

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار ژنوتیپ های مختلف مرکبات با استفاده از آغازگرهای ISSR

محل انتشار:

مجله پژوهش های ژنتیک گیاهی، دوره 7، شماره 2 (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 12

نویسندگان:

ابوذر ابوذری - *Crop and Horticultural Science Research Department, Mazandaran Agricultural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran*

احمد رضا دادرس - *Zanjan Agricultural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO)*

بهروز گلغین - *(Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO)*

یحیی تاجور - *(Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO)*

خلاصه مقاله:

در برنامه های اصلاحی به آگاهی از قرابت و تنوع ژنتیکی موجود در ذخایر ژرم پلاسمی نیاز است. گستردگی کشت و میزان بالای تولید مرکبات بیانگر اهمیت آن در اقتصاد جهانی است. در این تحقیق ۱۱۰ ژنوتیپ مرکبات با استفاده از ۱۲ آغازگر ISSR مورد ارزیابی قرار گرفتند. در مجموع ۱۵۴ نوار چند شکل با میانگین ۸/۱۲ آلل امتیاز دهی شد. درصد چندشکلی از ۵۷ درصد برای آغازگر ISSR۱ تا ۸۲ درصد برای آغازگر ISSR۹ متغیر بود. متوسط محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)، میزان متوسط شاخص نشانگر (MI)، شاخص تنوع ژنی (Nei)، شاخص شانون (H) و تعداد آلل موثر (Ne) به ترتیب 0.48 ± 0.02 ، 1.17 ± 0.14 ، 0.11 ± 0.04 ، 0.61 ± 0.12 و 0.27 ± 0.07 برآورد شد. بر اساس آماره های تنوع ژنتیکی، جمعیت مورد مطالعه تنوع ژنتیکی بالایی داشت و چهار آغازگر، ISSR۱۱، ISSR۹، ISSR۴ و ISSR۵ از پتانسیل بیشتری جهت تمایز ژنوتیپ ها برخوردار بودند. تجزیه خوشه ای و تجزیه ساختار به ترتیب بر اساس روش اتصال همسایگی (NJ) و روش بیزی ژنوتیپ ها را به پنج گروه و چهار زیرجمعیت تقسیم کرد. بر مبنای هر دو تجزیه، قرار گرفتن ژنوتیپ های ناشناخته با ارقام شاهد در یک گروه، فرض زمینه ژنتیکی مشترک بین این ژنوتیپ ها را تقویت نمود. در گروه بندی ژنوتیپ ها، سه گونه حقیقی پوملو (*C. maxima*)، ماندارین (*C. reticulata*) و سیترون (*C. medica*) در گروه های مجزا قرار گرفتند. بر اساس نتایج، علاوه بر سه گونه حقیقی، حداقل یک گونه یا جنس دیگر از خویشاوندان مرکبات در ریخته اثری جمعیت مورد مطالعه سهم داشت. در این تحقیق اگرچه هر دو تجزیه مورد استفاده در تکمیل اطلاعات هم کارآمد بودند، اما با لحاظ نمودن میزان اختلاط ژنتیکی و اطلاعات منشا ژنوتیپ ها، شاید بتوان بر اثربخشی بیشتر تجزیه ساختار مبتنی بر مدل در ارزیابی روابط ژنتیکی دست یافت.

کلمات کلیدی:

ISSR markers, Population structure analysis, Citrus, Phylogenetic relationships, آغازگر ISSR, تجزیه ساختار جمعیت, مرکبات, روابط فیلوژنی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1225941>



