

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



عضویت در خبرنامه



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



مباحث پیشرفته یادگیری عمیق؛
شبکه های توجه گرافی
(Graph Attention Networks)



کارگاه آنلاین آموزش استفاده از
وب آو ساینس



کارگاه آنلاین مقاله روزمره انگلیسی



شناسایی تنوع ژنتیکی ۱۴۴ ژنوتیپ جو با استفاده از نشانگرهای SSR و EST-SSR و مقایسه کارایی این نشانگرها

نیر عبداللهی سیسی^{۱*}، سید ابوالقاسم محمدی^{۱،۲}، سید سیامک علوی کیا^۱، بهزاد صادق زاده^۳

^۱ دانشگاه تبریز، دانشکده کشاورزی، گروه به نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی

^۲ قطب علمی اصلاح مولکولی غلات، دانشگاه تبریز

^۳ موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور

* نویسنده مسئول: Nayer_bio@yahoo.com

برآورد سطح تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت یک گام ضروری برای حفظ منابع ژنتیکی و توسعه استراتژی های آبی برای برنامه های به نژادی می باشد. در پژوهش حاضر تنوع ژنتیکی ۱۴۴ ژنوتیپ جو شامل ۲۵ لاین اصلاحی و تجاری و ۱۱۹ توده بومی جمع آوری شده از کشورهای مختلف، با استفاده از ۲۵ نشانگر SSR و ۲۱ نشانگر EST-SSR مطالعه شد. ۲۲ نشانگر EST-SSR برای برآورد تنوع ژنتیکی ۱۴۴ ژنوتیپ استفاده گردید که از بین آنها ۲۱ نشانگر الگوری چند شکلی نشان دادند. میانگین تنوع ژنی، میزان اطلاعات چند شکلی (PIC) و فراوانی الی شایع به ترتیب برابر ۰/۵۸، ۰/۵۲ و ۰/۵۳ بدست آمد. طبق آنالیز AMOVA ۸۸٪ واریانس مولکولی کل به درون گروه ها و ۱۲٪ آن در بین گروه ها تبیین گردید. در مجموع ۱۳۴ الی برای ۲۸ نشانگر SSR مورد استفاده شناسایی گردید، متوسط تنوع ژنی، PIC و فراوانی الی شایع به ترتیب ۰/۶۳، ۰/۵۸ و ۰/۴۸ بدست آمد. بر طبق تجزیه واریانس مولکولی ۹۱٪ واریانس کل به درون گروه ها و ۹٪ آن به بین گروه ها منسوب گردید.

واژه های کلیدی: جو، تنوع ژنتیکی، نشانگرهای مولکولی، SSR، EST-SSR

Determination of genetic diversity of 144 barley genotypes using SSR and EST-SSR markers and comparative assessment of these markers

Nayer Abdollahi Sisi^{1*}, Seyed Aboalghasem Mohammadi^{1,2}, Seyed Siamak Alavikia¹, Behzad Sadeghzade³

¹ Tabriz University, Faculty of Agriculture, Department of Plant Breeding and Biotechnology

² Research Center for Cereals Molecular Breeding, Tabriz University

³ Dryland Agricultural Research

* Corresponding author: Nayer_bio@yahoo.com

The estimated level of genetic diversity within and between populations barley is an essential step to maintain genetic resources and develop future strategies for plant breeding. Genetic diversity was investigated in a set of 144 barley genotypes representing 25 cultivars and breeding lines and 119 barley landraces, collected from different countries, using 28 SSR and 21 EST-SSR markers. Twenty-two EST-SSR markers were used to estimate genetic diversity of 144 accessions. Among them 21 eSSR markers gave polymorphic pattern. The average of gene diversity, polymorphism information content (PIC) and major allele frequency were 0.58, 0.52 and 0.53 respectively. According to AMOVA analysis 88% of total variance was assigned to the 'within populations' and 12% of total variance belonged to 'among populations'. A total of 134 alleles were identified for 28 polymorphic SSRs loci. The average of gene diversity, PIC and major allele frequency were 0.63, 0.58 and 0.48 respectively. According to analysis of molecular variance (AMOVA) almost 91% of total variance was assigned to the 'within populations' and 9% of total variance belonging to 'among populations'.

Keywords: Barley, Genetic diversity, Molecular markers, SSR, EST.

SID



سرویس های
ویژه



سرویس ترجمه
تخصصی



کارگاه های
آموزشی



بلاگ
مرکز اطلاعات علمی



عضویت در
خبرنامه



فیلم های
آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



مباحث پیشرفته یادگیری عمیق؛
شبکه های توجه گرافی
(Graph Attention Networks)



کارگاه آنلاین آموزش استفاده از
وب آوساینس



کارگاه آنلاین مقاله روزمره انگلیسی