SID

فیلم های آموزشی

عضویت در خبرنامه

بلاگ مرکز اطلاعات علمی

کارگاه های آموزشی

سرویس ترجمه تخصصی

سرویس های ویژه

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی

کارگاه آنلاین آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترفند های جستجو

کارگاه آنلاین روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی

کارگاه آنلاین پرپوزال نویسی و پایان نامه نویسی

Archive of SID

اولین کنگره بین المللی
و سیزدهمین کنگره ملی علوم زراعت و اصلاح نباتات
و سومین همایش علوم وتکنولوژی بذر
1st International and
13th Iranian Crop Science Congress
3rd Iranian Seed science and Technology Conference

تنوع ژنتیکی مبتنی بر نشانگرهای SSR در ارقام تجارتی گندم نان (*Triticum aestivum* L.)

رخساره رحمانی اصل[1]، بابک عبدالهی مندولکانی[2*]، ایرج برنوسی[2]
به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد[1] و دانشیاران[2] گروه اصلاح و بیوتکنولوژی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه
*Email:b.abdollahi@urmia.ac.ir

چکیده

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) به عنوان اولین غله و مهم‌ترین گیاه دنیا شناخته می‌شود و به طور وسیع در الگوی مصرف ۷۵ درصد از جمعیت جهان قراردارد. در این تحقیق تنوع ژنتیکی ۵۰ رقم تجارتی کشور با استفاده از ۲۰ جفت آغازگر SSR بررسی شد. ۱۹ آغازگر در بین ارقام چند شکلی نشان دادند و در مجموع ۵۷ آلل تولید شد. تعداد آلل در هر مکان از ۱ (Xgwm 44) تا ۴ (Xgwm 47) متغیر و میانگین آن ۲/۸ بود. بیشترین مقدار میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار (۰/۶۶) و مشاهده شده (۰/۹۶) و همچنین بیشترین میزان شاخص اطلاعاتی شانون (۱/۰۹) مربوط به مکان‌های Xgwm149 و Xgwm160 بود. تجزیه خوشه‌ای بر اساس ۱۹ مکان SSR، به روش UPGMA و ضرایب تشابه تطابق ساده، ۵۰ رقم را در ۳ گروه اصلی قرارداد. دامنه ضرایب تشابه از ۰/۴۴ تا ۱ متغیر و میانگین آن ۰/۷۲ بود. شباهت ژنتیکی زیاد بین افراد هر گروه نشان می‌دهد که برنامه‌های اصلاحی باعث کاهش دامنه ژنتیکی ارقام تجارتی شده و گسترش پایه ژنتیکی گندم‌های تجارتی کشور ضروری می‌باشد. البته با توجه به فاصله ژنتیکی نسبتا زیاد بین گروه‌ها می‌توان از ارقامی که در گروه‌های مختلف قرار گرفتند بطور بالقوه به عنوان والدین تلاقی در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده نمود.

کلمات کلیدی: گندم نان، نشانگرهای SSR، هتروزیگوسیتی موردانتظار، شاخص اطلاعاتی شانون.

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) بعنوان مهمترین گیاه زراعی در جهان و ایران دارای ژنوتیپ‌های زیادی است که در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار می‌گیرند. تنوع محصولات و کیفیت انباری گندم آن را غذای اصلی بیش از یک سوم مردم جهان ساخته است. منابع ژنتیک گیاهی یکی از ارزشمندترین ذخایر طبیعی هر کشور محسوب می‌شود. ایجاد ارقام گیاهی با عملکرد بالا به منظور دستیابی به امنیت غذایی منوط به دسترسی به این منابع می‌باشد. جمع آوری، حفاظت، شناسایی و استفاده پایدار از این تنوع ژنتیکی برای استفاده در برنامه های به نژادی و یا بیوتکنولوژی گیاهی ضروری است. امروزه از نشانگرهای مولکولی مختلفی جهت بررسی تنوع ژنتیکی در گندم نان و سایر گیاهان استفاده می‌شود که از بین آنها، نشانگرهای SSR به دلیل تنوع زیاد و سهولت تشخیص، خاصیت چند آللی طبیعی، وراثت هم‌بارز، فراوانی نسبی و پوشش وسیع ژنومی، هم‌چنین سهولت آشکار سازی و تشخیص آن‌ها بوسیله PCR کاربرد گسترده‌تری در مطالعات ژنتیک گیاهی و اهداف اصلاحی دارند (۵). Mohammadi و همکاران (۲۰۰۸) به منظور بررسی روابط ژنتیکی ۷۰ لاین و رقم گندم نان از ۴۰ جفت آغازگر SSR استفاده نمودند و در مجموع ۳۹۰ آلل شناسایی شد (۱). در این مطالعه تعداد آلل در مکان‌های SSR از ۳ تا ۱۸ متغیر و میانگین آن ۹/۲۸ آلل در هر مکان بود و گزارش شد که نشانگرهای SSR کارایی بالایی در بررسی چند شکلی ارقام گندم نان دارند. Plaschke و همکاران (۱۹۹۵) از ۲۳ نشانگر SSR برای بررسی تنوع ژنتیکی گندم‌های اروپایی استفاده کردند و گزارش نمودند که تعداد کمی از نشانگرهای SSR قادرند تعداد زیادی ژنوتیپ گندم را از همدیگر متمایز سازند (۳). Akkaya و Buykunal-Bal (۲۰۰۴) با استفاده از ۱۹ نشانگر SSR در ۱۱ رقم گندم نان تعداد ۲-۹ آلل با میانگین ۵/۴۲ آلل به ازای هر مکان را گزارش کردند (۲). Sehgal و همکاران (۲۰۱۲) تنوع ژنتیکی ۲۰ ژنوتیپ گندم را توسط ۳۴ آغازگر SSR مورد ارزیابی قرار دادند و در مجموع ۳۱ آلل در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شناسایی نمودند (۴). اکثر مطالعات مذکور گزارش نمودند که نشانگرهای SSR در مقایسه با نشانگرهای دیگر در ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم نان قابل اطمینان تر

August 24-26,2014
Seed and Plant Improvment Institute Karaj, Iran
۲۴-۶ شهریورماه ۱۳۹۳
موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

www.SID.ir

Archive of SID

و کاراتر می‌باشد. هدف از این تحقیق ارزیابی تنوع ژنتیکی ارقام گندم نان تجارتی کشور با استفاده از نشانگرهای SSR به منظور ارزیابی تاثیر برنامه‌های اصلاحی کشور بر تغییرپذیری ژنتیکی آنها بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل ۵۰ رقم گندم نان شامل آرتا، مرودشت، آریا، شاهپسند، هیرمند، اینیا، کرج۳، نوید، نیک نژاد، پیشگام، مروارید، کاوه، مغان۱، گاسپارد، عدل، رسول، شهریار، مهدوی، شعله، اترک، دریا، چناب، گاسکوژن، گلستان، سرداری، قدس، مغان ۳، سرخ تخم، بهرنگ، سیستان، هامون، Vee/Nak، کویر، سپاهان، اکبری، داراب۲، M17، کرج۲، روشن، آزادی، الموت، دنا، دز، پیشتاز، زرین، شیراز، بیات، بهار، سپاهان، شیرودی، بم، کرج۱ بود که از موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شد. ابتدا ارقام در گلدان های کوچک در پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه ارومیه کشت و DNA ژنومی از نمونه‌های برگی گیاهچه‌های ۸-۹ روزه به روش CTAB تغییر یافته استخراج شد. کیفیت و کمیت DNA استخراجی با استفاده از اسپکتروفتومتری و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد تعیین شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به روش Roder و همکاران (۱۹۹۸) انجام گرفت. محصولات تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۳ درصد تفکیک و رنگ‌آمیزی به روش اتیدیوم بروماید انجام گرفت. امتیاز دهی نشانگرهای SSR به صورت همبارز انجام گرفت. به منظور مقایسه قدرت تمایز آغازگرها پارامترهای تعداد الل‌های مؤثر (Ne)، شاخص اطلاعاتی شانون (I)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) و محتوای اطلاعاتی چندشکلی (PIC) با استفاده از نرم افزار GenAlEx نسخه ۶/۴۱ محاسبه شد. برای گروه‌بندی ارقام، تجزیه کلاستر به روش UPGMA و بر اساس ضریب تشابه تطابق ساده (SM)[1] در نرم افزار NTSYS انجام گرفت.

نتایج و بحث

در این مطالعه تنوع ژنتیکی ۵۰ رقم تجارتی گندم نان کشور با استفاده از ۲۰ جفت آغازگر SSR مورد بررسی قرار گرفت. ۱۹ آغازگر در بین ارقام چندشکلی نشان داده و در مجموع ۵۷ آلل تولید شد. آغازگر Xgwm44 کمترین تعداد آلل (۱) و آغازگر Xgwm47 بیشترین تعداد آلل (۴) را تولید نمود. میانگین تعداد آلل در هر مکان ۲/۸۵ بود. میانگین تعداد آلل‌های موثر در ارقام مورد مطالعه ۱/۹۷ بود که بیشترین و کمترین آن به‌ترتیب مربوط به مکان‌های Xgwm160 (۲/۷) و Xgwm44 (۱) بود (جدول۱). میانگین تعداد آلل هر مکان ریزماهواره، مناسب بودن آن را برای تخمین تنوع ژنتیکی نشان می‌دهد. در این مطالعه بیشترین و کمترین میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار به ترتیب مربوط به آغازگر های Xgwm160 (۰/۶۶) و Xgwm44 (صفر) بود. بیشترین میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده (۰/۹۶) نیز مربوط به مکان Xgwm160 بود. شاخص اطلاعات شانون از صفر (Xgwm44) تا ۱/۰۹ (Xgwm149 و Xgwm44) متغیر بود. بود. مکان Xgwm149 بیشترین مقدار PIC (/۶۷) را دارا بود. بنابراین با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان بیان نمود که مکان‌های Xgwm149 و Xgwm160 دارای قدرت تمایز و تفکیک بهتری بوده و می‌توان از آنها در مطالعه تنوع ژنتیکی سابر کلکسیون‌های گندم نان بهره جست.

[1]Simple Matching

August 24-26,2014
Seed and Plant Improvment Institute Karaj, Iran
۴-۶ شهریورماه ۱۳۹۳
موسسه تحقیقات اصلاح وتهیه نهال و بذر، کرج، ایران
www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۱- خصوصیات مکان‌های SSR در ارقام گندم نان مورد مطالعه

آغازگر	دامنه باندی (bp)	تعداد آلل	Ne	I	Ho	He	PIC
Xgwm 30	۲۰۵- ۱۹۶	۳	۱/۸۶	۰/۷۴	۰/۶۶	۰/۴۶	۰/۴۶
Xgwm 43	۱۸۴- ۱۷۶	۳	۱/۷	۰/۷۳	۰/۴۰	۰/۴۱	۰/۴۱
Xgwm 44	۱۷۸- ۱۷۶	۱	۱	۰	۰	۰	۰
Xgwm 47	۱۸۸-۱۵۰	۴	۲/۲	۱	۰/۲	۰/۵۶	۰/۵۶
Xgwm 52	۱۴۲- ۱۲۸	۳	۲	۰/۷	۰/۰۶	۰/۵	۰/۵
Xgwm 95	۱۲۸- ۱۱۶	۳	۱/۸	۰/۷۳	۰/۶۶	۰/۴۶	۰/۴۶
Xgwm 136	۳۲۱ - ۲۷۸	۳	۱/۷	۰/۷۳	۰/۴	۰/۴	۰/۴
Xgwm 149	۱۶۱ - ۱۵۲	۳	۲/۹	۱/۰۹	۰/۵۸	۰/۶۶	۰/۶۷
Xgwm 153	۱۹۵- ۱۸۴	۳	۲/۰۸	۰/۸۴	۰	۰/۵۲	۰/۵۲
Xgwm 160	۱۹۴ - ۱۸۴	۳	۲/۷۱	۱/۰۴	۰/۹۶	۰/۶۳	۰/۶۳
Xgwm 165	۲۶۱- ۱۸۸	۳	۱/۹۴	۰/۷۷	۰/۶۴	۰/۴۸	۰/۴۹
Xgwm 182	۱۸۷ - ۱۶۳	۳	۲	۰/۷۸	۰/۰۶	۰/۵۰	۰/۵۰
Xgwm 191	۱۳۴ - ۱۰۷	۳	۱/۸۲	۰/۷۰	۰/۶۵	۰/۴۵	۰/۴۵
Xgwm 249	۱۸۰ - ۱۵۰	۳	۲/۵	۰/۹۹	۰/۹۴	۰/۶۰	۰/۶۰
Xgwm 332	۲۹۰ - ۲۱۱	۲	۱/۵۴	۰/۵۳	۰/۳۴	۰/۳۵	۰/۳۵
Xgwm 337	۱۹۱ - ۱۸۲	۳	۱/۹۹	۰/۷۹	۰/۰۴	۰/۴۹	۰/۵۰
Xgwm 408	۱۸۲ - ۱۴۸	۳	۲	۰/۷۹	۰/۰۶	۰/۵۰	۰/۵۰
Xgwm 427	۱۹۵ - ۱۷۶	۳	۱/۹۴	۰/۷۶	۰/۰۶	۰/۴۸	۰/۴۹
Xgwm 469	۱۷۲ - ۱۷۰	۲	۱/۱	۰/۲۷	۰/۱۶	۰/۱۴	۰/۱۴
Xgwm 533	۳۱۶ - ۱۲۰	۳	۲/۳	۰/۹۱	۱	۰/۵۶	۰/۵۷
میانگین		۲/۸	۱/۹۷	۰/۷۵	۰/۳۹	۰/۴۶	۰/۴۶

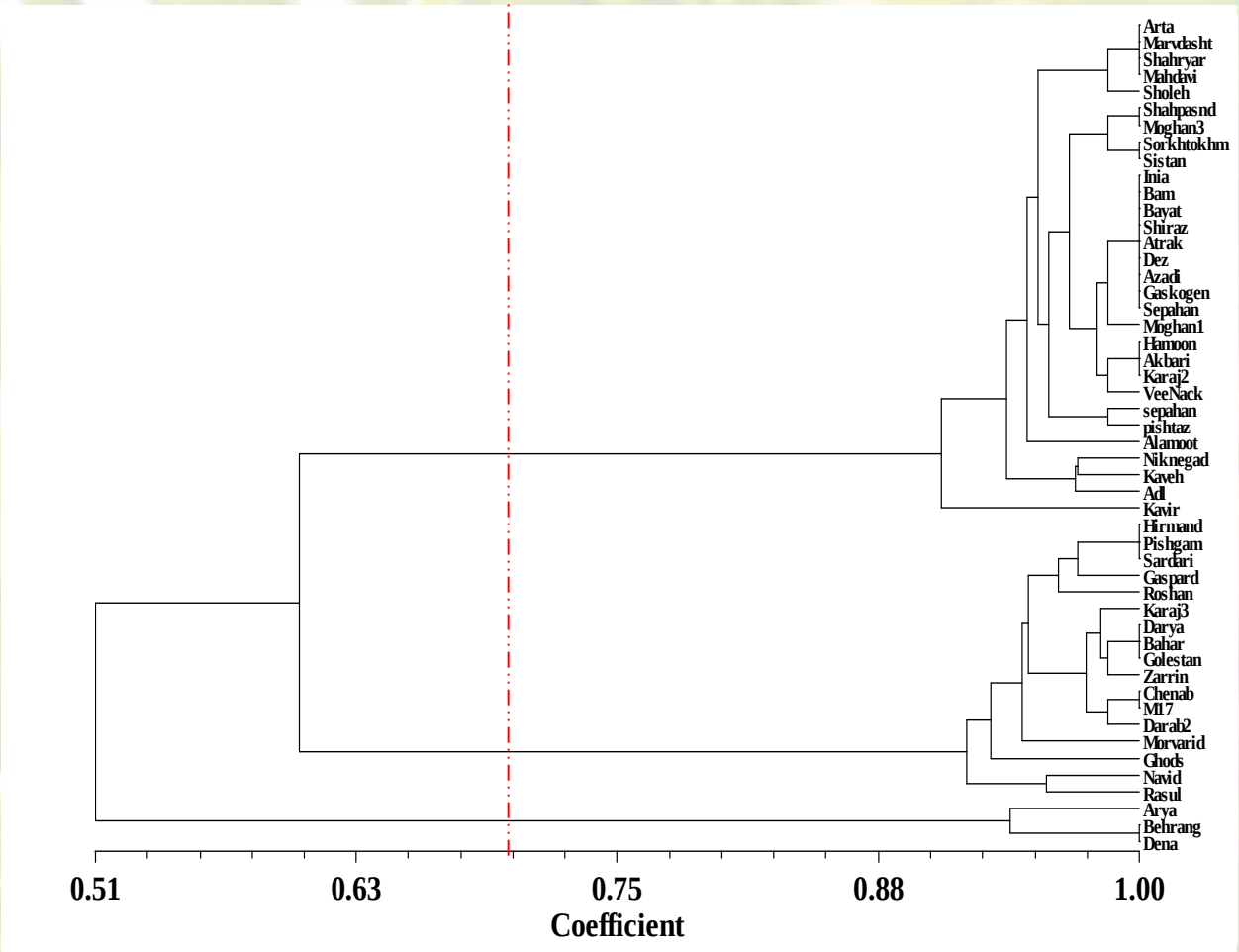
Ne: تعداد الل‌های موثر، I: شاخص اطلاعاتی شانون، Ho: میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده، He: میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار، PIC: محتوای اطلاعاتی چندشکلی

تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و بر اساس ضریب تشابه تطابق ساده ارقام مورد مطالعه را درسه گروه اصلی قرار داد (شکل۱). در کلاستر اول که بزرگترین کلاستر هم محسوب می‌شود ارقام اینیا، بم، بیات، شیراز، اترک، دز، آزادی، کاسگوژن و سپاهان (بیشترین شباهت ژنتیکی معادل ۱) با فاصله ژنتیکی کم در مجاورت هم واقع شدند که احتمالا ناشی از برخی تشابهات در شجره این ارقام باشد. هم‌چنین ارتباط ژنتیکی نزدیکی بین آرتا، مرودشت، شهریار و مهدوی مشاهده شد. دو رقم عدل و دنا کمترین شباهت ژنتیکی (۰/۴۴) را داشتند. شباهت ژنتیکی زیاد بین افراد هر گروه نشان می‌دهد که برنامه‌های اصلاحی باعث کاهش دامنه ژنتیکی ارقام تجارتی شده و گسترش پایه ژنتیکی گندم‌های تجارتی کشور ضروری می‌باشد. البته با توجه به فاصله ژنتیکی نسبتا زیاد بین گروه‌ها

August 24-26,2014
Seed and Plant Improvment Institute Karaj, Iran
۲۴-۲۶ شهریورماه ۱۳۹۳
موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران
www.SID.ir

Archive of SID

می‌توان از ارقامی که در گروه‌های مختلف قرار گرفتند بطور بالقوه به عنوان والدین تلاقی در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده نمود.



شکل ۱- دندروگرام UPGMA مربوط به ۵۰ رقم گندم نان با استفاده از ۲۰مکان SSR بر اساس ضریب تشابه تطابق ساده

منابع

1)Mohammadi, M., Tourchi, M., Jamali Rad, S., KHodarahimi, J., 2008. Assessment of genetic diversity in bread wheat cultivars and lines using SSR markers. Modern Genetics Journal. 3(1): 79-89.

2) Akkaya, M. S., Buykunal-Bal, E. B., 2004. Assessment of genetic variation of bread wheat varieties using microsatellite. Euphytica. 135:179-185.

3) Plaschke, J., Ganaland, M. W., Röder, M. S., 1995. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 91: 1001-1007.

4) Sehgal, S. A. Tahir, R. A., Nawaz, M., 2012. Molecular Characterization of Wheat Genotypes Using SSR Markers INT. J. Bot. 16(2): 119-128.

5) Zhang, X. Y., Li, C. W., Wang, L. F., Wang, H. M., You, G. X. and Dong, Y. S., 2002. An estimation of the minimum number of SSR alleles needed to reveal genetic relationships in wheat varieties. Theor. Appl. Genet. 106: 67-73.

www.SID.ir

Archive of SID

SSR-based assessment of genetic diversity in commercial bread wheat cultivars

R. Rahmani Asl[1], B. Abdollahi Mandulakani[2*], I. Bernousi[2]

[1]MSc Student of Plant Breeding, [2] Associate professor
Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Urmia University

*Email: b.abdollahi@urmia.ac.ir

Abstract

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is known as the first and most important cereal crop in world and widely consumed by 75% of the world populations. In the current investigation, genetic diversity of 50 commercial wheat cultivars were assessed using 20 SSR loci. Out of the primers used, 19 were polymorphic among cultivars and 57 alleles amplified in general. The number of alleles per locus ranged from 1 (Xgwm44) to 4 (Xgwm47), averaging 2.8. The maximum value of expected (0.66) and observed heterozygosity (0.96), as well as the maximum amount of Shannon's information index (1.09) were for SSRs Xgwm149 and Xgwm160. Cluster analysis based on 19 SSR loci, by simple matching similarity coefficient and UPGMA method, grouped 50 cultivars in three major categories. Similarity coefficients ranged from 0.44 to 1 with a mean value of 0.72. High similarity coefficients achieved within each cluster showed that bread wheat breeding programs in Iran have reduced the genetic diversity, making it necessary to extend the genetic base of bread wheat collection. Also, according to the enough genetic distance between groups, cultivars in divergent groups could be potentially used as parents in wheat breeding programs.

Key words: Bread wheat, SSR markers, Expected heterozygosity, Shannon's information index

www.SID.ir

SID

فیلم های آموزشی

عضویت در خبرنامه

بلاگ مرکز اطلاعات علمی

کارگاه های آموزشی

سرویس ترجمه تخصصی

سرویس های ویژه

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی

کارگاه آنلاین آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترفند های جستجو

کارگاه آنلاین
روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی

کارگاه آنلاین
پرپوزال نویسی و پایان نامه نویسی