

مقایسه تنوع ژنتیکی در پایه‌های نر و ماده خرما با استفاده از نشانگرهای تصادفی (RAPD)

سریه قربانی²¹ بهزاد قره یاضی^۱، مجید شاه‌محمدی

۱- مؤسسه تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی

۲- مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد

آگاهی از میزان تنوع ژنتیک ذخایر توارثی گونه‌های گیاهی در برنامه‌های اصلاح نباتی از اهمیت خاصی برخوردار است. به منظور بررسی تنوع ژنتیک خرما، ۳۶ پایه ماده و ۸ پایه نر درخت خرما (*Phoenix dactylifera* L.) از استانهای خوزستان، فارس و بوشهر با استفاده از ۱۳۸ نشانگرهای RAPD مورد ارزیابی قرار گرفتند. DNA ژنومی استخراج شده از برگ ارقام مختلف خرما با ۱۳۸ آغازگر تصادفی RAPD تحت واکنش زنجیره‌ای پلیمراز قرار گرفته و محصولات واکنش زنجیره‌ای پلیمراز بر روی ژل آگاروز ۱/۵ درصد و ژل پلی آکریل‌امید غیر واسرشته‌ساز الکتروفورز شدند. از میان این تعداد آغازگر مجموعاً ۱۲ آغازگر چندشکلی نشان دادند و ۷۲ باند متفاوت در ارقام مورد مطالعه مشاهده شد. روابط ژنتیک بین ارقام با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش دورترین همسایه‌ها بررسی گردید در پایه‌های ماده ارقام گنطار و اسحاق با ۳۰ درصد کمترین و ارقام بلیانی و برحی با ۸۳ درصد بیشترین تشابه و در پایه‌های نر ارقام قصب و خگری با ۶۴ درصد بیشترین و دو رقم قبیانی و زاهدی با ۴۸ درصد کمترین تشابه را دارا بودند. در کل ارقام دو رقم خگری (نر) و سویدانی (ماده) بیشترین تشابه را دارا بودند. تنوع زیاد در ارقام ماده نسبت به ارقام نر احتمالاً به علت زیاد بودن تعداد آنها می‌باشد. به منظور بررسی تفاوت و تمایز بین دو گروه نر و ماده خرما در سطح مولکولی، تجزیه واریانس مولکولی انجام گردید. نتایج حاصله نشان داد ۰/۵۴ درصد تنوع مربوط به بین دو گروه نر و ماده بوده و ۹۹/۴۶ درصد از تغییرات به تنوع بین ارقام مختلف مربوط می‌گردد به طوری که بین دو گروه نر و ماده تفاوت معنی‌داری در سطح ۵ درصد از نظر میزان تنوع مشاهده نگردید ولی تنوع میان ارقام درون گروه‌های نر و ماده در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار بود. نتایج حاصل نشان دادند که بین ارقام خرما تنوع زیادی وجود دارد. لذا با توجه به تنوع بالای خرما، انتظار می‌رود که ارقام خرما موجود در ایران منبع ژنتیک غنی برای مطالعات اصلاحی باشند.

واژه‌های کلیدی: خرما، تنوع ژنتیک، نشانگرهای RAPD، تجزیه خوشه‌ای