

عنوان مقاله:

شناسائی QTL های موثر در افزایش غلظت و محتوای عنصر روی در دانه جو با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

محل انتشار:

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی، دوره 11، شماره 30 (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

مهدی فیضی - Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran

محمود سلوکی - Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran

بهزاد صادق زاده - Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Maragheh, Iran

براعتلی فاخری - Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran

ابوالقاسم محمدی - Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

خلاصه مقاله:

با توجه به اطلاعات محدود در ارتباط با نواحی کروموزومی مرتبط با تجمع عنصر روی در بذر جو تحقیقی برای مکان یابی QTL های کنترل کننده غلظت و محتوای روی (Zn) روی ۱۲۱ ژنوتیپ جو مشتمل بر ارقام محلی، اصلاح شده و لاین های بومی جو دریافتی از بانک ژن تحت شرایط مزرعه ای انجام گردید. آزمایش در قالب طرح لاتیس مربع با ۲ تکرار در سال های زراعی ۱۳۹۴-۹۵ و ۱۳۹۵-۹۶ در موسسه تحقیقات دیم کشور (ایستگاه مراغه) اجرا شد. جهت ارزیابی ساختار جمعیت و تجزیه ارتباط، از تعداد ۱۴۹ مارکر ریزماهواره استفاده گردید. بر اساس نتایج تجزیه واریانس، بین ژنوتیپ ها برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر اختلاف آماری معنی دار وجود داشت. ضمناً دامنه تغییرات این صفات بسیار زیاد بود که نشانگر وجود تنوع ژنتیکی بسیار خوب بین ژنوتیپ ها می باشد. در ارتباط با صفت غلظت عنصر روی در بذر جو، ۵ عدد QTL روی کروموزوم های H۴، H۳، H۲، و H۵ شناسایی شدند که در مجموع ۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی غلظت روی در بذر را تبیین کردند. در بین این نشانگرها، نشانگر ریزماهواره BMAG۰۷۲۰ بیشترین میزان (۲۵٪) ضریب تبیین واریانس فنوتیپی صفت غلظت روی و همچنین ۲۳ درصد از تغییرات فنوتیپی صفت محتوای روی در بذر را تبیین می کرد. پنج نشانگر ریزماهواره بر روی کروموزم های ۲، ۳ و ۴ با صفت محتوای روی در بذر ارتباط معنی دار نشان دادند. بطور خلاصه می توان گفت که شناسایی QTL های بزرگ اثر برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر جو، سودمندی استفاده از نشانگرهای مولکولی در نقشه-یابی ژنی برای این قبیل صفات را نشان می دهد که از این پتانسیل می توان برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS) در آینده ای نزدیک در برنامه های اصلاح برای بهبود ارزش تغذیه ای جو استفاده کرد.

کلمات کلیدی:

Barley Genotypes, Molecular Markers, QTL Regions, Zinc Uptake and Accumulation Efficiency

ژنوتیپ های جو، کارایی جذب، مکان های ژنی صفات کمی (QTL)، نشانگرهای مولکولی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1284622>



