

عنوان مقاله:

تنوع ژنتیکی جدایه های *Paecilomyces formosus* با استفاده از ریزماهواره های شناسایی شده از ژنوم *Byssoschlamys spectabilis*

محل انتشار:

اولین کنفرانس بین المللی یافته های نوین در بیوتکنولوژی (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

فاطمه رستمی - دانشجوی دکتری بیماری شناسی گیاهی دانشگاه زابل

سید کاظم صباغ - دانشیار گروه گیاه پزشکی دانشگاه زابل

ناصر پنجه که - دانشیار گروه گیاه پزشکی دانشگاه زابل

مهدی پیرنیا - استادیار گروه گیاه پزشکی دانشگاه زابل

خلاصه مقاله:

توالی های ریزماهواره (SSR)، نشانگرهای مولکولی مهمی برای طیف گسترده ای از برنامه های کاربردی مانند نقشه برداری ژنوم، شناسایی و تنوع ژنتیکی می باشند. با افزایش در دسترس بودن اطلاعات توالی ژنوم، امکان استفاده ی بیشتر و بهتر از نشانگر SSR فراهم گردیده است. در این پژوهش ژنتیکی، جدایه های قارچ *Paecilomyces formosus* متعلق به دو استان با استفاده از نشانگر ریز ماهواره مورد بررسی قرار گرفت. نمونه برداری به صورت تصادفی از 11 منطقه استان های یزد و خراسان رضوی انجام گرفت و در نهایت تعداد 50 جدایه برای مطالعات بعدی مورد استفاده قرار گرفت. از الگوی توالی پیش فرض ژنوم *Byssoschlamys spectabilis* No.5 برای تعیین توالی ریزماهواره ها با استفاده از نرم افزار Primer3 استفاده و در نهایت آغازگرها بر اساس نواحی کناری ریزماهواره ها طراحی شدند. از تعداد 20 آغازگر طراحی شده، تعداد 5 آغازگر با توانایی تکثیر قطعه مورد نظر انتخاب گردید. مطالعه تنوع ژنتیکی جدایه ها با استفاده از نشانگر SSR، درجه بالایی از چند شکلی را در جدایه های مورد مطالعه نشان داد. تعیین تشابه جدایه با استفاده از ضریب شباهت جاکارد و روش الگوریتم UPGMA انجام شد. کل جدایه ها طبق ضریب تشابه جاکارد (86 درصد) در 6 گروه ژنوتیپی طبقه بندی شدند. نتایج نشان داد که آغازگر PVar15 نسبت به بقیه آغازگرها تنوع ژنی بالاتری داشته و از نظر تنوع ژنتیکی جدایه های منطقه سبزوار تفاوت معنی داری را نشان دادند.

کلمات کلیدی:

چند شکلی، SSR، جاکارد، آنالیز خوشه ای

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/632986>

