

## عنوان مقاله:

ارزیابی ساختار و تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ های رایج گندم در ایران با استفاده از نشانگرهای مولکولی ITAP

## محل انتشار:

هفدهمین کنگره ملی و سومین کنگره بین المللی علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

## نویسندگان:

روژین نصرتی فر - دانش آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

هدیه بدخشان - استادیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

ابراهیم روحی - عضو هیات علمی مرکز تحقیقات کشاورزی کردستان، سنندج

## خلاصه مقاله:

در این مطالعه، تنوع ژنتیکی در بین ۶۷ رقم بومی و اصلاح شده گندم نان رایج در ایران و هم چنین، سه رقم گندم دوروم با استفاده ۲۰ آغازگر ITAP بررسی شد. از مجموع ۳۲۶ امپلیکون تکثیر شده ۲۹۱ امپلیکون، چند شکل بودند. میزان درصد چند شکلی آغازگرها از ۷۰/۵۹ تا ۱۰۰ درصد متغیر بودند. متوسط شاخص های تنوع ژنتیکی شانون، هنتروزیگوتی مورد انتظار اطلاعات چند شکلی، تعداد آلل های متفاوت و تعداد آلل های موثر به ترتیب برابر با ۰/۴۶۲، ۰/۳۱۰، ۰/۲۴۷، ۱/۸۹۸ و ۱/۵۳۵ برآورد شدند. تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از روش بیزین و داده های ITAP انجام و بر این اساس، جمعیت به شش زیرجمعیت تقسیم بندی شد. این زیر جمعیت ها با توجه به منطقه جغرافیایی، تیپ رشدی و والدین مشترک از هم تفکیک شدند. زیر جمعیت های اول تا ششم به ترتیب ۹۰، ۳۱/۲۵، ۳۰/۷۶، ۲۳/۰۷ و ۱۴/۲۸ درصد ژنوتیپ ها با شجره ژنتیکی مطابقت داشتند و دارای یک یا دو والد مشترک بودند. نتایج نشان داد که نشانگر ITAP در شناسایی تنوع ژنتیکی جمعیت های گندم بهطور کارآمد و موثر عمل می کند.

## کلمات کلیدی:

تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت، گندم، ITAP

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1419077>

