

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی اکوتیپ های شیرین بیان (*Glycyrrhiza glabra*) استان های آذربایجان شرقی و غربی با استفاده از مارکر مولکولی (RAPD)

محل انتشار:

دومین همایش ملی گیاهان دارویی و کشاورزی پایدار (سال: 1393)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

محمود قراویری - دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی واحد دامغان

مجید معصومیان - عضو هیئت علمی سازمان پژوهشهای علمی و صنعتی ایران، تهران

جعفر مسعود سینکی - عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد دامغان

خلاصه مقاله:

تنوع ژنتیکی و ارزیابی ارقام مطرح شیرین بیان (*Glycyrrhiza Glabra*) در سطح مولکولی با استفاده از نشانگر ریپید انجام شد. به منظور استخراج دی ان ای از روش تغییر یافته B.Winnepennickx استفاده شد و در گام بعد 3 اکوتیپ با 3 آغازگر مورد بررسی قرار گرفتند. از 3 آغازگر مورد بررسی روی دی ان ای ژنومی 47 باند تولید شد که 38 باند پلی مورفیسم داشتند. آغازگر OPN-05 کمترین باند و آغازگر OPN-08 بیشترین باند را تولید کردند. اندازه قطعات دی ان ای تولید شده بین 250 جفت باز تا 3500 جفت باز بود. باندهای تولید شده برای آنالیزهای استاتیک مورد استفاده قرار گرفتند. برای رسم درخت فیلوژنیک از نرم افزار PopGen32 و Spss16 استفاده شد. بیشترین تشابه ژنتیکی بین اکوتیپ های مرند و خروانق 0/789 و کمترین تشابه ژنتیکی بین اکوتیپ های مرند و ارومیه 0/333 می باشد و ضریب ک.فنتیک بین دندروگرم و ماتریش تشابه 0/75 به دست آمد که نشان دهنده برازش مناسب دندروگرام به ماتریش تشابه بوده است. نتایج به دست آمده نشان داد که نشانگر مولکولی ریپید ابزاری سودمند برای بررسی پراکندگی ژنتیکی و ارتباطات خانوادگی بین اکوتیپ های شیرین بیان است.

کلمات کلیدی:

شیرین بیان، مارکر مولکولی، تنوع ژنتیکی، ریپید، درخت فیلوژنی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/306236>

