

بررسی روابط فیلوژنتیکی برخی گونه های ورد با استفاده از نشانگر ISSR

زهره جبارزاده (۱)، مرتضی خوشخوی (۲)، حسن صالحی (۲)، علی رضا شهسوار (۲)

۱- بخش علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران ۲- بخش علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران
وردها جزء گیاهان زینتی مهم و اقتصادی جهان هستند. از نشانگرهای ISSR برای تعیین روابط فیلوژنتیکی بین ۴۷ نژادگان ورد استفاده گردید. از بین ۱۵ آغازگر استفاده شده در این پژوهش، ۱۱ آغازگر چند شکلی قابل قبولی نشان دادند. در مجموع ۱۹۳ قطعه افزوده شد که ۱۷۳ قطعه در بین گونه ها چند شکل بودند. فرآورده های افزایشی روی ژل آگارز ۱/۵٪ الکتروفورز شدند، ماتریس تشابه تشکیل و با استفاده از الگوریتم جاکارد در نرم افزار NTSYS Ver. 2.02 دندروگرام گروه بندی ارقام ترسیم شد. در دندروگرام به دست آمده در ضریب تشابه بیش از ۵۲٪، گونه های مورد بررسی در ۴ گروه جای گرفتند. در گروه یک تنها نژادگان های گونه *Rosa banksiae* Ait. قرار داشت، این گونه کمترین تشابه (۳۰٪) را با بقیه گونه ها داشت و در درخت فیلوژنی تنها قرار گرفت. گروه ۲ شامل نژادگان های گونه های *R. canina* L.، *R. damascena* Mill. و *R. moschata* Herm. با بیش از ۵۳٪ ارزش تشابه بود، در این پژوهش در گروه ۳ نژادگان های گونه *R. hybrida* L. و نیز *R. foetida* Herm. با هم در یک گروه و با ارزش تشابه بیش از ۵۲٪ قرار گرفتند و در گروه ۴ از درخت فیلوژنی نژادگان های گونه *R. chinensis* Jacq. قرار داشت که با نژادگان های گروه ۲ و ۳، ۴۶٪ ارزش تشابه داشت.

کلمات کلیدی: نژادگان های ورد، نشانگر ISSR، دندروگرام، ارزش تشابه

مقدمه:

جنس وردسا (*Rosa*) از تیره Rosaceae و زیر تیره Rosoideae است که بیش از ۱۰۰ گونه و حدود ۱۸۰۰۰ رقم دارد. تاکنون مقاله های منتشر شده کمی با استفاده از نشانگرهای ISSR در مورد گیاهان و به ویژه وردها وجود دارند.

مواد و روش ها:

در این پژوهش چهل و هفت نژادگان ورد شامل نژادگان های گونه های *Rosa banksiae*، *canina*، *chinensis*، *damascena*، *foetida*، *hybrida* و *moschata* از شهرستان ارومیه جمع آوری شدند. استخراج DNA انجام شد. برای انجام آزمایش های ISSR از ۱۵ آغازگر استفاده شد و فرآورده های تکثیر در ژل آگارز ۱/۵٪ الکتروفورز شدند. باندهای موجود در ژل بر اساس وجود (۱) یا عدم وجود (۰) نوارهای چند شکل ارزیابی شدند. ماتریس تشابه تشکیل و با استفاده از الگوریتم جاکارد در نرم افزار NTSYS Ver. 2.02 دندروگرام گروه بندی ارقام ترسیم شد.

نتایج و بحث:

نتایج به دست آمده با استفاده از نشانگرهای ISSR در این پژوهش، چهل و هفت نژادگان ورد را در چهار گروه مهم با ارزش تشابه بیش از ۵۲٪ قرار داد. در گروه یک نژادگان های گونه *banksiae* با کمترین تشابه (۳۰٪) قرار گرفتند. این گونه در پژوهش ماتسوموتو و همکاران (۳) نیز کمترین تشابه را با سایر ورد ها داشته است. در این دندروگرام، گروه دو شامل نژادگان های وردهای *canina*، *damascena* و *moschata* با بیش از ۵۳٪ ارزش تشابه بود. چنین تشابهی در پژوهش کوپمن و همکاران (۲) البته با ارزش تشابه متفاوت نیز دیده شد. در این پژوهش، در گروه سوم وردهای نوین باغچه ای و نیز *foetida* با هم در یک گروه و با ارزش تشابه بیش از ۵۲٪ قرار گرفتند. چنین رابطه ای در پژوهش های برونو و همکاران (۱) نیز گزارش شده است. در گروه چهار نژادگان های گونه *chinensis* قرار دارد. چنین خویشاوندی با ارزش های متفاوتی در پژوهش های سایر پژوهشگران نیز دیده شده است به عنوان مثال، میلان و همکاران در بررسی خود با استفاده از نشانگر RAPD نشان دادند که بین *R. chinensis* و *R. canina* ۸۰٪ خویشاوندی وجود دارد.

1. Bruneau, A., J.R. Starr and S. Joly. 2007. Phylogenetic relationships in the genus *Rosa*: new evidence from chloroplast DNA sequences and an appraisal of current knowledge. Syst. Bot. 32:366-378.

2. Koopman, W.J.M., V. Wissemann, K. De Cock, J.V. Huylbroeck, J. De Riek, G.J.H. Sabatino, D. Visser, B. Vosman, C.M. Ritz, B. Maes, G. Werlemark, H. Nybom, T. Debener, M. Linde and M.J.M. Smulders. 2008. AFLP markers as a tool to reconstruct complex relationships: a case study in *Rosa* (Rosaceae). *Amer. J. Bot.* 95:353-366.
3. Matsumoto, S., M. Kouchi, J. Yabuki, M. Kusunoki, Y. Ueda and H. Fukui. 1998. Phylogenetic analysis of the genus *Rosa* using *matK* sequence: molecular evidence for the narrow genetic background of modern roses. *Sci. Hort.* 77:73-82.

Phylogenetic relationships among some Rose species by ISSR marker

Zohreh Jabbarzadeh¹, Morteza Khosh-Khui², Hassan Salehi² and Ali Reza Shahsavari²

¹ Department of Horticultural Science, College of Agriculture, Urmia University, Orumieh, Iran

² Department of Horticultural Science, College of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran

Abstract:

Roses are among the most economically important ornamental crops of the world. Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers were used to study phylogenetic relationships among 47 rose genotypes. Among 15 ISSR primers, 11 primers showed acceptable polymorphism and amplified 193 bands which 173 of them were polymorphic. Banding patterns were transformed into binary data of presence-absence and matrices were processed using NTSYS Ver. 2.02 software program. The dendrogram was constructed using Jaccard coefficient and UPGMA algorithm. The 47 rose genotypes were classified into 4 major groups with within-group similarity values of >0.52. Group 1 included *R. banksiae* Ait., group 2, *R. canina* L., *R. damascena* Mill. and *R. moschata* Herm. with >53% within-group similarity values, group 3 included *R. foetida* Herm. and *R. hybrida* L. and group 4 included *R. chinensis* Jacq. None of the species used in this study clustered within group 1, indicating that there is any direct relationship between these species. In this phylogenetic tree *R. chinensis* clusters in the lower part of the tree with 46% similarity with group 2 and 3.

Key words: Rose genotypes, ISSR marker, dendrogram, similarity value