

بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ های پوآ پراتنسیس (*Poa pratensis*) با استفاده از نشانگرهای مولکولی RAPD

جواد رضاپورفرد، ذبیح اله زمانی، محمدرضا فتاحی مقدم، محسن کافی

دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج

اصلاح ژنتیکی گیاهان نیازمند وجود تنوع ژنتیکی بسیار وسیع می باشد. پوآ پراتنسیس دارای تنوع زیادی در چمنزارهای قدیمی و مراتع نواحی معتدله ایران می باشد که می تواند در تحقیقات اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد. استفاده از صفات مرفولوژیکی به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی زمان بر و علاوه بر آن وابسته به محیط بوده و همیشه برای این منظور کافی نمی باشد. نشانگرهای مولکولی به عنوان ابزار نیرومندی برای تعیین تنوع ژنتیکی گیاهان مطرح هستند. در این تحقیق نشانگرهای RAPD به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۹ ژنوتیپ چمن (۱۷ ژنوتیپ پوآ پراتنسیس به همراه یک ژنوتیپ از هر یک از گونه های لولیوم پرنه و سینودون داکتیلون) مورد استفاده قرار گرفت. از میان ۱۰۰ آغازگر تصادفی ده نوکلئوتیدی، ۱۷ آغازگر به دلیل کمیت و کیفیت بالای قطعات تکثیر شده طی واکنش زنجیره ای پلیمرز انتخاب شدند. نوارهای با وضوح و تکرارپذیری بالا برای محاسبات انتخاب گردیدند. از ۲۸۴ نشانگر RAPD تولید شده توسط این آغازگرها، ۲۸۱ باند چند شکلی نشان دادند. تجزیه کلاستر با استفاده از ضرایب عدم تشابه جاکارد و به روش UPGMA صورت گرفت. بیشترین تشابه ژنتیکی (۰/۸۱) بین ژنوتیپ های آست و اسنو و کمترین تشابه (۰/۱۵) بین ژنوتیپ های اسالم-خلخال و لولیوم پرنه، اسالم-خلخال و فستوکای بلند و بارون و فستوکای بلند مشاهده گردید. دندروگرام در فاصله عدم تشابه ۰/۷۷ منجر به ایجاد ۵ خوشه اصلی گردید. ضریب همبستگی بین ماتریس تشابه و ماتریس کوفنتیکی داده های RAPD برابر

بیوتکنولوژی - پوستر

۰/۹۹ بود که هماهنگی مناسب دندروگرام با ماتریس عدم تشابه را نشان داد. این مطالعه وجود تنوع وسیع در ژنوتیپ های مورد بررسی و کارآیی نشانگرهای RAPD را در ارزیابی تنوع ژنتیکی چمن ها نشان داد.