

عنوان مقاله:

تجزیه واریانس مولکولی گل محمدی ایران براساس منشاء جغرافیایی

محل انتشار:

سومین همایش ملی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران (گیاهی، دامی و صنعتی) (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 3

نویسندگان:

محمد رضا رئیس نافی - دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی

مجید طالبی - عضو هیات علمی دانشگاه صنعتی اصفهان

حسین زینلی - عضو هیات علمی مرکز تحقیقات کشاورزی استان اصفهان

خلاصه مقاله:

گل محمدی از مهمترین رزهای دنیای قدیم و گیاهان معطر است که زادگاه آن فلات ایران می باشد. با توجه به تنوع فراوان صفات مورفولوژیکی در بین توده های بومی گل محمدی بررسی تنوع ژنتیکی این ژنوتیپ ها می تواند در حفظ ذخایر ژرم پلاسما این گیاه و کمک به برنامه های اصلاحی موثر باشد. بدین منظور تعداد 44 ژنوتیپ گل محمدی از نواحی مختلف کشور جمع آوری شد و بر اساس منشأ جغرافیایی به هفت گروه اصلی تقسیم بندی شدند، سپس با استفاده از الگوهای باندی حاصل از نشانگر مولکولی SRAP و به کمک نرم افزار های POPGENE Ver 3.2 و Arlequin Ver 3.1 تجزیه واریانس مولکولی انجام شد. نتایج نشان داد که 90/58 درصد از تنوع موجود در درون جمعیت ها و 9/42 درصد از تنوع در بین جمعیت ها وجود دارد که نشان از تنوع ژنتیکی بالا و ذخیره ژرم پلاسمی مناسب درون ژنوتیپ های هر منطقه می باشد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین گروه های جنوب و شمال غربی و معادل 0/23 و کمترین فاصله ژنتیکی بین گروه های مرکز و غرب و برابر 0/084 بدست آمد. این نتیجه مشابه با نتایج کیانی همکاران در سال 2008 میباشد. همچنین مقدار بسامد آلی Fst و جریان ژنی Nm به ترتیب برابر 0/094 و 1/181 محاسبه شد. به طور کلی نتایج نشان دهنده تمایز ژنتیکی متوسط بین جمعیت ها بود و نشان داد که جریان ژنی بین جمعیت ها وجود دارد ولی این جریان به میزانی نیست که منجر به همگن شدن جمعیت ها شده باشد.

کلمات کلیدی:

گل محمدی، تنوع ژنتیکی، SRAP، واریانس مولکولی، منشأ جغرافیایی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/204444>

