

عنوان مقاله:

بررسی ساختار ژنتیکی خانواده های ناتنی یونجه با استفاده از نشانگرهای ایزوزیمی

محل انتشار:

مجله تولید گیاهان زراعی، دوره 9، شماره 4 (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

وحید نصرالله زاداصل - پیام نور

حسین محمدزاده جلالی - پژوهشگر مرکز بیوتکنولوژی شمالغرب و غرب کشور

مهری یوسفی - دانشگاه تبریز

مصطفی ولیزاده - گروه به نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

خلاصه مقاله:

سابقه و هدف: یونجه با دارا بودن ساختار ژنتیکی $(x4=n2=32)$ اتوتتراپلوئیدی و دگرگشتی، تنوع ژنتیکی بالای دارد. در واقع تنوع ژنتیکی پیش نیاز گزینش در برنامه های به نژادی برای بهبود صفات، تولید ارقام جدید و سازگار می باشد. نشانگرهای آنزیمی نشان دهنده این هستند که می توان از الگوی وراثت تتراسومیکی برای آنالیز تنوع ژنتیکی استفاده کرد. هدف از این پژوهش تعیین میزان تنوع ژنتیکی و گروه بندی جمعیت های یونجه مورد مطالعه براساس وجود و عدم وجود نوار آنزیمی است. مواد و روش ها: در این پژوهش تنوع ژنتیکی 12 خانواده ناتنی یونجه با استفاده از الکتروفورز آنزیمی مورد مطالعه قرار گرفت. تعداد 35 بوته از هر خانواده در گلدان های مجزا در ایستگاه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز کشت شدند و مورد تجزیه آنزیمی (روبیسکو، سوپراکسید دیسموتاز، استراز و پراکسیداز) قرار گرفتند. یافته ها: از نظر نشانگرهای آنزیمی، آنزیم های سوپراکسید دیسموتاز و روبیسکو هر کدام یک نوار تک شکل در همه خانواده ها نشان دادند و آنزیم استراز و پراکسیداز در دو ناحیه واجد نوارهای چند شکل بودند. داده های به دست آمده بر اساس وجود و عدم وجود نوار آنزیمی (1و0) در 11 نوار ایزوزیمی چند شکل مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. تفسیر ایزوزیمی حاکی از تنوع بالای درون خانواده ها و پایین بودن بین خانواده ها بود. میزان متوسط هتروزیگوسی 289/0 برآورد شد. فاصله ژنتیکی نی در تفسیر ایزوزیمی کم و بین 248/0 تا 373/0 بود. تجزیه خوشه ای بر اساس ضریب شباهت ژاکارد و به روش UPGMA خانواده ها را به دو گروه تقسیم نمود به طوری که 11 خانواده ناتنی یونجه در یک گروه و تنها خانواده ناتنی چالشته در گروه دیگر قرار گرفت. نتیجه گیری: به نظر می رسد که می توان در صورت تایید پایداری نشانگرهای ایزوزیمی مورد مطالعه، از آن ها در تحقیقات آینده برای استفاده در برنامه های اصلاحی یونجه استفاده کرد. یافته ها: از نظر نشانگرهای آنزیمی، آنزیم های سوپراکسید دیسموتاز و روبیسکو هر کدام یک نوار تک شکل در همه خانواده ها نشان دادند و آنزیم استراز و پراکسیداز در دو ناحیه واجد نوارهای چند شکل بودند. داده های به دست آمده بر اساس وجود و عدم وجود نوار آنزیمی (1و0) در 11 نوار ایزوزیمی چند شکل مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. تفسیر ایزوزیمی حاکی از تنوع بالای درون خانواده ها و پایین بودن بین خانواده ها بود. میزان متوسط هتروزیگوسی 289/0 برآورد شد. فاصله ژنتیکی نی در تفسیر ایزوزیمی کم و بین 248/0 تا 373/0 بود. تجزیه خوشه ای بر اساس ضریب شباهت ژاکارد و به روش UPGMA خانواده ها را به دو گروه تقسیم نمود به طوری که 11 خانواده ناتنی یونجه در یک گروه و تنها خانواده ناتنی چالشته در گروه دیگر قرار گرفت. نتیجه گیری: به نظر می رسد که می توان در صورت تایید پایداری نشانگرهای ایزوزیمی مورد مطالعه، از آن ها در تحقیقات آینده برای استفاده در برنامه های اصلاحی یونجه استفاده کرد.

کلمات کلیدی:

بررسی اکوتیپهای یونجه زراعی با استفاده از نشانگرهای ایزوزیمی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

