیرند قادر به کنترل آفت مزبور نخواهند شد و برنامه مدیریت آفات با شکست روبرو می شود این مسأله در ایران با توجه به وجود تنوع اقلیمی و تقسیم بندی ۲۲ گانه اقلیمی

در ایران بر اساس تقسیم بندی یونسکو، شکل جدی تری به خود می گیرد. لذا شناخت جمعیت های اقلیمی دارای قرابت ژنتیکی بیشتر، در تصمیم سازی و اجرای برنامه های مبارزه بیولوژیک و کنترل جمعیت آفات می تواند مثرتر واقع شود. در ارتباط با کنترل آفات کلیدی و مقاوم به آفت کش ها، سنکهای خانواده Anthocoridae یکی از خانواده های با اهمیت در زمینه کنترل بیولوژیک آفات خصوصاً آفاتی نظیر تریپس ها، شته ها، پسیل ها، شپشکها و کنه های گیاهی مطرح می باشند.

از خصوصیات مهم سنکهای این خانواده رفتار ترجیح میزبانی بوده و در هر دو مرحله پوره و حشره کامل دارای رفتار شکارگری می باشند. از دیگر مزایای این حشرات مفید پایداری دراز مدت آنها در طول فصل، قدرت زادآوری بالا، قابلیت جستجوگری بالا، سرعت در شکار و شکار حشرات آفت در مقادیر انبوه می باشد (شجاعی، ۱۳۷۶). از بین خانواده مزبور جنس *Orius* و گونه *Orius niger* نقش مهمی را در کنترل آفات خصوصاً تریپس ها و کنه های گیاهی خصوصاً در منطقه خاورمیانه ایفا می نماید (Chyzic, et al. 1996; Tommasini, 2004). شناخت ساختار ژنتیکی دشمنان طبیعی اولین گام موثر در افزایش کارایی و قابلیت این عوامل بیولوژیک در اکوسیستم های مزرعه ای و گلخانه ای است. (Sperling and Roe, 2009). در این ارتباط دهقانی زاهدانی و همکاران (۲۰۱۱) تنوع ژنتیکی گونه *Orius albidipennis* را در ۱۲ منطقه اقلیمی ایران مورد بررسی قرار داده و تفاوت های معنی داری را در جمعیت های سنک مزبور در اقلیم های مختلف شناسایی نمودند. Taylor and Szalanski (1999) چهار گونه از زنبورهای جنس *Muscidifurax* متعلق به خانواده Pteromalidae را با استفاده از روش PCR-RFLP شناسایی نمودند. تجزیه و تحلیل PCR-RFLP در این تحقیق در ناحیه ریبوزومی هسته (ITS - 1) انجام پذیرفت و از آزمونهای برشی Taq I و Dpn II, Mse I برای تشخیص گونه ها استفاده شد. در نتیجه این تحقیق چهار گونه زنبور *Muscidifurax raptor*, *Muscidifurax raptorellus*, *Muscidifurax uniraptor* و *Muscidifurax zaraptor* شناسایی شدند. در این تحقیق هیچ تنوع درون گونه ای بین جمعیت های مورد آزمایش مشاهده نگردید. (Muraji et al. 2004). گونه های جنس *Orius* جمع آوری شده از مناطق مختلف ژاپن را با استفاده از DNA های