SID

فیلم های آموزشی

سامانه ویراستاری STES

بلاگ مرکز اطلاعات علمی

کارگاه های آموزشی

سرویس ترجمه تخصصی

سرویس های ویژه

کارگاه‌های آموزشی مرکز اطلاعات علمی

آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله

اصول تنظیم قراردادها

مقاله نویسی علوم انسانی

چهارمين همايش ملي بيوتكنولوژي جمهوري اسلامي ايران
كرمان مردادماه ۱۳۸٤

International Center For Science & high Technology and Environmental Sciences

The 4th National Biotechnology congress
Islamic Republic of Iran
Kerman august 2005

ارزيابي تنوع ژنتيكي ژرم پلاسم نخود فرنگي (*Pisum Sativum* L.) به كمك نشانگرهاي SSR

رضا صميمي فرد*[1] ، علي حق نظري [2]، جواد نجفي[2]، محسن مردي[3]، علي اكبر شاه نجات بوشهري[4]**

1. *دانشجوي كارشناسي ارشد دانشگاه آزاد اسلامي واحد كرج*
2. *پژوهشكده فيزيولوژي و بيوتكنولوژي كشاورزي دانشگاه زنجان*
3. *پژوهشكده بيوتكنولوژي كشاورزي كرج*
4. *دانشكده كشاورزي دانشگاه تهران*

چكيده :

براي مطالعه تنوع ژنتيكي در ژرم پلاسم نخود فرنگي (*P. Sativum* L.)، تعداد 61 نمونه ژرم پلاسم با استفاده از 10 جفت آغازگر تكثيركننده جايگاه ريزماهواره مورد بررسي قرار گرفتند. نمونه ها متعلق به 4 كشور آلمان، روسيه، لهستان و ايران بودند. در مجموع 50 آلل در كل جمعيت شناسايي گرديد. بيشترين تعداد آللها در جايگاه PSBLOXB-1 (9 آلل) و بيشترين تنوع ژني (85%) در جايگاه PEACPLHPPS بدست آمد. ميزان اطلاع حاصل از چندشكلي و احتمال همساني، تنوع ژني و تعداد آللهاي بدست آمده نشان داد كه جايگاههاي SSR كه عمدتاً موتيف هاي دي نوكلئوتيدي AT را شامل مي شوند ابزارهاي قدرتمندي براي ارزيابي تنوع ژنتيكي مي باشند. تجزيه خوشه اي و تجزيه به محورهاي اصلي سه كشور آلمان، روسيه و لهستان را در يك گروه و كشور ايران را در گروه جداگانه اي قرار داد. تجزيه واريانس مولكولي نشان داد كه جزء واريانس بين جمعيت ها (5/15%) در مقايسه با جزء واريانس درون جمعيت (94/85%) معني دار نمي باشد.

Diversity analysis of Pea (*Pisum sativum* L.) germplasm using SSR markers

Reza Samimi fard**[1] , Ali Hagh nazari **[2] , Javad Najafy[2], Mohsen Mardi[3] and Ali Akbar Shah Nejat Boushehri[4]

1. Faculty of Agriculture, Azad university of Karaj
2. Research center of Biotechnology and physiology, Zanjan university
3. Agriculture Biotechnology Research Institut of Iran
4. Faculty of Agriculture, Tehran university

Abstract

To discover the genetic diversity of Pea germplasm (*P. Sativum* L.) 61 accessions were analyzed using 10 pairs of microsatellite primers. Accessions originated from four countries i.e. Germany, Russia, Poland and Iran. Totally, 50 alleles were identified in whole population. The maximum number of alleles (9 alleles) obtained from the locus PSBLOXB-1. and the highest amount of gene diversity was obtained from the locus PEACPLHPPS. The amount of polymorphism information. Probability of Identity, gene diversity and number of alleles revealed that SSR loci consisting AT dinucleotiede motifes are powerful tools for asserring Genetic diversity. Cluster and Principal coorrdinate. Analyses located three countries i.e. Germany, Russia and Poland in one group and Iran in a separate group analysis of molechular variance revealed that the inter populations component of variance (5.15%) is lower than the intra population component of variance (94.85%).

مقدمه :

ارزيابي تنوع ژنتيكي در داخل ژرم پلاسم يا ارقام زراعي گونه هاي مختلف توسط محققين زيادي صورت گرفته است (برستين و همكاران، 2001. بارانگر و همكاران، 2004). در نخود فرنگي (*P. Sativum* L.) در سالهاي اخير ارزيابي ها عمدتاً مربوط به مطالعات بيوسيستماتيك در درون جنس Pisum (پوشويج و گرگيا، 2000) با مقايسه نشانگرهاي مولكولي مختلف جهت بررسي تنوع ژنتيكي در اين جنس بوده است.

ريزماهواره ها يا توالي هاي تكراري ساده[1] (SSR) به عنوان نشانگرهاي DNA داراي مزاياي متعددي در مقايسه با نشانگرهاي ديگر از جمله پلي مورفيسم بالا، توارث همبارز و فراواني بالا در ژنوم مي باشند. اين نشانگرها در مقايسه با نشانگرهاي RELP و RAPD داراي تنوع بالا، تكرارپذيري قابل قبول و سهولت در ارزيابي مي باشند (دوين، 1998). شناسايي نشانگرهاي SSR جديد در نخود فرنگي (برستين، 2001) و مزاياي آنها امكان استفاده از اين ابزار قدرتمند را در مطالعه تنوع ژنتيكي سهولت بخشيده است.

مواد و روشها :

مواد گياهي شامل 61 نمونه ژرم پلاسم متعلق به گونه *P. Sativum* جمع آوري شده از 4 كشور ايران (17 نمونه)، روسيه (15)، آلمان (16 نمونه) و لهستان (13) بود. نمونه هاي DNA از برگهاي جوان و به روش تعديل يافته سقاي معروف (1984) استخراج گرديد. توالي 10 جفت آغازگر (PSBLOX13.1، PSGAPA1، PSADH1، PEACPLHPPS، PSRBCS3C، AF016458، AF004843، PSP4OSG، AA430902 و PSBLOX13.2) SSR براساس گزارش برستين و همكاران (2001) تهيه و تكثير و نمايان سازي محصولات PCR براساس روش مذكور توسط صميمي فرد (1383) انجام گرديد. تعداد آللهاي موجود در هر جايگاه شناسايي و محاسبه فراواني هاي آللي، ميزان چندشكلي و اطلاع حاصل از آن (بادل و همكاران، 1996) احتمال همساني (پاتكا و همكاران، 1995) به كمك نرم افزار POPGENE محاسبه گرديد. تجزيه واريانس مولكولي[2] (AMOVA) به كمك نرم افزار MICROSAT، تجزيه به

1. Simple Sequence Repeats
1. Analysis of Molecular Variance

محورهاي اصلي[1] (PCOA) و گروه بندي نمونه ها براساس تجزيه كلاستر روي ماتريس فواصل ژنتيكي به كمك نرم افزار NTSYS انجام شد.

بحث و نتيجه گيري :

در مجموع تعداد 50 آلل در 10 جايگاه ريزماهواره شناسايي شد. بيشترين تعداد آللهاي مشاهده شده در جمعيت كل مربوط به جايگاه PSBLOXB1 با تعداد 9 آلل و كمترين آللهاي مشاهده شده مربوط به جايگاه AF016458 با تعداد 2 آلل بود. به علاوه جايگاههاي PSGAPA1 و PSAOH1 كه در تحقيق برستين و همكاران (2001) بيشترين تعداد آللي را به خود اختصاص دادند. در تحقيق حاضر نيز بيشترين تعداد آللها را در جمعيت كل نشان دادند. بيشترين تعداد آللها در جايگاههايي با موتيف هاي AT بدست آمد. تعداد مكانهاي ژني چندشكل در هر چهار جمعيت 10 و نسبت مكانهاي ژني پلي مورف 100 درصد بدست آمد.

بيشترين تنوع ژني در جمعيت كل مربوط به جايگاه PEACPLHPPS (0/84) و كمترين مقدار آن مربوط به جايگاه AF016458 (0/33) بود. مقدار بالاي تنوع ژنتيكي حاكي از قابليت بالاي جايگاه در تمايز و شناسايي ژنوتيپ ها، تعيين خلوص واريته اي و استفاده در برنامه هاي تلاقي بين گونه اي است.

كمترين احتمال همساني در جمعيت كل مربوط به جايگاه PSRBCS3C (0/035) و بيشترين مقدار آن مربوط به جايگاه AF016458 (0/5) بدست آمد. احتمال همساني كم معياري از پائين بودن احتمال بدست آوردن ژنوتيپ هاي مشابه در جايگاه موردنظر مي باشد.

گروه بندي جمعيت ها براساس ضرايب فاصله ژنتيكي ني (1972) سه جمعيت آلمان، روسيه و لهستان را در يك خوشه و جمعيت ايران را در خوشه اي جداگانه قرار داد. تجزيه به محورهاي اصلي (PCOA) نيز تأييد ديگري بر نتايج حاصل از تجزيه خوشه اي بوده و گروههاي مشابهي نتيجه گرديد.

تجزيه واريانس ملكولي (AMOVA) نشان داد كه ميزان تنوع در بين جمعيت ها (5/15%) در مقايسه با تنوع داخل زيرجمعيت ها (94/85%) معني دار نمي باشد. اين تجزيه نشان داد كه بخش اعظم تنوع كل مولكولي مربوط به تنوع در درون جمعيت ها مي باشد. ريچارد و همكاران (2003) نيز نتيجه مشابهي را از مطالعه هفت جمعيت ذرت بدست آوردند.

بيشترين مقدار تمايز ژنتيكي حاصل از مقايسه جفتي جمعيت ها مربوط به جمعيت هاي ايران و روسيه بوده (F_{st} = 0/88) و در وحله بعد جمعيت هاي ايران و آلمان (F_{st} = 0/55) قرار گرفت. كمترين مقدار تمايز ژنتيكي مربوط به جمعيت هاي آلمان و روسيه (F_{st} = 0/17) بدست آمد.

در نهايت والدين داراي چند شكلي متقابل جهت استفاده در برنامه مكان يابي ژني به همراه بهترين جايگاههاي ريزماهواره انتخاب شدند.

منابع :

1. صميمي فرد، رضا. 1383. پلي مورفيسم ريزماهواره در نخود فرنگي. پايان نامه كارشناسي ارشد، دانشگاه آزاد اسلامي واحد كرج.
2. Baranger,A., G.Aubert, G.Arnau and A.L.Laine. 2004. Genetic diversity within *pisum sativum* using protein and PCR-based markers. Theor Appl Genet. 108:1309-1321.
3. Brustin,J., G.Deniot, J.Potier, C.Weinachter, G.Aubert., and A.Baranger. 2001. Microsatellite polymorphism in *pisum sativum.* Plant Breeding. 120: 311-317.
4. De vienne, D., 1988. Les Marqueurs Molecularies en Genettique et Biotechnologies Vegetales. INRA Editions, Versailles.
5. Posves,Z., and M.Griga. 2000. Utitisation of isozyme polymorphism for cultivar identification of 45 commercial peas (*pisum sativum* L.) Euphytica. 113:251-258.
6. Saghai maroof, M. A., Biyashev, yang, G. P., Zhang. Q., and Allard R. W. 1984. Extraor dinarily polymorphic microsatellite DNA in barely: Species diversity, chromosomal location, population dynamics. Proc Natl. Acad. USA. 91: 5466 -4470.

2. Principal Coordinate analysis

SID

فیلم های آموزشی

سامانه ویراستاری STES

بلاگ مرکز اطلاعات علمی

کارگاه های آموزشی

سرویس ترجمه تخصصی

سرویس های ویژه

کارگاه‌های آموزشی مرکز اطلاعات علمی

آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله

اصول تنظیم قراردادها

مقاله نویسی علوم انسانی