ساختار ژنتیکی جمعیت‌های *Wilsonomyces carpophilus* در استان آذربایجان غربی

الناز سرابی[۱]، محمد جوان نیکخواه[۱]، محمدرضا فتاحی‌مقدم[۲]، یوبرت قوستا[۳] و عبدالله احمدپور[۱]
۱- گروه گیاه‌پزشکی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ۲- گروه باغبانی،پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ۳ گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه

لکه غربالی یکی از مهمترین بیماری‌های مهم و اقتصادی درختان میوه هسته‌دار در استان آذربایجان غربی و نقاط دیگر ایران است که توسط قارچ *Wilsonomyces carpophilus* ایجاد می‌گردد. این بیمارگر گونه‌های مختلف جنس *Prunus* را آلوده می‌کند و موجب کاهش کمی و کیفی محصولات می‌گردد. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی ۷۱ جدایه *W. carpophilus* بدست آمده از درختان میوه‌ی هسته‌دار (زردآلو، هلو، بادام، آلبالو، گیلاس و آلو) از دو منطقه خوی و ارومیه در سال‌های ۱۳۸۶ و ۱۳۹۱ با استفاده از نشانگر مولکولی URP-PCR و چهار آغازگر 38F، 2F، 2R و 17R تعیین گردید. تجزیه و تحلیل الگوی انگشت‌نگاری DNA و مقایسه جدایه‌ها بر اساس ۵۱ باند DNA چند شکل تکثیر شده، بر اساس ضریب تشابه Dice و روش UPGMA و با کمک نرم‌افزار NTSYSpc.2.02c انجام گرفت. بر اساس دندروگرام رسم شده جدایه‌ها در دوازده گروه قرار گرفتند و با حروف A تا L نامگذاری شدند. در این گروه‌بندی جدایه‌های قارچ بر مبنای مناطق جغرافیایی، میزبان و سال نمونه‌برداری از یکدیگر تفکیک نشدند. شاخص‌های ساختار ژنتیکی شامل تنوع ژنی (h)، شاخص شانون (I) و فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها بر اساس ضریب Nei و با استفاده از نرم افزار PopGene 32 برای دو جمعیت جغرافیایی خوی و ارومیه محاسبه شدند و بر این اساس تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های گونه‌ی *W. carpophilus* زیاد بود. نتایج تجزیه واریانس مولکولی AMOVA که به کمک نرم‌افزار GenALEX version 6.1 محاسبه شد نشان داد که تنوع درون جمعیت‌ها ۹۸٪ از سهم کل تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها را شامل می‌شود، در حالی‌که تنها ۲٪ از تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف وجود دارد که نشان دهنده‌ی عدم تمایز بین گروه‌های مختلف است. تنوع ژنتیکی بسیار زیاد در درون جمعیت‌ها و تنوع کم موجود بین جمعیت‌ها که در آزمون UP-PCR مشاهده شد، نشان دهنده‌ی یک جریان ژنی فعال بین جمعیت‌های این مناطق می‌باشد.

Genetic structure of *Wilsonomyces carpophilus* populations in West Azerbaijan province

E. Sarabi[1], M. Javan-Nikkhah[1], M.R. Fattahi Moghadam[2], Y. Ghosta[3] and A. Ahmadpour[1]
1-Department of plant protection,college of Agriculture and Natural Resources University of Tehran, Karaj, Iran, 2-Department of Horticulture Sciences,college of Agriculture and Natural Resources University of Tehran, Karaj, Iran. 3- Department of plant protection, college of Agricultrue, University of Uremia, Uremia, Iran

Shot hole disease that caused by *Wilsonomyces carpophilus* is one of the most economically important diseases of stone fruit trees in West Azerbaijan province and other stone fruit cultivating areas of Iran. The fungal pathogen attacks *Prunus* spp. and reduces the quality and quantity of products. In this study, genetic diversity of seventy one isolates of *W. carpophilus* collected in 2007 and 2012 from stone fruit trees (apricot, peach, almond, sour cherry, cherry and plum) in two different locations, Khoy and Uremiain was analyzed. The isolates were subjected to DNA-fingerprinting analysis through URP-PCR by using four primers (38F, 2F, 2R and 17R). Data analysis was performed based on 51 polymorphic DNA bands using Poppen 32, GenALEX version 6.1 and Nei coefficient. Dendrogram was degenerated by NTSYSpc.2.02software program using UPGMA method and Dice coefficient. Phenetic analysis differentiated twelve fingerprinting groups, designated A to L. In phenetic analysis, isolates of *W. carpophilus* were not separated into distinct groups according to geographic region, host plant and sampling years. Indices of population genetic structure including: gene diversity (h), Shannon's index (I) and genetic distance between (two geographical populations (Khoy and Urmiapopulations) were analyzed based on Nei coefficient using PopGene 32 software. According to the results, high genetic diversity was observed within different populations. In general, based on AMOVA analysis, 98% of observed molecular variance was related to within gengraphic populations and 2% was found among them. High genetic diversity within populations and low diversity between them indicates the existence of active gene flow between fungal populations in sampling regions.