داشت. بر اساس نتایج بدست آمده ضمن تایید تاثیرپذیری این ژن در شرایط تنش شوری، L17تنش شوری در رقم مقاوم ویلیامز نسبت به رقم حساس تلاش در جهت انتقال این ژن در راستای افزایش تحمل به شوری در گیاهان زراعی مناسب و موثر ارزیابی گردید.

واژگان کلیدی:Real time PCR، شوری، ژن OSBP ، سویا

آنالیز ژنتیکی گیاهان هاپلوئید و دیپلوئید در گردو با استفاده از نشانگر SSR

محمد سادات حسینی گروه. نعیمه سوسرایی و اسحاق مقبلی

عضو هیات علمی گروه علوم گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت

دانشجوی کارشناسی باغبانی، گروه علوم گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت

دانشجوی دکتری علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

msadat.1983@gmail.com

اصلاح درختان میوه با روشهای سنتی بعلت مدت زمان طولانی تولید نسل بسیار مشکل است، اما تولید هاپلوئیدها و دابل هاپلوئیدها فرصت جدیدی را برای اصلاح و مطالعات ژنتیکی در این گونه‌ها ایجاد کرده است. این تحقیق به منظور مشخص نمودن منشاء گیاهان هاپلوئید بدست آمده انجام شد. در این گزارش پنج گیاه هاپلوئید از ارقام هارتلی، پدرو و ژنوتیپ‌های Z_{63} و Z_{67} و دیپلوئیدهای بدست آمده آنها در گردو با استفاده از روش بکرزایی توسط نشانگر SSR مورد آنالیز قرار گرفتند. استخراج DNA با استفاده از روش دویل و دویل (۱۹۸۷) انجام شد و پرایمرهای مورد استفاده WGA4، WGA89، WGA118 و WGA321 بودند. باندهای بدست آمده از هر یک از گیاهان با والدین‌شان مورد مقایسه قرار گرفتند. هر یک از گیاهان هاپلوئید فقط یک باند دادند که هماهنگ با والد مادری بود و در مقایسه با والدین پدری که دو ژنوتیپ Z_{30} وZ_{53} بودند هیچ باند مشترکی ندادند، بعنوان مثال در گیاهان پدرو و Z_{63} فقط یک باند در منطقه ۲۲۴ جفت باز با پرایمر WGA321 بدست آمد که نشان دهنده این است که منشاء گیاهان هاپلوئید والد مادری می‌باشد. گیاهان دیپلوئید هر کدام دو باند دادند که یکی هماهنگ با والد مادری و دیگری هماهنگ با والد پدری بود که نشان میداد در طی انجام این مطالعه هیچ دابل هاپلوئیدی خودبخودی رخ نداده است.

واژگان کلیدی:گردو، لاین خالص، بکرزایی، SSR

ساخت پروموتر مصنوعی حامل توالی GTCA

فرهاد شکوهی فر[۱*]، ناهید عباسپور[۲]، نیره سادات غفاریان نیا[۳]

: عضو هیات علمی دانشگاه فردوسی مشهد،

۲: فارغ التحصیل کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشگاه بین المللی قزوین

۳: فارغ التحصیل کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری

Shokouhifar@um.ac.ir

ظهور و توسعه استراتژی ساخت پروموترهای مصنوعی دورنمای امیدبخشی را برای تنظیم هدفمند بیان تراژن فراهم اورده است. عناصر کنشی نقش کلیدی را در پروموترهای القائی ایفا می نمایند و انتخاب آنها یکی از مراحل مهم در ساخت پروموترهای مصنوعی القائی بشمار می رود. توالی GTCA بعنوان یک توالی هسته ای در ساختار چند پروموتر پاسخده سریع به پاتوژن مشاهده شده است. در این مطالعه توالی هسته ای GTCA بمنظور ساخت یک پروموتر مصنوعی پاسخده به پاتوژن بکار گرفته شد. بدین منظور یا استفاده از تکنیک پرایمر دنباله دار توالی هسته GTCA در بالادست قطعه حامل توالی حداقل پروموتری و ژن گزارشگر GUS کلون گردید. وکتور pBGi بعنوان الگو جهت تکثیر قطعه مورد نظر بوسیله پرایمرها PSh40-F/R استفاده شد. قطعه

تکثیر شده پس از هضم محصول PCR با استفاده از جایگاه آنزیم های *Spe*I و *Sna*BI طی مراحل کلونینگ بجای قطعه معادل خود در وکتور جایگزین و سازه pBFGi ساخته شد. کلنی های نوترکیب با پرایمرهای PSh40-F و PSh4-R تایید شد. در نهایت صحت توالی GTCA و موقعیت صحیح آن با توالی یابی مشخص گردید. پروموتر ساخته شده بنام SP-F نامگذاری شد و در مطالعات آتی عملکرد آن مورد بررسی قرار خواهد گرفت.

واژگان کلیدی:پروموتر مصنوعی، عناصر کنشی، هسته GTCA، پروموتر القائی

نقشه یابی ژن (های) برگرداننده باروری برای نرعقیمی سیتوپلاسمی در برنج

نادعلی باقری، نادعلی بابائیان جلودار، آرام پاشا

استادیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

استاد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

دانشجوی کارشناسی ارشد رشته اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

n.bagheri@sanru.ac.ir

اطلاعات در مورد ژن های اعاده کننده باروری، اصلاح و یا انتخاب لاین های برگرداننده باروری را در برنامه های اصلاحی برنج هیبرید، آسان می نماید. توارث پذیری ژن های اعاده باروری نوع WA-CMS در برنج، با استفاده از لاین های نر عقیم سیتوپلاسمی IR58025A، IR62829A و IR68899A در ترکیب با واریته اعاده کننده باروری پویا مورد مطالعه قرار گرفت. باروری دانه گرده و خوشه در گیاهان نسل F_1، مشابه با والد برگرداننده باروری یعنی پویا بود که بیانگر غالب بودن ژن (های) اعاده کننده باروری می باشد و سیستم نر عقیم سیتوپلاسمی بصورت اسپوروفیتیک است. ارزیابی باروری در جمعیت F_2 و نتاج تست کراس (BC_1) نشان داد که صفت اعاده باروری در رقم پویا توسط یک ژن غالب کنترل می شود. تجزیه پیوستگی برای رقم پویا نشان می دهد که نشانگرهای RM271 و S10019 با ژن اعاده کننده باروری (Rf_4)، روی کروموزوم ۱۰ به ترتیب با ۳/۳۱ و ۱/۳۲ سانتی مورگان پیوسته می باشند.

واژگان کلیدی:

نقشه یابی، ژن برگرداننده باروری، برنج

بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی و وحشی اسفرزه با

استفاده از نشانگرهای مولکولی RAPD وISJ

محمد احسان تقوی زاده یزدی

عباس بهاری

مدرس سازمان آموزش فنی و حرفه‌ایی کشور- پژوهشکده بیوتکنولوژی ارم- گروه علوم گیاهی

دانشجوی دکتری بیوتکنولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد

bahariabas@gmail.com

گیاه اسفرزه بومی هند و ایران است . اسفرزه به علت دارا بودن موسیلاژ موجود در لایه های سطحی خاصیت دارویی دارد . در این بررسی با استفاده از دو سیستم نشانگری RAPD و ISJ رابطه بین ۲۲ توده بومی و جمعیت های وحشی اسفرزه جمع آوری شده از مناطق مختلف ایران مورد ارزیابی قرار گرفت. ۳۵ آغازگر تصادفی RAPD ، ۱۴۲ باند پلی مورفیک تولید کردند که به طور متوسط ۴/۰۵ باند برای هر اغازگر بود با توجه به داده های بدست امده از باندهای DNA حاصل از مارکرهای RAPD و با استفاده از ضریب تشابه جاکارد ، ماتریس ضرایب تشابه بین جمعیتهای مختلف اسفرزه تشکیل گردید. .