

## بررسی تنوع ژنتیکی در پایه های نر و ماده خرما با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره

محرم ولی زاده، سربیه قربانی، مجید شاه مهدی

به ترتیب عضو هیئت علمی دانشگاه سیستان و بلوچستان،

موسسه تحقیقات و بیوتکنولوژی کشاورزی و

مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد

آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی نخائر توارثی گونه های گیاهی در برنامه های اصلاح نباتی از اهمیت خاصی برخوردار است. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی خرما، ۳۶ پایه ماده و ۸ پایه نر درخت خرما (*Phoenix doctyifera* L.) از استان های خوزستان، فارس و بوشهر با استفاده از ۷۲ نشانگر ریزماهواره مورد ارزیابی قرار گرفتند. DNA ژنومی استخراج شده از برگ ارقام مختلف خرما با ۷۲ نشانگر ریزماهواره تحت واکنش زنجیره ای پلیمرز قرار گرفتند. پس از واکنش زنجیره ای پلیمرز، جهت مشاهده پلی مورفیسم و جداسازی آلل های ریزماهواره ای از سیستم الکتروفورز عمودی ژل پلی اکریل آمید واسرشته ساز و رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد. فراوانی آللی، تعداد آلل و درصد ناخالص (هتروزیگوسیتی) بوسیله نرم

افزار POPGENE و تجزیه خوشه ای بر اساس نتایج حاصل از نشانگرها بوسیله نرم افزار SPSS انجام گردید. تعداد آلل در هر مکان ژنی بین ۴ تا ۱۲ عدد و میانگین آنها ۸/۶۴ بود. سطح پلی مورفیسم بین ارقام خرما بین ۴۵۰٪ تا ۹۳۰٪ در تغییر بود. روابط ژنتیکی بین ارقام با استفاده از تجزیه خوشه ای بر اساس روش دورترین همسایه ها بررسی گردید. تنوع زیاد در ارقام ماده نسبت به ارقام نر احتمالاً به علت زیاد بودن تعداد آنها می باشد. به منظور بررسی تفاوت و تمایز بین دو گروه نر و ماده خرما در سطح ملکولی، تجزیه واریانس مولکولی انجام گردید. نتایج حاصله نشان داد ۵۴٪ درصد تنوع مربوط به بین دو گروه نر و ماده بوده و ۹۹/۴۶ درصد از تغییرات به تنوع بین ارقام مختلف مربوط می گردد به طوری که بین دو گروه نر و ماده تفاوت معنی داری در سطح ۵ درصد از نظر میزان تنوع مشاهده نگردید ولی تنوع میان ارقام درون گروه های نر و ماده در سطح احتمال ۵ درصد معنی دار بود. نتایج حاصل نشان دادند که بین ارقام خرما تنوع زیادی وجود دارد. لذا با توجه به تنوع بالای خرما، انتظار می رود که ارقام خرمای موجود در ایران منبع ژنتیکی غنی برای مطالعات اصلاحی باشند.