

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی توده های بومی گشنیز با استفاده از نشانگر مولکولی SCoT

محل انتشار:

هفتمین کنگره ملی زیست شناسی و علوم طبیعی ایران (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 9

نویسندگان:

محمدجواد اعتصامی - دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد

امیرمحمد ناجی - استادیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد

علیرضا رضازاده - استادیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد

خلاصه مقاله:

گشنیز گیاهی معطر با نام علمی *Coriandrum sativum* L. یک ساله و دگرگشن می باشد. یکی از ادویه مهم آشپزی و همچنین یکی از داروهای مهم در طب سنتی مورد استفاده قرار می گیرد. پژوهش حاضر به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی 10 توده بومی گشنیز انجام شد. جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی توده های گشنیز از 10 نشانگر SCoT استفاده شد. تعداد نوارهای مشاهده شده از 5 (SCoT1) تا 27 نوار (SCoT13) متغیر بود. بیشترین (36) و کمترین (30) میزان محتوای اطلاعات چندشکلی مربوط به SCoT36 و SCoT3 بود. بالاترین (8 / 93) مقدار شاخص نشانگر SCoT13 و میانگین قدرت تفکیک نشانگر SCoT در این پژوهش برابر با 21/30 گزارش شد. بیشترین شاخص تنوع ژنی نی (46 / 0) و شانون (72 / 0) مربوط به نشانگر SCoT2 بود. کمترین (1 / 64) و بیشترین (1/3) یکنواختی مربوط به توده های لرستان الف و خراسان جنوبی الف بود. بیشترین تنوع ژنتیکی (34 / 0)، (52 / 0) و درصد چندشکلی (81 / 88 درصد) مربوط به توده لرستان الف و کمترین (16 / 0)، (24 / 0) و (38 / 39) آنها متعلق به توده خراسان جنوبی الف بود. نتایج تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که تنوع بین و درون جمعیت ها به ترتیب 20 و 80 درصد بود. براساس ماتریس تشابه و فاصله بیشترین فاصله به ترتیب مربوط به توده های کرمان و آذربایجان غربی، خراسان جنوبی ب و یزد، گلستان و یزد و کمترین فاصله مربوط به توده های خراسان جنوبی ب و کرمان، گلستان و کرمان، آذربایجان غربی و گلستان بود. تجزیه خوشه ای توده های گشنیز به همراه 50 ژنوتیپ با ترسیم خط برش، توده ها به 3 گروه تقسیم که تجزیه به مولفه های اصلی این گروه بندی را تایید کرد.

کلمات کلیدی:

گشنیز، تنوع ژنتیکی، SCoT، شاخص نشانگر

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1028919>

