

بررسی مولکولی قارچ‌های آبزی جمع‌آوری شده از ایران با توالی‌های موجود در بانک ژن

باقر روح‌ورزی^۱، محمد علی تاجیک‌قنبری^۱، صفرعلی مهدیان^۱ و یوبرت قوستان^۲

۱- گروه گیاه‌پزشکی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، roohvarzi@gmail.com - گروه گیاه‌پزشکی دانشگاه ارومیه

اعضای خانواده *Saprolegniaceae* در تمامی اکوسیستم‌های خاکی و آبی حضور دارند. آن‌ها نه تنها روی بقایای حیوانات و گیاهان در آب یا خاک به صورت ساپروتروفی وجود دارند بلکه روی جانداران میکروسکوپی، ماهی‌ها و یا حتی دوزیستان و تخم‌های آن‌ها و همچنین ریشه‌های گیاهان عالی فعالیت انگلی دارند. در ادامه بررسی‌هایی که از نظر مورفولوژی روی تعدادی قارچ‌های آبزی جدا شده به عمل آمد، نیاز بررسی مولکولی با توالی‌های موجود در بانک ژن احساس شد. به همین علت قسمتی از هیف‌های قارچ از محیط‌های طبیعی جدا شده در محیط مایع قرار داده شد و بعد از ۳ روز DNA آن استخراج گردید و با جفت آغازگرهای ITS4 و ITS5 ناحیه ITS آن تکثیر و توالی‌دهی شد. ارزیابی هم‌آوایی توالی‌های بدست آمده از گونه‌های موردنظر با سایر توالی‌های موجود در بانک ژن با استفاده از ابزار جستجوی BLAST انجام شد. سپس توالی‌های بازیابی شده از این قارچ‌ها با توالی‌های موجود در بانک ژن که مرتبط با همین نواحی مولکولی در گونه‌های مشابه بود مورد مقایسه قرار گرفت. در این بررسی ۶۵ نمونه شامل ۵ نمونه جدا شده و ۶۰ نمونه از بانک ژن مورد مقایسه قرار گرفت که این گونه‌ها شامل *Achlya bisexualis*, *A. recurva*, *Saprolegnia tubulosa*, *S. ferax* می‌باشند. رجنندی توالی‌ها و ترسیم شجره‌های فیلوژنتیکی بر اساس ۱۰۰۰ تکرار بوتسترپ به روش Neighbour- Joining با نرم افزار Mega 5 انجام شد که اغلب جدایه‌ها در گروه موردانتظار و مستقل قرار گرفتند.

Molecular assay of isolated water molds from Iran and GenBank sequences

B. Roohvarzi¹, M. A. Tajick Ghanbari¹, S. Mahdian¹ and Y. Ghosta²

1- Department of Plant Protection, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Iran, roohvarzi@gmail.com. 2- Department of Plant Protection, Urmia University, Urmia, West Azarbaijan, Iran

Members of the family *Saprolegniaceae* are ubiquitous and can be found in freshwater and soil ecosystems. They are not only saprotrophic on plant and animal debris in fresh water or soil, but also parasitic in microscopic animals or fish, amphibians and their eggs, and roots of higher plants. . In order to identify the Iranian isolates and compare them with those already deposited at GenBank, ITS sequences from Iranian isolates were produced. DNA was extracted and the internal transcribed spacer (ITS) of rDNA region of the isolates amplified using the primer pairs ITS4 and ITS5 and the PCR product was sequenced. The sequence was submitted to a BLAST search to find most similar sequences in GenBank and these sequences were compared with total sequences of same species in GenBank based on ITS regions. In this comparison comprised 65 isolates inclusive of 5 species and 60 isolates from GenBank. These species are *Achlya bisexualis*, *A. recurva*, *saprolegnia tubulosa*, *S. ferax*. Phylogenetic trees were constructed using neighbour-joining algorithm and bootstrap analysis with 1000 replicates and evaluated with Mega 5 software. Many isolates were clustered in a expected and distinct phylogenetic group.

ایران