

## عنوان مقاله:

تنوع ژنتیکی فامیل های تلاقی برگشتی حاصل از تلاقی جو زراعی و وحشی با نشانگرهای مولکولی

## محل انتشار:

فصلنامه بیوتکنولوژی کشاورزی، دوره 13، شماره 3 (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 24

## نویسندگان:

فرزانه کرم زاده - دانشگاه صنعتی اصفهان

احمد ارزانی - اصفهان اصفهان - دانشگاه صنعتی اصفهان

سیدعلی محمد میرمحمدی میبیدی - استاد گروه ژنتیک و به نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران

فاطمه ابراهیم - دانشجوی دکترا گروه ژنتیک و به نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران

## خلاصه مقاله:

هدف: تنوع ژنتیکی در گیاهان در طی مدت طولانی اهلی شدن جو زراعی، بویژه پس از استفاده از روش های اصلاحی مدرن و کشت فشرده، به میزان قابل توجهی کاهش یافته و معضل فرسایش ژنتیکی در این گیاه مطرح می باشد. خویشاوندان وحشی جو زراعی دارای مواد ژنتیکی با ارزش برای اصلاح جو هستند. تنوع ژنتیکی گونه های وحشی متعلق به خزانه ژنی اولیه جو در بکارگیری برنامه های اصلاحی جو به خصوص برای تحمل در برابر تنش های زنده و غیر زنده حائز اهمیت بسیاری است. با توجه به قرابت گونه وحشی (*spontaneum L. Hordeum*) با گونه زراعی و عدم اقبال در یافتن ژن های مقاومت در گونه زراعی، اینترگرسیون ژنی راه حلی مناسب برای انتقال ژن های مطلوب است. مواد و روش ها: در این پژوهش تنوع ژنتیکی جمعیت تلاقی برگشتی حاصل از تلاقی بین گونه ای جو زراعی و وحشی با استفاده از نشانگرهای مولکولی که در تسریع انتخاب برای سهم بیشتر والد دوره ای در روند تلاقی برگشتی مفید است، با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره ارزیابی شده است. نتایج: برای بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) در بین ۱۴۲ فامیل حاصل از تلاقی برگشتی، به ترتیب از دو نرم افزار POPGENE و ARIQUIN استفاده شد. میانگین شاخص های Gst و Nm که نشان دهنده میزان تفرق ژنی و جریان ژنی بین گروه ها است به ترتیب معادل ۵۹/۰ و ۳۴/۰ بود، که بیانگر یک تبادل ژنی پایین بین ۹ گروه حاصل از تلاقی برگشتی بوده است. تجزیه واریانس مولکولی گروه ها نشان داد که عمده تنوع ژنتیکی ۵/۸۶ شناسایی شده مربوط به درون گروه ها بوده است. داده های حاصل از تشابه ژنتیکی نی در دامنه ای از ۴۱/۰-۹۲/۰ قرار گرفتند، که با نتایج فاصله ژنتیکی تطابق داشت. تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از نرم افزار STRUCTRE جمعیت را به پنج گروه با تعداد ۴۰، ۲۲، ۲۷، ۲۰ و ۳۵ فامیل برای هر گروه تقسیم کرد. نتیجه گیری: نئی نشانگرهای SSR جهت افزایش کارایی برنامه های انتقال ژن از گونه های خویشاوند جو به منظور اصلاح جو به-ویژه برای تحمل تنش های زنده و غیرزنده دارای پتانسیل ارزشمندی هستند.

## کلمات کلیدی:

تنوع ژنتیکی، جمعیت تلاقی برگشتی، نشانگر مولکولی، نرم افزار استراکچر

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1278614>



