

# کنگره ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران

کار گروه زیست بانک های ستاد توسعه زیست فناوری با همکاری مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران برگزار می کند:

## کنگره ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی

۳ و ۴ اسفند ۱۳۹۰  
مرکز همایش های پژوهشگاه رویان



[www.ibrc.ir](http://www.ibrc.ir)

۳. عضو هیات علمی پژوهشکده آرتمیا و جانورن آبی، دانشگاه ارومیه

۳. دانشگاه آزاد اسلامی، واحد بندرعباس، گروه شیلات، بندرعباس، ایران

آدرس نویسنده مسئول: ارومیه، خیابان شهید بهشتی، دانشگاه ارومیه، پژوهشکده آرتمیا و جانورن آبی. تلفن: ۲۹۵-۳۴۴۰  
s.shafaei87@yahoo.com

جمعیت فوق تعیین توالی شد. بررسی توالی توسط نرم افزار Blast نشان داد نواحی فوق به عنوان قطعه ای از ژنوم هسته ای و میتوکندریایی A. franciscana بیش از ۳۰٪ از نظر توالی نوکلئوتیدی با آرتمیای رفرنس دریاچه بزرگ نمک آمریکا (GSL) اختلاف ژنتیکی دارد. نظر به متفاوت بودن شرایط اقلیمی زیستگاه طبیعی این گونه در آمریکا با دریاچه طشک و اهمیت مولکولی این دو ژن در ایجاد پایداری و سازش مولکولی در محیط جدید پیش بینی می شود که این موجود سالها پیش به این دریاچه انتقال یافته و در این مدت توانسته به سطوحی از سازشهای مولکولی دست یابد. حدس زده می شود این جمعیت آرتمیای غیر بومی قادر خواهد بود در آینده به عنوان یکی از جمعیتهای دو جنسی دائمی ایران مطرح شده و تهدید مهمی برای دیگر دریاچه های آب شور ایران شناخته شود.

کلمات کلیدی: آرتمیا، موفولوژی، دریاچه طشک، سازش مولکولی.

آرتمیا سخت پوستی با کاربرد فراوان و قدرت آداپتاسیون بالا هست که در تمامی کره زمین پراکنده شده است. گونه دو جنسی *Artemia franciscana* از گونه های معروف آرتمیا و بومی دریاچه نمک آمریکا می باشد. اخیرا وجود این آرتمیا در تعدادی از دریاچه های آب شور ایران گزارش شده است. دریاچه طشک استان فارس از دریاچه های آب شور ایران می باشد که زیستگاه جمعیت خاصی از آرتمیای بکرزا می باشد. در راستای بررسی جامع دریاچه های آب شور ایران جمعیت دو جنسی مشکوک در دریاچه فوق یافت شد که جهت بررسی دقیق آن از ترکیبی از روش های کشت و پرورش آزمایشگاهی و مولکولی استفاده شد. بررسی مورفولوژیک (یازده پارامتر بیومتریکی) و مولکولی ترتیب یافته از طریق تکنیکهای PCR-RFLP بر روی چندین مارکر مناسب از جمله ناحیه Na/K ATPase و 12S-16S نشان داد که این جمعیت قطعا گونه *A. franciscana* می باشد. برای بررسی دقیق تر توالی ژنومی این نمونه با نمونه های موجود در Genbank ناحیه HSP26 و COI از

## ارزیابی تنوع ژنتیکی و همبستگی صفات مورد بررسی در ۴۹ ژنوتیپ لوبیای معمولی (*Phaseolus vulgaris* L)

■ معصومه شفیعی خورشیدی، محمدرضا بیهمتا، فرنگیس خیالپرست، محمدرضا نقوی

به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استاد، دانشیار و استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران  
masume.shafaei@ut.ac.ir

کشاورزی دانشگاه تهران مورد بررسی قرار گرفتند. هدف از این پژوهش، ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپهای مورد بررسی در ۱۴ صفت مورد مطالعه بود. تنوع زیادی در بین ژنوتیپها مشاهده شد. نتایج تجزیه همبستگی ساده وجود همبستگیهای مثبت و معنی داری بین صفات مورد ارزیابی را گزارش نمود که از مهم ترین آنها می توان به وجود همبستگی مثبت و معنی دار بین عملکرد تک بوته با صفات قطر ساقه، وزن غلاف با بذر، تعداد غلاف پر در بوته، تعداد کل غلاف در بوته و تعداد بذر در بوته اشاره نمود. از این صفات می توان در برنامه های اصلاحی برای بهبود عملکرد و خزانة ژنی بهره برد.

کلمات کلیدی: لوبیای معمولی، تنوع ژنتیکی، تجزیه همبستگی، خزانة ژنی.

منابع ژنتیکی گیاهی، علاوه بر زیربنایی برای توسعه کشاورزی، به عنوان منبعی از سازگاری ژنتیکی همچون سپری در برابر تغییرات محیطی عمل می کند. این منابع تامین کننده مواد خام ژنتیکی (ژنها) هستند که در صورت بهره برداری صحیح از آنها، وارثه های جدید و مطلوبتر گیاهی را می توان تولید کرد. تنوع مبنای همه گزینش هاست. یک برنامه اصلاحی زمانی موفق است که دو عامل تنوع و انتخاب در گیاه مورد آزمایش وجود داشته باشد. همبستگی بین متغیرها بیانگر نوع و میزان رابطه بین آنها می باشد که در اصلاح نباتات از اهمیت زیادی برخوردار است. با مطالعه همبستگی و تنوع ژنتیکی می توان صفات موثر در عملکرد دانه و همچنین سایر عوامل موثر در ایجاد همبستگی بین صفات را شناسایی نمود. در این مطالعه، ۴۹ ژنوتیپ لوبیای معمولی تهیه شده از بانک ژن دانشکده

## بررسی تنوع ژنتیکی در الگوی بانندی ژن های حامل توالی های تکرار شونده در تعدادی از ارقام خربزه ایران

فرهاد شکوهی فر<sup>۱</sup>، ناهید عباسپور<sup>۱</sup>

۱. پژوهشکده علوم گیاهی، دانشگاه فردوسی مشهد

Shokouhifar@um.ac.ir \*

های این ژن ها با استفاده از نرم افزار VectorNTI ۱۱، آغازگرهای اختصاصی برای هر ژن طراحی گردید. نتایج نشان داد الگوی باندی تکثیر شده توسط این آغازگرها بین ارقام مورد مطالعه متفاوت است. در این بین توالی مربوط به دو ژن با استفاده از آغازگرهای طراحی شده در ارقام مورد مطالعه قابل ردیابی نبود. از میان پنج ژن دیگر چهار ژن الگوی متفاوتی را میان ارقام نشان دادند. بنظر می رسد این روش در متمایز نمودن نمونه های ژرم پلاسمی با هدف شناسایی منابع مقاومت به بیماری ها قابلیت بالایی داشته باشد. مطالعات آتی در خصوص آنالیز توالی های تکثیر شده و بررسی ارتباط آنها با الگوی مقاومتی این ارقام در برابر پاتوژن های مختلف اطلاعات بالارزشی را جهت استفاده در برنامه های اصلاحی ملون ها نمایان خواهد ساخت. کلمات کلیدی: ملون، تنوع ژنتیکی، توالی های کدکننده تکرار شونده، ژن های مقاومت

شناسایی و متمایز نمودن ارقام گیاهی بمنظور حفظ و استفاده آنها در برنامه های اصلاحی اهمیت بالایی دارد. استفاده از تنوع موجود در مناطق کدکننده ژنوم می تواند در یافتن ارتباط میان ژنوتیپ ها و صفات اصلاحی اثر بخش باشد. ژن های مقاومت به دلیل داشتن دومین های تکرار شونده از اسیدهای آمینه از جمله توالی های کدکننده بشمار می روند که توالی های تکراری متعددی را در بر گرفته اند. استفاده از این تنوع میتواند در متمایز نمودن ارقام با الگوی مقاومتی مختلف موثر باشد. در این مطالعه بمنظور بررسی تنوع تعدادی از ارقام خربزه بومی ایرانی، الگوی باندی تعدادی از ژن های کدکننده توالی های مشابه ژن های مقاومت بنام های MRGH مورد بررسی قرار گرفت. توالی این ژن ها بر اساس داده های ژنومی ملون ها از بانک های اطلاعاتی بین المللی استحصال گردید و با استفاده از آنالیز بیوانفورماتیک هفت ژن MRGH انتخاب گردید و با توجه به الگوی حضور توالی های تکراری در دومین

## ارزیابی تنوع ژنتیکی نمونه های انبه میناب

■ منصوره شمیلی

استادیار دانشکده کشاورزی دانشگاه هرمزگان

صفات و تجزیه کلاستر بر روی مولفه های اصلی انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اکثر صفات مورد بررسی در محدوده ارقام معنی دار هستند. صفات کمی بررسی شده از تابع توزیع نرمال تبعیت میکردند. تجزیه همبستگی صفات، وجود همبستگیهای مثبت و منفی معنی دار بین برخی صفات مهم را نشان داد. تجزیه خوشه ای توانست ژنوتیپ های مورد بررسی را از یکدیگر تفکیک نماید. با ارزیابی این ژنوتیپ ها نه تنها برآوردی از میزان ارزش منابع ژنتیکی منطقه حاصل شد، بلکه نتایج حاصله ما را در نگهداری و مدیریت بهتر این منابع ژنتیکی یاری می نماید که قطعا درک روابط ژنتیکی آنها می تواند در انتخاب والدین مطلوب و مناسب برای برنامه های اصلاحی بسیار ارزشمند باشد. واژه های کلیدی: تنوع زیستی، منابع ژنتیکی، انبه، گروه بندی ژنتیکی، جمع آوری ژرم پلاسم

تولید جهانی انبه تا حدود ۲۶ میلیون تن این میوه را پنجمین میوه دنیا بعد از موز، پرتقال، انگور و سیب قرار داده است. تاریخچه طولانی کشت، پراکنش وسیع در دنیا، ناسازگاری از پذیرش گرده خودی و درصد بالای دگر گرده افشانی باعث شده که تنوع ژنتیکی فراوانی درون ارقام انبه وجود داشته باشد. از آن جا که ارزیابی تنوع ژنتیکی پایه اصلی و اولیه در برنامه های اصلاحی آن می باشد و شناسایی و معرفی ژنوتیپ ها و نیز بررسی میزان قرابت آنها می تواند در برنامه ریزی های بعدی جهت اصلاح عملکرد و کیفیت محصول کمک قابل توجهی بنماید، در این تحقیق روابط بین ۳۹ صفت کمی و کیفی مربوط به گل، میوه و برگ در ۲۲ ژنوتیپ انبه شهرستان میناب مورد بررسی قرار گرفت. محاسبات آماری شامل حداقل و حداکثر صفات، ضریب تغییرات، انحراف معیار، آنالیز واریانس، همبستگی بین صفات، تجزیه به مولفه های اصلی بر روی کلیه

## Assessment of Genetic Risks in Markhoz Goat population

■ Ehsan Shahbazifar, Mohammad Imani Aghbelagh, Amin Ravangardi, Mahmood Danaei pataveh  
Eshahbazi60@hotmail.com\*

Decline of native area, population size and breeding herds are indicators of imminent danger of breed extinction in the near future. Because of occurrence of these conditions for Markhoz goat population, this research was conducted to determine its spread, latest

demographic data and most important criteria and degree of endangerment. Data were collected through interview with the herders and monitoring the flocks in their native area and other locations in mating seasons. Distribution map was prepared using GIS and demographic data were

۳. عضو هیات علمی پژوهشکده آرتمیا و جانوران آبری، دانشگاه ارومیه

۳. دانشگاه آزاد اسلامی، واحد بندرعباس، گروه شیلات، بندرعباس، ایران

آدرس نویسنده مسئول: ارومیه، خیابان شهید بهشتی، دانشگاه ارومیه، پژوهشکده آرتمیا و جانوران آبری. تلفن: ۲۹۵-۲۴۴۰  
s.shafae87@yahoo.com

جمعیت فوق تعیین توالی شد. بررسی توالی توسط نرم افزار GenBank داد نواحی فوق به عنوان قطعه ای از ژنوم هسته ای و میتوکندریایی franciscana بیش از ۳۰٪ از نظر توالی نوکلئوتیدی با آرتمیا فرانسیسکانا دریاچه بزرگ نمک آمریکا (GSL) اختلاف ژنتیکی دارد. نظر به شرایط اقلیمی زیستگاه طبیعی این گونه در آمریکا یا دریاچه فرانسیسکانا و اهمیت مولکولی این دو ژن در ایجاد پایداری و سازش محیط جدید پیش بینی می شود که این موجود سالها پیش در دریاچه انتقال یافته و در این مدت توانسته به سطوحی از مولکولی دست یابد. حدس زده می شود این جمعیت آرتمیای فرانسیسکانا قادر خواهد بود در آینده به عنوان یکی از جمعیت‌های دو جنسی در ایران مطرح شده و تهدید مهمی برای دیگر دریاچه های آب شور ایران شناخته شود.

کلمات کلیدی: آرتمیا، موفولوژی، دریاچه طشک، سازش

آرتمیا سخت پوستی با کاربرد فراوان و قدرت آداپتاسیون بالا هست که در تمامی کره زمین پراکنده شده است. گونه دو جنسی *Artemia franciscana* از گونه های معروف آرتمیا و بومی دریاچه نمک آمریکا می باشد. اخیرا وجود این آرتمیا در تعدادی از دریاچه های آب شور ایران گزارش شده است. دریاچه طشک استان فارس از دریاچه های آب شور ایران می باشد که زیستگاه جمعیت خاصی از آرتمیای بکرزا می باشد. در راستای بررسی جامع دریاچه های آب شور ایران جمعیت دو جنسی مشکوکی در دریاچه فوق یافت شد که جهت بررسی دقیق آن از ترکیبی از روش های کشت و پرورش آزمایشگاهی و مولکولی استفاده شد. بررسی مورفولوژیک (بازده پارامتر بیومتریک) و مولکولی ترتیب یافته از طریق تکنیکهای PCR-RFLP بر روی چندین مارکر مناسب از جمله ناحیه Na/K ATPase و 12S-16S نشان داد که این جمعیت قطعا گونه *A. franciscana* می باشد. برای بررسی دقیق تر توالی ژنومی این نمونه با نمونه های موجود در Genbank ناحیه HSP26 و COI از

## ارزیابی تنوع ژنتیکی و همبستگی صفات مورد بررسی در ۴۹ ژنوتیپ لوبیای معمولی (*Phaseolus vulgaris* L)

■ معصومه شفیعی خورشیدی، محمدرضا بیهمتا، فرنگیس خیالپرست، محمدرضا نقوی

به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استاد، دانشیار و استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران  
masume.shafae@ut.ac.ir

کشاورزی دانشگاه تهران مورد بررسی قرار گرفتند. هدف از این ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی در ۱۴ صفت مورفولوژیک بود. تنوع زیادی در بین ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. نتایج تجزیه همبستگی ساده وجود همبستگی‌های مثبت و معنی داری بین صفات مورفولوژیک را گزارش نمود که از مهم‌ترین آنها می‌توان به وجود همبستگی مثبت و معنی دار بین عملکرد تک بوته با صفات قطر ساقه، وزن غلاف، تعداد غلاف پر در بوته، تعداد کل غلاف در بوته و تعداد بذر در بوته اشاره نمود. از این صفات می‌توان در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد خزانة ژنی بهره برد.

کلمات کلیدی: لوبیای معمولی، تنوع ژنتیکی، تجزیه همبستگی

منابع ژنتیکی گیاهی، علاوه بر زیربنایی برای توسعه کشاورزی، به عنوان منبعی از سازگاری ژنتیکی همچون سپری در برابر تغییرات محیطی عمل می‌کند. این منابع تامین کننده مواد خام ژنتیکی (ژنها) هستند که در صورت بهره‌برداری صحیح از آنها، واریته‌های جدید و مطلوبتر گیاهی را می‌توان تولید کرد. تنوع مبنای همه‌گزينش‌هاست. یک برنامه اصلاحی زمانی موفق است که دو عامل تنوع و انتخاب در گیاه مورد آزمایش وجود داشته باشد. همبستگی بین متغیرها بیانگر نوع و میزان رابطه بین آنها می‌باشد که در اصلاح نباتات از اهمیت زیادی برخوردار است. با مطالعه همبستگی و تنوع ژنتیکی می‌توان صفات موثر در عملکرد دانه و همچنین سایر عوامل موثر در ایجاد همبستگی بین صفات را شناسایی نمود. در این مطالعه، ۴۹ ژنوتیپ لوبیای معمولی تهیه شده از بانک ژن دانشکده

## بررسی تنوع ژنتیکی در الگوی بانندی ژن‌های حامل توالی‌های تکرار شونده در ارقام خربزه ایران

فرهاد شکوهی فرد<sup>۱</sup>، ناهید عباسپور<sup>۱</sup>

۱. پژوهشکده علوم گیاهی، دانشگاه فردوسی مشهد

Shokouhifar@um.ac.ir

های این ژن ها با استفاده از نرم افزار VectorNTI ۱۱ آغازگرهای اختصاصی برای هر ژن طراحی گردید. نتایج نشان داد الگوی باندی تکثیر شده توسط این آغازگرها بین ارقام مورد مطالعه متفاوت است. در این بین توالی مربوط به دو ژن با استفاده از آغازگرهای طراحی شده در ارقام مورد مطالعه قابل ردیابی نبود. از میان پنج ژن دیگر چهار ژن الگوی متفاوتی را میان ارقام نشان دادند. بنظر می رسد این روش در متمایز نمودن نمونه های ژرم پلاسمی با هدف شناسایی منابع مقاومت به بیماری ها قابلیت بالایی داشته باشد. مطالعات آتی در خصوص آنالیز توالی های تکثیر شده و بررسی ارتباط آنها با الگوی مقاومتی این ارقام در برابر پاتوژن های مختلف اطلاعات باارزشی را جهت استفاده در برنامه های اصلاحی ملون ها نمایان خواهد ساخت. کلمات کلیدی: ملون، تنوع ژنتیکی، توالی های کدکننده تکرار شونده، ژن های مقاومت

شناسایی و متمایز نمودن ارقام گیاهی بمنظور حفظ و استفاده آنها در برنامه های اصلاحی اهمیت بالایی دارد. استفاده از تنوع موجود در مناطق کدکننده ژنوم می تواند در یافتن ارتباط میان ژنوتیپ ها و صفات اصلاحی اثر بخش باشد. ژن های مقاومت به دلیل داشتن دومین های تکرار شونده از اسیدهای آمینه از جمله توالی های کدکننده بشمار می روند که توالی های تکراری متعددی را در بر گرفته اند. استفاده از این تنوع میتواند در متمایز نمودن ارقام با الگوی مقاومتی مختلف موثر باشد. در این مطالعه بمنظور بررسی تنوع تعدادی از ارقام خربزه بومی ایرانی، الگوی باندی تعدادی از ژن های کدکننده توالی های مشابه ژن های مقاومت بنام های MRGH مورد بررسی قرار گرفت. توالی این ژن ها بر اساس داده های ژنومی ملون ها از بانک های اطلاعاتی بین المللی استحصالی گردید و با استفاده از آنالیز بیوانفورماتیک هفت ژن MRGH انتخاب گردید و با توجه به الگوی حضور توالی های تکراری در دومین

### ارزیابی تنوع ژنتیکی نمونه های انبه میناب

منصوره شمیلی

استادیار دانشکده کشاورزی دانشگاه هرمزگان

صفات و تجزیه کلاستر بر روی مولفه های اصلی انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اکثر صفات مورد بررسی در محدوده ارقام معنی دار هستند. صفات کمی بررسی شده از تابع توزیع نرمال تبعیت میکردند. تجزیه همبستگی صفات، وجود همبستگیهای مثبت و منفی معنی دار بین برخی صفات مهم را نشان داد. تجزیه خوشه ای توانست ژنوتیپ های مورد بررسی را از یکدیگر تفکیک نماید. با ارزیابی این ژنوتیپ ها نه تنها برآوردی از میزان ارزش منابع ژنتیکی منطقه حاصل شد، بلکه نتایج حاصله ما را در نگهداری و مدیریت بهتر این منابع ژنتیکی یاری می نماید که قطعاً درک روابط ژنتیکی آنها می تواند در انتخاب والدین مطلوب و مناسب برای برنامه های اصلاحی بسیار ارزشمند باشد. واژه های کلیدی: تنوع زیستی، منابع ژنتیکی، انبه، گروه بندی ژنتیکی، جمع آوری ژرم پلاسم

تولید جهانی انبه تا حدود ۲۶ میلیون تن این میوه را پنجمین میوه دنیا بعد از موز، پرتقال، انگور و سیب قرار داده است. تاریخچه طولانی کشت، پراکنش وسیع در دنیا، ناسازگاری از پذیرش گرده خودی و درصد بالای دگر گرده افشانی باعث شده که تنوع ژنتیکی فراوانی درون ارقام انبه وجود داشته باشد. از آن جا که ارزیابی تنوع ژنتیکی پایه اصلی و اولیه در برنامه های اصلاحی آن می باشد و شناسایی و معرفی ژنوتیپ ها و نیز بررسی میزان قرابت آنها می تواند در برنامه ریزی های بعدی جهت اصلاح عملکرد و کیفیت محصول کمک قابل توجهی بنماید، در این تحقیق روابط بین ۲۹ صفت کمی و کیفی مربوط به گل، میوه و برگ در ۲۲ ژنوتیپ انبه شهرستان میناب مورد بررسی قرار گرفت. محاسبات آماری شامل حداقل و حداکثر صفات، ضریب تغییرات، انحراف معیار، آنالیز واریانس، همبستگی بین صفات، تجزیه به مولفه های اصلی بر روی کلیه

### Assessment of Genetic Risks in Markhoz Goat population

Ehsan Shahbazifar, Mohammad Imani Aghbelagh, Amin Ravangardi, Mahmood Danaei pataveh  
Eshahbazi60@hotmail.com\*

Decline of native area, population size and breeding herds are indicators of imminent danger of breed extinction in the near future. Because of occurrence of these conditions for Markhoz goat population, this research was conducted to determine its spread, latest

demographic data and most important criteria and degree of endangerment. Data were collected through interview with the herders and monitoring the flocks in their native area and other locations in mating seasons. Distribution map was prepared using GIS and demographic data were