

عنوان مقاله:

گونگونی ژنتیکی و ساختار جمعیتی در توده های بن سرخ (*Allium jesdianum*) غرب کشور با استفاده از نشانگرهای ISSR

محل انتشار:

زیست فناوری گیاهان دارویی، دوره 4، شماره 1 (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 15

نویسندگان:

آرمان سلیمی - دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا، همدان

علی عزیزی - استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا، همدان.

منصوره توان - دانشجوی دکتری، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا، همدان

زهره کریمی - دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا، همدان

خلاصه مقاله:

در مطالعه حاضر هفت جمعیت بومی گیاه بن سرخ (مجموعاً ۷۰ نمونه) از سه استان غرب ایران مورد مطالعه قرار گرفت. از نشانگرهای مولکولی ISSR جهت تعیین میزان تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت بن سرخ استفاده شد. از تعداد ۱۴ آغازگر بکار برده شده در این مطالعه ۹۴ باند با وضوح بالا بدست آمد (با میانگین ۶.۷ باند برای هر آغازگر) که از آنها ۸۴ باند (۹۱.۴٪) چند شکل بودند. تجزیه خوشه ای بر پایه ماتریس تشابه ژنتیکی جاکارد و با روش UPGMA، نمونه های بن سرخ را به ۸ گروه تقسیم نمود. تجزیه به مختصات اصلی (PCOA) نتایج تجزیه خوشه ای را تا حد زیادی تایید نمود. مقدار تشابه ژنتیکی نمونه ها در دامنه ای از صفر تا ۰.۷۵ بدست آمد. بیشترین شباهت ژنتیکی (۰.۷۵) مربوط به دو نمونه از جمعیت سقز و کمترین (صفر) متعلق به یک نمونه از جمعیت اراک با دو نمونه از جمعیت مهاباد مشاهده شد. در بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت ها با استفاده از نرم افزار STRUCTURE جمعیت ها به چهار زیرجمعیت تقسیم شدند. آغازگر IS۵ با شاخص نشانگری MI ۲.۴۱، آغازگر IS۲۴ با قدرت تفکیک Rp ۶.۴۹ و آغازگر IS۲۰ با میانگین اطلاعات چند شکل ۰.۳۶ PIC به عنوان آغازگرهای برتر در این مطالعه شناخته شدند. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که استفاده از نشانگر ISSR یک روش کارآمد و قدرتمند مولکولی در پیمایش تنوع ژنتیکی گیاه بن سرخ می باشد. یافته های این پژوهش می تواند در برنامه های به نژادی بن سرخ در آینده به ویژه روش های مبتنی بر تلاقی استفاده شود.

کلمات کلیدی:

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1821333>

