

مقاله ی کوتاه علمی

گروه بندی فیلوژنتیکی برخی جدایه های نوکلئوپلی هیدروویروس کرم غنچه ی توتون (HaNPV)
شمال ایران با استفاده از نشانگر RAPD

مرضیه شازده احمدی^۱، هدی عاصمی^۱، زین العابدین شهادتی مقدم^۱، سید افشین سجادی^۱، محمدرضا رضایانه^۲
 ۱- مرکز تحقیقات و آموزش توتون تیرتاش
 ۲- بخش تحقیقات کنترل بیولوژیک، موسسه ی تحقیقات گیاه پزشکی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران
 مسئول مکاتبات: مرضیه شازده احمدی، پست الکترونیک: Noshinshazdeahmadi@Yahoo.com

تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۲۴

۱۲۹-۱۲۳ (۲) ۳

تاریخ دریافت: ۹۴/۰۴/۲۱

چکیده

به منظور غربال و بررسی تنوع ژنتیکی جدایه های نوکلئوپلی هیدروویروس جمع آوری شده از کرم غنچه توتون از برخی مزارع توتون استان های مازندران و گلستان، از بین ۱۰ آغازگر RAPD ده جفت بازی ساخت شرکت Operon به طور تصادفی، دو جفت آغازگر OPM-03 و OPM-16 که بیشترین چندشکلی را در بین جدایه ها نشان دادند، انتخاب شدند. تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی با استفاده از نرم افزار PyElph و به روش UPGMA انجام و درخت فیلوژنی و جدول فواصل ژنتیکی رسم شد. تجزیه ی خوشه ای داده های مولکولی توانست جدایه ها را در فاصله ی ژنتیکی ۲۰ به پنج گروه مجزا تقسیم بندی کند و می تواند در غربال جدایه های نوکلئوپلی هیدروویروس به عنوان عامل کنترل بیولوژیک در کنترل کرم غنچه ی توتون، کرم قوزه ی پنبه، کرم میوه خوار گوجه فرنگی نقش ایفا نماید.

واژه های کلیدی: نوکلئوپلی هیدروویروس، کرم غنچه ی توتون، روابط فیلوژنتیکی، نشانگر RAPD

مقدمه

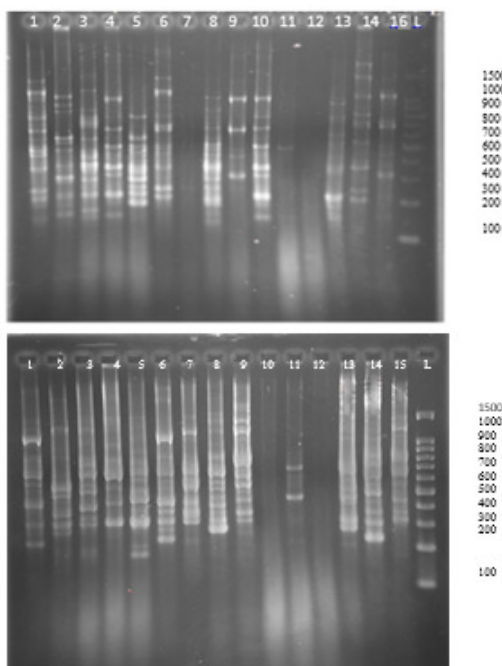
نشانگرهای مبتنی بر PCR، نشانگرهای RAPD هستند که جهت تشخیص تنوع و تغییرات بین جمعیت ها و گونه ها مفید می باشند. با استفاده از نشانگر RAPD دستیابی به اطلاعات سریع تر بوده و در شناسایی ارقام و گونه های مختلف گیاهان و آفات، ارتباط ژنتیکی و فیلوژنتیکی آن ها کاربرد دارد. در سال ۲۰۰۰، با استفاده از ۱۵ آغازگر RAPD تنوع ژنتیکی ۱۰ جمعیت مختلف HaNPV مورد بررسی قرار گرفت که در نتیجه شش لاین از ده لاین بسیار مشابه بودند و بیش از ۹۰ درصد تشابه ژنتیکی داشتند و بین لاین های مختلف ۶۸ درصد چندشکلی دیده شد (Geetha & Rabindra, 2000). ارزیابی مولکولی و بیولوژیک هفت جدایه HaNPV متعلق به کشور هندوستان بر روی آفت گوجه فرنگی و پنبه با استفاده از تکنیک PCR-RFLP و آنالیز جداگانه با چهار نوع آنزیم برشی (شامل EcoRI و PstI، BamHI، HindIII)، نشان دهنده ی

با عنایت به اهمیت نوکلئوپلی هیدروویروس یا ویروس چندوجهی هسته ای (HaNPV) در کنترل بیولوژیک کرم غنچه ی توتون (Assemi et al., 2012) و ضرورت غربال جدایه های برتر، بررسی تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنتیکی جدایه های مختلف این ویروس اهمیت می یابد. کما این که بررسی جمعیت و مطالعه ی روابط خویشاوندی جمعیت های نواحی مختلف، به کنترل بهتر آفات کمک نموده و خود نیازمند دانش دقیق جمعیت شناسی و ترکیب ژنتیکی جمعیت و گونه است (Assemi et al., 2013, Khiaban et al., 2010, Fakurdin et al., 2004 and Getting & McCarthy, 1982). در سال های اخیر استفاده از نشانگرهای مولکولی به عنوان ابزاری جهت تعیین تنوع ژنتیکی و ارزیابی مکان های ژنی مؤثر بر صفات مهم و تهیه ی نقشه پیوستگی ژن ها به کار می روند (Jehle et al., 2006). از جمله

نتایج

الگوی باندهای حاصل از دو آغازگر تصادفی RAPD روی شانزده جدایه HaNPV متعلق به مناطق مختلف استان‌های مازندران و گلستان در شکل نشان داده شده است.

نتایج به‌دست آمده نشان داد که هر دو آغازگر RAPD مورد استفاده نوارهای قابل کدگذاری ایجاد کردند که در مجموع ۸۰ باند قابل امتیازدهی به‌دست آمد که تعداد ۵۷ باند دارای چند شکلی بودند و به‌عبارت دیگر ۷۱ درصد باندهای تشکیل شده چند شکلی نشان دادند. تعداد قطعات چند شکلی تولید شده با هر آغازگر و در هر جمعیت، ۱۰ تا ۱۵ باند و دامنه‌ی اندازه‌ی قطعات تکثیر شده ۱۰۰-۱۵۰۰ bp بود. نتایج حاصل از رسم این تبارنما (درخت فیلوژنی) در شکل ۲ ارائه شده است.



شکل ۱- باندهای حاصل از PCR توسط آغازگر OPM-03 در تصویر اول و باندهای مربوط به آغازگر OPM-16 در تصویر دوم آورده شده است. شماره‌های ۱ تا ۱۶ مربوط به جدایه‌ها بوده و چاهک آخر (L) مربوط به DNA Ladder می‌باشد.

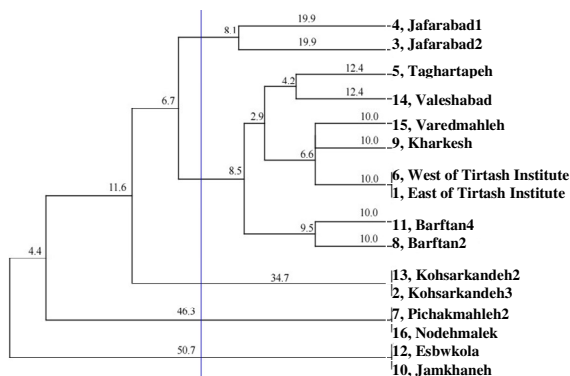
Fig. 1. RAPD electrophoresis bands of HaNPV isolates using primer OPM-03 on 1st and OPM-16

وجود تنوع ژنتیکی بین این جدایه‌ها بود (Mehrvar *et al.*, 2008). در پی مطالعات (Assemi *et al.*, 2012 & 2013) هدف از این تحقیق، غربال و بررسی اولیه اختلافات جغرافیایی، جایگاه سیستماتیک و روابط فیلوژنتیکی و خویشاوندی جدایه‌های HaNPV در استان‌های مازندران و گلستان با استفاده از نشانگر RAPD می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، به‌منظور جمع‌آوری لاروهای آلوده به HaNPV با علائم شل و آبکی بودن بدن، مرده و آویزان شدن از گل آذین توتون، عملیات نمونه برداری صورت گرفت. نمونه‌ها جهت انجام مراحل بعدی کار به آزمایشگاه بیوتکنولوژی مرکز تحقیقات و آموزش تیرتاش منتقل شدند و پس از خالص‌سازی به‌روش (Jehle *et al.*, 2006) استخراج DNA ژنومی با استفاده از روش CTAB (با اندکی تغییرات) انجام گرفت. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی جدایه‌های HaNPV، از ۱۰ آغازگر تصادفی (10bp) RAPD تهیه شده از شرکت اپرون، استفاده گردید. پس از آماده‌سازی برای PCR، دمای آنیلینگ آن‌ها با چند نوبت PCR آزمایشی تعیین گردید. در نهایت، بعد از تست اولیه این ۱۰ آغازگر روی DNA جدایه‌های مختلف، از بین آن‌ها دو جفت آغازگر RAPD به‌نام‌های OPM-03 و OPM-16 که بیشترین چندشکلی (پلی مورفیسم) را نشان دادند، انتخاب شدند و بر روی ۱۶ نمونه DNA مربوط به جدایه‌های مناطق مختلف جغرافیایی استان‌های مازندران و گلستان، در PCR استفاده شد. در ادامه کار با توجه به تصاویر تهیه شده از ژل‌های الکتروفورز محصولات RAPD-PCR به‌وجود یا عدم وجود باندها به‌ترتیب شاخص ۱ و صفر داده شد. این اطلاعات با نرم افزار Excel جمع‌بندی و سپس تجزیه‌ی کلاستر و آنالیز فیلوژنتیکی با استفاده از نرم افزار PyEPh و به‌روش UPGMA انجام گرفت. همچنین جدول محاسبه‌ی فواصل ژنتیکی موجود بین شانزده جدایه‌ی مناطق جغرافیایی مختلف HaNPV نیز با استفاده از نرم افزار PyEPh و به‌روش UPGMA رسم گردید.

نکا تشکیل شده است. لازم به ذکر است که در این بررسی، گروه‌های سوم، چهارم و پنجم زیر شاخه‌ی فرعی ندارند و هر کدام با جدایه‌ی هم گروه خود قرابت ژنتیکی نزدیک داشته و به صورت گروه‌های خواهری می‌باشند. همچنین، جدول فواصل و تفاوت‌های ژنتیکی موجود بین شانزده جدایه مختلف NPV استان‌های مازندران و گلستان نیز براساس روش UPGMA رسم گردید (جدول ۱).



شکل ۲- تبارنما (درخت فیلوژنی) شانزده ایزوله HaNPV

از استان‌های مازندران و گلستان بر اساس روش UPGMA.

Fig. 2. Dendrogram of 16 HaNPV isolates of Mazandaran & Golestan provinces based on UPGMA method.

جدول ۱- فواصل ژنتیکی موجود بین ۱۶ جدایه HaNPV از استان‌های مازندران و گلستان بر اساس روش UPGMA.

Tabel 1. Genetic distances of 16 HaNPV isolates of Mazandaran & Golestan provinces based on UPGMA method.

16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	Isolates
															*	1
														*	34.7	2
													*	34.7	28	3
												*	19.9	34.7	28	4
											*	28	28	34.7	16.6	5
										*	16.6	28	28	34.7	6	6
								*	46.3	46.3	46.3	46.3	46.3	46.3	46.3	7
									*	46.3	19.5	28	28	34.7	19.5	8
							*	19.5	46.3	10	18.8	28	28	34.7	10	9
						*	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	10
					*	50.7	19.5	10	46.3	19.5	19.5	28	28	34.7	19.5	11
				*	50.7	0	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	50.7	12
			*	50.7	34.7	50.7	34.7	34.7	46.3	34.7	14.7	34.7	34.7	0	34.7	13
		*	34.7	50.7	19.5	50.7	16.6	19.5	46.3	16.6	12.4	28	28	34.7	16.6	14
	*	16.6	34.7	50.7	19.5	50.7	10	19.5	46.3	10	16.6	28	28	34.7	10	15
*	46.3	46.3	46.3	50.7	46.3	50.7	46.3	46.3	0	46.3	46.3	46.3	46.3	46.3	46.3	16

on 2nd gels, Isolates no 1 to 16 related to the isolates and the L well is DNA Ladder.

در دندروگرام فیلوژنی حاصل، خط عمودی جداکننده‌ی گروه‌های مختلف، در فاصله‌ی ژنتیکی ۲۰ در نظر گرفته شد که شامل ۵ گروه ژنتیکی مجزا می‌باشد. در گروه اول، دو جدایه مزرعه ۱ و ۲ جعفرآباد گلستان از نظر مورفولوژیکی و ناحیه‌ی جغرافیایی شباهت بسیار زیادی دارند و در این دندروگرام در مجاور هم در یک گروه ژنتیکی ولی در دو زیر شاخه‌ی فرعی مجزا قرار گرفتند. گروه دوم خود به دو زیر شاخه اصلی و پنج زیر شاخه فرعی تقسیم شد و متعلق به جدایه‌های مناطق (تقریباً گرگان، والش آباد گرگان، مزرعه ۲ و ۴ برفتان، وارد محله‌ی ساری، خارکش ساری، ناحیه‌ی غرب و ناحیه‌ی شرق مرکز تحقیقات توتون تیرتاش) می‌باشد. گروه سوم، زیر شاخه فرعی ندارد و در این گروه جدایه‌های مزرعه ۲ و ۳ کوهسارکنده که از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی و ناحیه‌ی جغرافیایی بسیار مشابه، در این بررسی نیز کاملاً در مجاورت همدیگر در یک شاخه اصلی قرار گرفتند. گروه چهارم، از جدایه‌های پیچک محله و نوده ملک گلستان تشکیل شده است. گروه پنجم، از جدایه‌های اسبوکلا ساری و جامخانه

بحث

و پراکنش جغرافیایی نیز تشابه داشته، از نظر فیلوژنتیکی و خویشاوندی نیز قرابت ژنتیکی با یکدیگر دارند، اما در سه گروه جداگانه قرار گرفته‌اند. همچنین نزدیکی مکان جغرافیایی این جدایه‌ها، وجود یک خزانه ژنی مشترک را محتمل می‌کند. محققان مشخص کرده‌اند که روابط فیلوژنتیکی با کولووویروس‌ها عمدتاً از روابط جغرافیایی آن‌ها منشأ می‌گیرد. همچنین تفاوت‌های اکولوژیکی، آب و هوایی و جغرافیایی از عوامل مهمی هستند که بر استراتژی‌های نمونه برداری تأثیر می‌گذارند. تغییر و تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای معمولاً ارتباط به‌محدوده جغرافیایی نمونه‌ها دارد (Getting & McCarthy, 1982). از طرفی شواهدی از تنوع ژنتیکی که از الگوی توزیع جغرافیایی تبعیت نمی‌کند (Patel et al., 2009, Sajjadi et al., 2013) and Assemi et al., 2013)، پیشنهاد می‌نماید مطالعه‌ی کاملی بر روی جدایه‌های HaNPV به‌منظور بررسی دقیق‌تر تنوع و قرابت ژنتیکی بین آن‌ها انجام شود.

References

- Assemi, H., Rezapanah, M., Vafai-Shoushtari, R. & Mehrvar, A. 2012. Modified artificial diet for rearing of tobacco budworm, *Helicoverpa armigera* using the Taguchi method and Derringer's desirability function. *Journal of Insect Science*, doi: 10.1673/031.012.10001.
- Assemi, H., Sajjadi, S.A., Rezapanah, M., Mehrvar, A., Shahadati-Moghadam, Z. & Shazdeh-Ahmadi, N. 2013. Genetic diversity of isolates *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus on tobacco budworm using PCR-RFLP technique. Full papers of 8th national Biotechnology Congress in Iran and 4th national Biosafety Congress in Iran, Tehran, Iran, 6-8 July 2013.
- Fakrudin, B., Prakash, S.H., Krishnareddy, K.B., Vijaykumar, Badari Prasad, P.R., Patil, B.V. & Kuruvina Shetti, M.S. 2004. Genetic variation of cotton bollworm, *Helicoverpa armigera* (Hübner) of South Indian cotton ecosystem using RAPD markers. *Current Science*, 87: 1654-1659.
- Geetha, N. & Rabindra, J. 2000. Genetic variability and comparative virulence of some geographic isolates of nuclear polyhedrosis virus of *Helicoverpa armigera* Hübner. pp: 65-80. In: Ignacimuthu, S., Sen, A. & Janarthanam, S. (Eds.), *Biotechnological Application for Integrated Pest Management*. Oxford and IBH Publication Company.
- Getting, R.R. & McCarthy, W.J. 1982. Genotypic variation among wild isolates of *Heliothis* spp. nuclear polyhedrosis viruses from different geographical regions. *Virology*, 117: 242-245.
- Jehle, J.A., Lange, M., Wang, H., Zhihong, H., Wang, Y. & Hauschild, R. 2006. Molecular identification and phylogenetic analysis of baculoviruses from Lepidoptera. *Virology*, 346: 180-193.

پیش‌بینی می‌شد که جدایه‌های متعلق به مناطق جغرافیایی نزدیک به همدیگر، در یک گروه ژنتیکی و در مجاورت هم در یک خوشه قرار گرفته و کمترین اختلاف ژنتیکی و بیشترین قرابت ژنتیکی با یکدیگر داشته باشند و هر چقدر که جدایه‌ها در خوشه‌های مجزا و دورتر از یکدیگر قرار گرفتند، اختلاف ژنتیکی بیشتری با یکدیگر داشته باشند، اما این مسئله در مورد همه‌ی جدایه‌های ویروس و با این روش بررسی بعضاً و ظاهراً صدق نکرد و تنوع ژنتیکی مشاهده شده در این جدایه‌ها را نمی‌توان کاملاً و با اطمینان به توزیع جغرافیایی مربوط دانست. کما اینکه دندروگرام شکل ۲ نشان داد که در گروه دوم، با اینکه جدایه‌ها متعلق به مناطق جغرافیایی و ظاهراً دور از یکدیگر و از استان‌های متفاوت هستند ولی با این وجود ملاحظه می‌گردد که این جدایه‌ها در یک گروه ژنتیکی قرار گرفته و قرابت ژنتیکی دارند، که می‌تواند به دلیل جهش، مهاجرت و یا انتقال ژن‌ها اتفاق افتاده باشد. دندروگرام نشان می‌دهد که گروه‌های سوم، چهارم و پنجم از نظر ساختار ظاهری و مورفولوژیکی

- Khiaban, N.G.M.Z., Hejazi, M.S., Irani-Nejad, K.H., Mohammadi, S.A. & Khaghaninia, S. 2010. Genetic variability of geographical populations of the bollworm, *Helicoverpa armigera* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae), in west and northwest of Iran. *Munis Entomology & Zoology*, 5 (2): 670-676.
- Mehrvar, A., Rabindra, R.J., Veenakumari, K. & Narabanchi, G.B. 2008. Molecular and biological characteristics of some geographic isolates of nucleopolyhedroviruses of *Helicoverpa armigera* (Lep., Noctuidae). *Journal of Entomological Society of Iran*, 28(1): 39-60.
- Patel, C.S., Jani, J.J., Parekh, V. B., Darji, V. B., & Vaishnav, P. R. 2009. Genetic diversity and differentiation of *Helicoverpa armigera* nuclear polyhedrosis virus isolates from India. *Phytoparasitica*, 37(5), 407-413.
- Sajjadi, A., Assemi, H. & Rezapannah, M. 2013. Genetic diversity of isolates *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus on tobacco budworm using PCR-RFLP technique. Abstracts of 4th International Participated Entomopathogens and Microbial Control, Artvin, Turkey. 11-14 September 2013. P: 75.

Short Article

An investigation on phylogenetic classification of *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus (HaNPV), isolated from Tobacco fields of north of Iran, by RAPD markers.

**Marziyeh Shazdehahmadi¹, Hoda Assemi¹, Zenabedin Shahadatimoghadam¹, Afshin Sajjadi¹,
Mohammadreza Rezapanah²**

1- Tobacco Research and Education Center, Tirtash, Iran

2- Biological Control Department, Iranian Research Institute of Plant Protection (IRIPP), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran

Corresponding Author: Marziyeh Shazdehahmadi, email: Noshinshazdeahmadi@Yahoo.com

Received: July 12, 2015

3 (2) 123-129

Accepted: Feb. 13, 2016

Abstract

For screening *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus (HaNPV) isolated from Tobacco fields of North of Iran, Mazandaran & Golestan Provinces, among 10 RAPD (10bp) primers of Operon that randomly selected, two RAPD primers (OPM-03 and OPM-16) have highest polymorphism and selected. Phylogenetic analysis was done using PyElph software and UPGMA method. Then, phylogenetic tree and genetic distances table were drawn. The cluster analysis divides the 16 HaNPV isolates in to five distinct groups. Such screening of HaNPV isolates is useful for improving biological control measures against tobacco budworm and cotton bollworm on different crops.

Keywords: *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus, Tobacco budworm, Phylogenetic classification, RAPD marker
