

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی ارقام برنج ایرانی با استفاده از نشانگرهای IRAP، ISSR، و REMAP

محل انتشار:

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی، دوره 8، شماره 20 (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 11

نویسندگان:

علی اعلمی - University of Guilan

نوش آفرین کرمی - University of Guilan

خلاصه مقاله:

در این مطالعه، تنوع ژنتیکی ۴۰ لاین و رقم بومی و اصلاح شده برنج با استفاده از نشانگرهای IRAP، ISSR، و REMAP مورد ارزیابی قرار گرفت. فرآورده تکثیر برای ۲۰ نشانگر، نوارهای واضح و چندشکلی را بین ژنوتیپ ها نشان داد که در مجموع ۳۰۹ نوار با میانگین چندشکلی ۰۳/۸۸ درصد تولید شد. میانگین تنوع ژنی، شاخص شانون و محتوای اطلاعات چندشکلی به ترتیب ۰/۳۹، ۰/۵۷ و ۰/۳۵ بود. آغازگرهای UBC۸۱۱ و UBC۸۱۳ به ترتیب بالاترین شاخص های تنوع ژنتیکی را با مقادیر ۰/۶۵ و ۰/۶۴ نشان دادند. به منظور تعیین کارایی نشانگرها در بروز چندشکلی، شاخص نشانگری (MI) و نسبت چندگانه موثر (EMR) محاسبه شد که بر این اساس نشانگرهای ترکیبی TOS۲+UBC۸۱۱ و TOS۲+UBC۸۲۶ به ترتیب با بیشترین مقدار MI و EMR از کارایی بهتری برخوردار بودند. دندروگرام با استفاده از روش UPGMA ژنوتیپ ها را به ۶ گروه تقسیم کرد که بیشتر ارقام بومی مانند هاشمی، علی کاظمی و حسن سرابی در گروه دوم و ارقام اصلاح شده همچون خزر، کادوس و گوهر بیشتر در گروه سوم قرار گرفتند. همچنین نتایج نشان داد نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون همچون REMAP از توانایی خوبی جهت نشان دادن تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما برنج برخوردارند و می توانند برای مطالعات ژنتیکی و اصلاحی برنج مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی:

Cluster analysis, Molecular markers, Retro transposon, Rice تجزیه خوشه ای، نشانگرهای مولکولی، رتروترانسپوزون

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1284822>

