



بررسی تنوع ژنتیکی در بعضی از اکسشن های آویشن با استفاده از نشانگر RAPD

مرضیه دلیر^{۱*}، عباس صفرنژاد^۲

۱- ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و عضو هیأت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، مشهد...

*مرضیه دلیر، dalir.m.bio@gmail.com

چکیده

آویشن گیاهی از خانواده نعنا (*Labiata*) است که در ایران به نام های گوناگون مثل آذربه و آوشه شناخته می شود. هدف از این تحقیق بررسی کارایی مارکر ریپد در تنوع ژنتیکی بین ۱۳ نمونه آویشن (*Thymus*) می باشد. به این منظور از برگ های جوان DNA ژنومی استخراج و واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) با استفاده از ۹ آغازگر RAPD بر روی DNA ژنومی توده های مورد مطالعه انجام گردید و ۱۴۹ نوار بانندی تولید نمود که ۱۲۴ تا از باندها (۸۳/۲۲٪) چندشکلی نشان دادند. نوارهای بانندی بر اساس وجود (۱) یا عدم وجود باند (۰) کدگذاری و ماتریس تشابه توده ها با استفاده از نرم افزار Pop gen 3.2 محاسبه شد و بر اساس آن تجزیه خوشه ای به روش UPGMA انجام و دندروگرام آن ترسیم گردید. بیشترین شباهت بین نمونه های ۵ و ۳ در سطح ۷۷٪ مشاهده شد در حالیکه نمونه های ۸ و ۱ در دورترین فاصله ژنتیکی (۶۹٪) نسبت به هم قرار داشتند. به طور کلی نتایج این مطالعه وجود تنوع ژنتیکی بالایی را در بین نمونه های مورد بررسی نشان داد. بنابراین به نظر می رسد این نشانگر مولکولی را می توان به عنوان ابزار مفید در بررسی روابط خویشاوندی و فاصله ژنتیکی نمونه های مختلف آویشن مورد استفاده قرار داد.

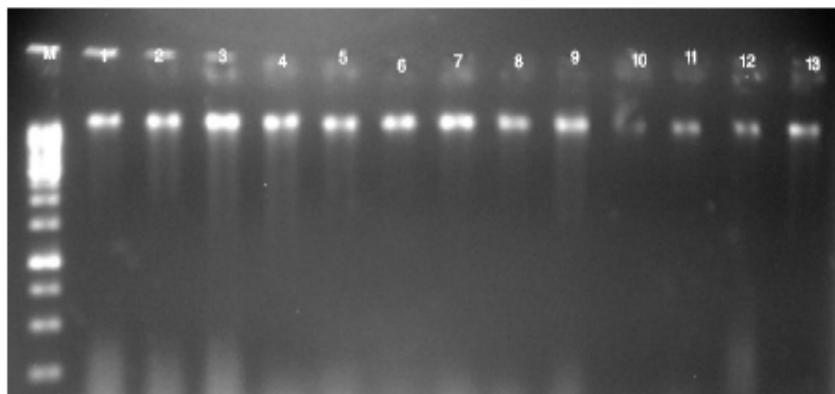
واژگان کلیدی: آویشن، تنوع ژنتیکی، RAPD، *Thymus*

مقدمه

آویشن گیاهی از خانواده نعنا (*Labiata*) است که در ایران به نام های گوناگون مثل آذربه و آوشه شناخته می شود (مظفریان، ۱۳۷۵). با توجه به اهمیت این گیاه لزوم تحقیقات گسترده و پیاپی در جهت شناسایی به ویژه از نظر ژنتیکی و اصلاحی احساس می شود. از آنجا که شناسایی و به کارگیری ریخته های ارثی متفاوت در اصلاح یک گیاه دارای اهمیت ویژه ای است می توان با برخورداری از توان توصیف ژنتیکی ارقام، ضمن حفظ خلوص ژنتیکی، ریخته های ارثی را به صورت دقیق شناسایی و روابط ژنتیکی را به نحو قابل توجهی برآورد کرد. همچنین با دانستن روابط ژنتیکی بین ارقام می توان از اطلاعات رده بندی به عنوان راهنمایی برای بهره گیری بهتر از منابع ژنتیکی در استفاده از آن ها در تلاقی ها و جداسازی ژن های مفید استفاده کرد (فارسی، ۱۳۸۲). هدف از این تحقیق بررسی کارایی مارکر ریپد در تنوع ژنتیکی بین ۱۳ نمونه آویشن (*Thymus*) می باشد.

مواد و روش ها

در این مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۳ نمونه مختلف آویشن (*Thymus*) با استفاده از نشانگر مولکولی ریپید بررسی شد. به این منظور از برگ های جوان DNA ژنومی استخراج و واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) با استفاده از ۹ آغازگر RAPD بر روی DNA ژنومی توده های مورد مطالعه انجام گردید و ۱۴۹ نوار بانندی تولید نمود که ۱۲۴ تا از باندها (۸۳/۲۲٪) چندشکلی نشان دادند. نوارهای بانندی بر اساس وجود (۱) یا عدم وجود باند (۰) کدگذاری و ماتریس تشابه توده ها با استفاده از نرم افزار Pop gen 3.2 محاسبه شد (جدول ۱) و بر اساس آن تجزیه خوشه ای به روش UPGMA انجام و دندروگرام آن ترسیم گردید.

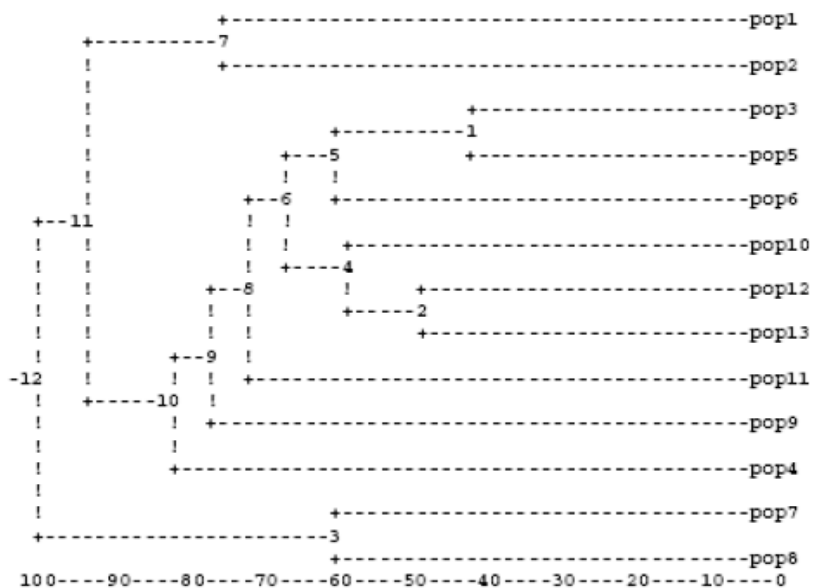


شکل ۱- DNA استخراج شده از نمونه های آویشن با روش CTAB گیاهان دارویی تغییر یافته روی ژل آگارز ۱٪

(M نشان دهنده مارکروزی می باشد)

نتایج و بحث

در دندروگرام حاصل توده های مورد مطالعه در ۲ گروه اصلی طبقه بندی شدند. بیشترین شباهت بین نمونه های ۵ و ۳ در سطح ۷۷٪ مشاهده شد در حالیکه نمونه های ۸ و ۱ در دورترین فاصله ژنتیکی (۶۹٪) نسبت به هم قرار داشتند. به طور کلی نتایج این مطالعه وجود تنوع ژنتیکی بالایی را در بین نمونه های مورد بررسی نشان داد. بنابراین به نظر می رسد این نشانگر مولکولی را می توان به عنوان ابزار مفید در بررسی روابط خویشاوندی و فاصله ژنتیکی نمونه های مختلف آویشن مورد استفاده قرار داد.



شکل ۲- دندروگرام بدست آمده از روش UPGMA برای ۱۳ نمونه آویشن با استفاده از نشانگر RAPD

نتیجه گیری کلی

نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای داده‌های مولکولی نشان داد که نمونه‌های ۱ و ۸ بیشترین فاصله ژنتیکی را دارند که می‌توان از آن‌ها برای تلاقی و هتروزیس بهره گرفت.

منابع

- فارسی م و ج. ذوالعلی. ۱۳۸۲. اصول بیوتکنولوژی گیاهی (ترجمه). انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد، چاپ دوم. ۴۹۵ صفحه.

- مظفریان و. ۱۳۷۵. فرهنگ نام‌های گیاهان ایران، نشر فرهنگ معاصر.



Assessment of relationship between accessions of *Thymus* using RAPD marker

Dalir, M. & Safarnejad, A.

MS student and Faculty member of Razavi Khorasan Agricultural and Natural Resources Research Center. PO. Box. 91735-1148, Mashhad, Iran.

Abstract

Thyme (*Thymus spp.*) is from labiate family that called Azarbe and Aveshe in Iran. Genetic diversity of 13 accessions of *Thymus spp.* evaluated using random amplified polymorphic DNA (RAPD) data. Total genomic DNA was extracted from young leaves of plants and polymerase chain reaction (PCR) was performed using 9 RAPD primers and produced a total of 149 bands, with 124 polymorphic bands (83/22%) between single plants of the investigated accessions. RAPD products were scored for presence (1) or absence (0) of each applicant evaluated using Binary method and subsequently genetic similarity was calculated and cluster analysis was carried out according to UPGMA algorithm using Pop gen3.2 software. Maximum similarity was observed between accessions of 5 and 3 with 77% similarity and maximum difference was observed between accessions of 8 and 1 (69%).

Results showed an abundant level of genetic diversity among investigated accessions. The results also indicated that RAPD approach seemed to be best-suited for assessing genetic diversity among *Thymus* accessions with high accuracy

Keywords: *Thymus*, genetic variation, RAPD