

## ارتباط دو گروه وزنی دانه در تعیین مراکز تنوع لوبیا از طریق پروتئین‌های ذخیره‌ای با استفاده از پارامترهای ژنتیکی

اکبر مرزوقیان (۱)، مصطفی ولیزاده (۲)، محمد مقدم (۲)، محمد حسن کوشکی (۳)

۱- دانشجوی دکتری گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز ۲- گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز ۳- ایستگاه تحقیقات کشاورزی شهرستان بروجرد

ارتباط بین گروه‌های وزنی که از مهم‌ترین عوامل در شناسایی مراکز تنوع در لوبیا (*Phaseolus vulgaris* L.) می‌باشد، از طریق پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر ۷۰ ژنوتیپ لوبیای معمولی ارزیابی شد. نمونه‌های پروتئینی توسط روش استخراج ۰/۲ مولار (NaCl) تهیه گردیدند. ژنوتیپ‌ها از نظر هر یک از نوارها به دو گروه واجد و فاقد نوار تقسیم شدند. در بررسی طیف پروتئین‌های ذخیره‌ای محلول در نمک، نتایج حاصله از آماره ژنتیکی  $G_{ST}$  نشان داد که از بین باندهای الکتروفورزی، باندهای با حرکت نسبی ۳۰، ۳۲، ۳۸ و ۴۰ بیش‌ترین تاثیر را در تمایز دو گروه وزنی داشتند. نتایج این پژوهش می‌تواند در مطالعات بررسی تنوع ژنتیکی مورد استفاده محققین قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: پروتئین‌های ذخیره‌ای، تنوع ژنتیکی، گروه‌های وزنی، لوبیای معمولی، مراکز تنوع، Common bean.

### مقدمه:

تنوع در لوبیا از نظر وزنی به این صورت است: دانه‌های درشت (بیشتر از ۴۰ گرم به ازای وزن صد دانه) مربوط به مرکز تنوع آند و دانه ریز (کمتر از ۲۵ گرم به ازای وزن صد دانه) و دانه متوسط (۲۵ تا ۴۰ گرم به ازای وزن صد دانه) مربوط به مرکز تنوع آمریکای مرکزی است (شری و سینگ ۲۰۰۱). یکی از علل ارتباط دو خزانه ژنی (آند و آمریکای مرکزی)، به لحاظ اندازه دانه (کوچک در مقابل بزرگ) پروتئین‌های بذری فازنولین گزارش شده است (پیرا و همکاران ۲۰۰۹). این پژوهش به منظور بررسی ارتباط بین گروه‌های وزنی لوبیا از طریق پروتئین‌های ذخیره‌ای طراحی و اجرا گردید.

### مواد و روش‌ها:

در این پژوهش تعداد ۶۶ ژنوتیپ لوبیا بصورت تصادفی از ۲۱۵ ژنوتیپ ارسالی از ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی خمین و بروجرد به همراه ارقام تلاش، خمین، صیاد و دانشکده مورد مطالعه قرار گرفت (داده‌ها نشان داده نشده است). برای استخراج پروتئین‌های ذخیره‌ای محلول در نمک (0.2 M NaCl) در بذر، روش کروچکو و بیولی (۲۰۰۰) استفاده گردید. الکتروفورز در ژل‌های ۱۰٪ عمودی با ۲۰ میکرولیتر بارگذاری انجام شد. هر نوار بر حسب حرکت نسبی<sup>۱</sup> (RM) نامگذاری شد. در ارزیابی کیفی بسته به حضور یا عدم حضور پروتئین در یک مکان خاص کدهای یک و صفر به آنها اختصاص داده شد. ژنوتیپ‌ها بر اساس وزن صد دانه به دو گروه با وزن صد دانه کم‌تر از ۴۰ گرم و بیش‌تر از ۴۰ گرم گروه‌بندی شدند. برای آزمون پارامتر ژنتیکی  $G_{ST}$  از آماره  $\chi^2$  ورکمن و نیسوندر (۱۹۷۰) در سطح احتمال ۱٪ استفاده گردید. برای تجزیه و تحلیل‌های آماری از نرم‌افزارهای Excel، SPSS و POPGENE استفاده گردید.

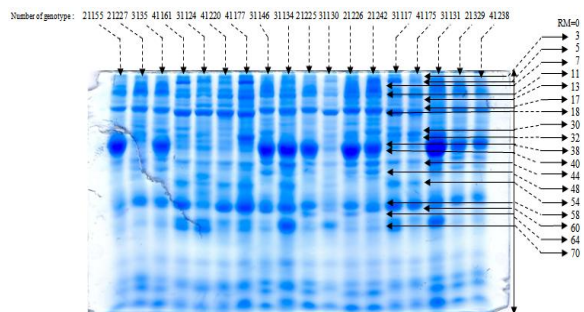
### نتایج و بحث:

طیف پروتئین‌های ذخیره‌ای محلول در نمک ۰/۲M و حرکت نسبی نوارهای پروتئینی برای برخی ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ نشان داده شده است. پارامترهای ژنتیکی مورد اندازه‌گیری برای باندهای الکتروفورزی بر اساس دو گروه وزنی در نمونه‌های در جدول ۱ درج شده است. بیش‌ترین مقدار برای آماره  $G_{ST}$  که نشان از وجود تفاوت بین گروه‌ها دارد برای باندهای با حرکت نسبی ۳۰، ۳۲، ۳۸ و ۴۰ بدست آمد که نشان می‌دهد این باندها بیش‌تر از باندهای پروتئینی دیگر در تمایز گروه‌های وزنی موثرند. بر اساس نتایج محققان مراکز تنوع لوبیا شامل دو مرکز تنوع در لوبیا از نظر وزنی به این صورت است: دانه‌های درشت (بیشتر از ۴۰ گرم به ازای وزن صد دانه) مربوط به مرکز تنوع آند و دانه ریز (کمتر از ۲۵ گرم به ازای وزن صد دانه)

۱) Relative mobility

و دانه متوسط (۲۵ تا ۴۰ گرم به ازای وزن صد دانه) مربوط به مرکز تنوع آمریکای مرکزی است (شری و سینگ ۲۰۰۱). نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که باندهای با حرکت نسبی ۳۰، ۳۲، ۳۸ و ۴۰ بیش تر از باندهای پروتئینی دیگر در تمایز مراکز تنوع لوبیا موثرند که این نتایج می تواند در مطالعات بررسی تنوع مورد استفاده محققین قرار گیرد.

جدول ۱- پارامترهای ژنتیکی برای باندهای الکتروفورزی بر اساس دو گروه وزنی در نمونه های



شکل ۱- نمونه ژل های روش استخراج (0.2 M NaCl) در نمونه های لوبیا

پارامترهای ژنتیکی			
$G_{ST}$	$H_S$	$H_T$	RM
۰/۱۰۶۰	۰/۴۳۶۰	۰/۴۸۱۲	۳
۰/۰۲۰۹	۰/۴۸۳۵	۰/۴۹۳۸	۵
۰/۱۵۲۹	۰/۴۲۳۳	۰/۴۹۹۷	۷
۰/۰۶۶۴	۰/۴۳۶۹	۰/۴۶۰۴	۱۱
۰/۰۰۷۸	۰/۴۴۸۳	۰/۴۹۹۵	۱۳
۰/۱۹۱۹	۰/۳۸۰۵	۰/۴۷۰۸	۱۷
۰/۱۶۵۶	۰/۳۲۶۸	۰/۳۹۱۶	۱۸
۰/۲۵۴۶	۰/۳۲۶۱	۰/۴۳۷۴	۳۰
۰/۲۵۴۶	۰/۳۲۶۱	۰/۴۳۷۴	۳۲
۰/۲۶۴۱	۰/۳۳۳۶	۰/۴۵۳۳	۳۸
۰/۲۶۴۱	۰/۳۳۳۶	۰/۴۵۳۳	۴۰
۰/۱۳۷۰	۰/۳۵۱۹	۰/۴۰۷۷	۴۸
۰/۱۶۵۶	۰/۳۲۶۸	۰/۳۹۱۶	۵۴
۰/۰۰۱۵	۰/۳۴۲۹	۰/۳۴۳۴	۵۸
۰/۰۰۰۷	۰/۳۷۱۷	۰/۳۷۱۹	۶۰
۰/۰۰۰۰	۳۲۲۹	۳۲۲۹	۶۴
۰/۰۶۵۹	۰/۳۶۷۰	۰/۴۰۶۰	۷۰
۰/۱۳۵۵	۰/۳۵۴۵	۰/۴۱۰۱	میانگین

لوبیا

$H_T$  = تنوع کل،  $H_S$  = تنوع بین،  $G_{ST}$  = تفاوت بین جمعیت ها

منابع

- Krochko, J.E. and Bevely, J.D., 2000. Seed storage proteins in cultivars and subspecies of alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Seed Science Research*. 10:423-434.
- Pereira, T., Coelho, C.M.M. Amauri, B., Guidolin, F.A. Miquelluti, D.J., 2009. Diversity in common bean landrace from south brazil. *Acta Bot. Croat*. 68: 79-92.
- Shree, P. and Singh, S.P., 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars. *Crop Sci*. 41: 1659-1675.

### Relationship between two weight groups of seeds in determining diversity centers of common bean using storage proteins

#### Abstract

Relationship between weight groups is one of the most important factors to recognize diversity centers of common bean, evaluated by storage proteins of 70 genotypes. Protein samples were prepared by 0.2 M NaCl extraction method. Genotypes were classified in two groups with or without special bands. Evaluation of storage protein patterns in salt showed that  $G_{ST}$  statistics for bands with RM 30, 32, 38 and 40 had the most effect on separation between two weight groups. The results of this research can be used by researchers for genetic diversity evaluation.