تجزیه ارتباط بین برخی صفات زراعی با نشانگرهای ISSR در بیست ژنوتیپ سیبزمینی

احمد سخدری[۱]، سعید ملکزاده شفارودی [۲]، علی اصغری[۳]، مهناز کیانی فریز[٤]

۱.دانشجو کارشناسی ارشد اصلاح نباتات دانشگاه محقق اردبیلی Ahmadsakhdari@yahoo.com

۲.استادیار گروه بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

۳. دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه محقق اردبیلی

٤. استادیار گروه گیاهان زینتی پژوهشکده علوم گیاهی دانشگاه فردوسی مشهد

چکیده

تنوع ژنتیکی ۲۰ ژنوتیپ سیبزمینی با استفاده از نشانگرهای ISSR و رابطه این نشانگرها با برخی صفات وابسته به عملکرد مورد بررسی قرار گرفت. پس از استخراج DNA محصولات تکثیری تفکیک و الگوی باندی آن ها امتیازدهی شد. بر اساس دادههای حاصل میزان چند شکلی و میانگین تنوع ژنتیکی برای هرآغازگر محاسبه و در نهایت ژنوتیپ ها گروهبندی شدند. صفات وزن خشک ساقه، وزن خشک برگ، وزن خشک کل اندام های هوایی، وزن خشک ریشه ها، وزن تر غدههای ریز، وزن تر غدههای درشت، تعداد غدهها و عملکرد در ژنوتیپهای سیبزمینی نیز اندازه گیری شدند. از ۱٦ آغازگرISSR، ٦ آغازگر توانستند الگوی باندی مناسبی را تکثیر دهند. بطورکلی این شش آغازگر ٦۱ نوار چندشکل تولید کردند که بیشترین نوار چند شکل متعلق به نشانگر UBC827 ISSR بود. شاخص اطلاعات شانون و نی در این افراد بهترتیب برابر ۰/۵ و ۰/۳۳ بود که نشاندهنده تنوع مناسب بین ارقام مورد بررسی بود. براساس تجزیه ارتباط نشانگرها با ارزشهای فنوتیپی، ۲۰ الل از مجموع ٦۵ الل تولید شده، رابطه معنیداری با ۸ صفت از صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپهای سیبزمینی نشان دادند. صفت وزن خشک برگ با ۷ الل، بیشترین ارتباط معنیدار و صفت وزن خشک ساقه با دو الل، کمترین ارتباط معنیدار را با نشانگرها از خود نشان دادند.

کلمات کلیدی: تجزیه ارتباط، رگرسیون گام به گام، سیبزمینی

مقدمه

آگاهی از سطح تنوع ژنتیکی و برآورد میزان آن در ژرم پلاسم گیاهان و تعیین روابط ژنتیکی مواد اصلاحی، پایه و اساس بسیاری از برنامههای اصلاح نباتات به شمار میرود. درگیاهان مختلف نشانگرهای مورفولوژیکی، ایزوزیم ها، پروتئین های ذخیرهایو نیز برای بررسی تنوع و تعیین روابط ژنتیکی نشانگرهای DNA افراد استفاده شدهاند ولی به علت محدود بودن تعداد نشانگرها و تأثیرعوامل محیطی و مراحل رشدی گیاه بر نشانگرهای مورفولوژیکی و پروتئینی، نشانگرهای مبتنی بر DNA امروزه به عنوان ابزارهایی کارآ و مکمل برای تعیین سطح تنوع و تعیین روابط ژنتیکی ژنوتیپ های گیاهی استفاده می شوند(گنج خانلو و همکاران، ۲۰۱۲).

امروزه از نشانگرهای مبتنی بر DNA برای بررسی تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی استفاده گستردهایمیشود. ریزماهواره ها از جمله نشانگرهای ژنتیکی هستند که به علت ویژگی های منحصر به فرد مورد استقبال شمار زیادی از محققین قرار گرفته اند (آندایا و همکاران، ۱۹۹٦). نشانگرهای ISSR به دلیل ماهیت همبارزی و چند اللی، محتوای اطلاعات چند شکلی بالا و توزیع تصادفی در ژنوم، ابزارهای مناسب برای مطالعات تنوع ژنتیکی، تهیه نقشههای پیوستگی و نیز مکان یابی ژنها محسوب می

شوند(اسنودون و فرد، ۲۰۰٤). فراوانی ریزماهواره ها در ژنوم، سطح بالای تنوع اللی در جایگاه های ریزماهوارهای و سهولت به کارگیری این نشانگرها، آنها را از سایر نشانگرهای ژنتیکی متمایز ساخته است(اوسنا و همکاران، ۲۰۰۲).

گرجی و همکاران (۲۰۱۱) برای تمایز ۲٤ واریته سیبزمینی تتراپلوئید از نشانگر ISSR استفاده کردند. نتایج آنها نشان داد نشانگر ISSR میتواند برای تشخیص چندشکلیها در ژنوتیپهای سیبزمینی و تمایز آنها از یکدیگر مورد استفاده قرار گیرد. آنها توانستند ژنوتیپها را بر اساس تجزیه کلاستر به سه گروه متمایز نمایند. بررسی ارتباط بین نشانگرهای ژنتیکی و صفات زراعی میتواند نواحی ژنومی درگیر در کنترل این صفات را مشخص نماید. بر این اساس گبهارت و همکاران(۲۰۰٤) ارتباط معنیداری بین نشانگرهای PCR مبتنی بر ژن R1 با صفت مقاومت به بلایت را در ٦۰۰ رقم سیبزمینی نشان دادند. تورپینن و همکاران (۱۹۹۹) برای تعیین ارتباط بین فاکتورهای اکولوژیکی و تنوع ژنتیکی در جو از نشانگرهای ریزماهوارهای استفاده نمودند.

حمزا و همکاران از ۱۷ نشانگر ریزماهواره برای بررسی تنوع ژنتیکی ۲٦ رقم جو و تعیین ارتباط این نشانگرها با برخی صفات مورفولوژیک استفاده کردند. از میان ۱۷ نشانگر ریزماهواره ۱۵ نشانگر چندشکل بودند . میانگین تعداد اللها برای هر جایگاه ۳/٦ و میزان اطلاعات چندشکلی ۰/٤۵ بود. آنها همبستگی مثبت و معنی داری بین برخی از نشانگرها و دادههای مورفولوژیکی به دست آوردند (گنج خانلو و همکاران، ۲۰۱۲). چانگ و همکاران در مطالعهای از نشانگرهای ISSR برای بررسی تنوع ژنتیکی و نیز تعیین ارتباط این نشانگرها با برخی صفات زراعی سیبزمینی شیرین استفاده کردند.

مواد و روشها

مواد گیاهی: ارقام سیب زمینی شامل آگریا، ساوالان، مارکیز، پیکاسو، مارفونا، دیامانت، دزیره، بامبا، فونتانه، جلی، آریندا، سانته، امراد، سانتانا، دایفلا، میلوا، سینورا، آرنوا، لیدی رزتا و آلمرا که از مراکز تحقیقات کشاورزی تهران، اردبیل، همدان، اصفهان و مشهد جمع آوری گردید و طرح بصورت کرت ه‌ای خرد شده در قالب کاملا تصادفی اجرا گردید و صفات وزن خشک ساقه، وزن خشک برگ، وزن خشک کل اندام های هوایی، وزن خشک ریشه ها، وزن تر غدههای ریز، وزن تر غدههای درشت، تعداد غدهها و عملکرد اندازه گیری گردید.

تجزیه ISSR

استخراج DNA : تعداد ۲۰ ژنوتیپ سیبزمینی در آزمایشی بصورت کرتهای خرد شده در قالب طرح کاملا تصادفی با سه تکرار در شرایط گلخانه کشت گردید. از هر رقم چندین گیاهچه انتخاب شد و از برگ های جوان نمونه گیری و درون فالکون های ۱۵ میلی لیتری در فریزر ۸۰- نگهداری گردید. استخراج DNA به روش CTAB (موری و تامپسون 1980) انجام شد. کمیت و کیفیت نمونههای DNA با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد و اسپکتروفتومتری تعیین گردید. برای انجام واکنش زنجیرهای پلیمراز، نمونهها به حجم ۱۰ نانوگرم در میکرولیتر رقیق شدند.

به منظور انجام واکنش PCR از ۱٦ آغازگر ISSR استفاده شد. این واکنش با استفاده از دستگاه ترموسایکر شرکت ependorph در حجم ۱۰ میکرولیتر انجام شد ترکیبات این واکنش شامل ۵۰ نانو گرم DNA ژنومی به همراه ٤/۲ میلی مولار $MgCl_2$ ، ۱/٤ میلی مولار dNTP، یک واحد از آنزیم Taq پلیمراز و ۵ پیکومول از آغازگرهای ISSR انجام شد. برنامه حرارتی اعمال شده شامل مرحله واسرشته سازی اولیه به مدت ۲ دقیقه در دمای ۹٤ درجه سانتیگراد، ۳۵ چرخه شامل (مرحله واسرشته سازی ۱ دقیقه در ۹٤ درجه سانتیگراد، مرحله اتصال آغازگرها به رشته الگو ۲ دقیقه در دمای اختصاصی آغازگرها، مرحله بسط توسط DNA پلیمراز ۳۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتیگراد، مرحله بسط نهایی ۵ دقیقه در ۷۲ سانتیگراد

اعمال شد. الکتروفورز محصولات PCR با استفاده از ژل آگارز یک درصد انجام شد. امتیازدهی نوارها بصورت صفر و یک و فراوانی آللی و بصورت همبارز انجام شد. برای محاسبه شاخص های تنوع ژنتیکی از نرم افزار POPGeN استفاده گردید.

تجزیه ارتباط

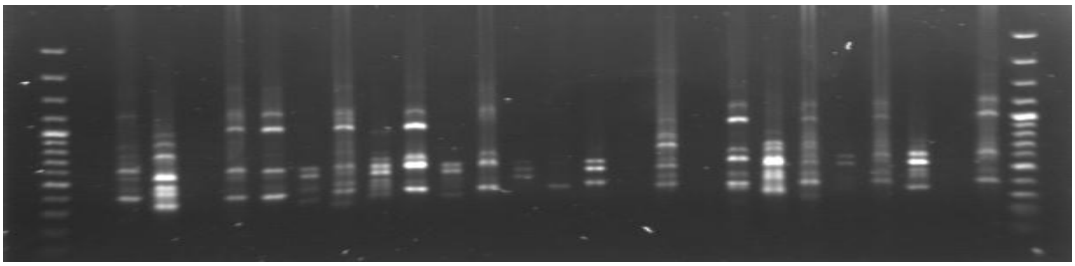
برای بررسی ارتباط بین داده های زراعی و داده های ISSR، از تجزیه همبستگی و رگرسیون و از نرم افزار SPSS V.20.0 استفاده گردید.

نتایج و بحث

دستیابی به DNA با کیفیت و کمیت مناسب پیش نیاز اولیه بررسی های ژنتیک مولکولی در هر موجودی است. غلظت و کیفیت پایین DNA اعتبار داده های حاصله را تحت تأثیر قرار داده و تکرارپذیری آن را کاهش میدهد. همچنین شکستگی DNA الگو نیز میتواند مانع تکثیر برخی از قطعههای بزرگ شود و در نتیجه تکرارپذیری نوارها را تحت ت أثیر قرار دهد. الگوی باندی الکتروفورزی و نتایج اسپکتوفتومتری نشان داد که کیفیت DNA استخراجی مطلوب است (نتایج نشان داده نشده است).

از ۱٦ نشانگر مورد استفاده ٦ نشانگر الگوی مناسبی را تکثیر دادند. میزان کل اطلاعات شاخص شانون [1] در این مطالعه ۰/۵۰ بود که نشاندهنده تنوع ژنتیکی مناسبی در ارقام مورد مطالعه بود و این نتایج توسط شاخص تنوع ژنی Ne (۰/۳۳) نیز مورد تأیید قرار گرفت. تعداد کل آلل مشاهده شده در این بررسی ٦۵ آلل بود که از این بین ٦۱ آلل (۹۳/۸۵٪) دارای چندشکلی بودند.

نشانگر UBC۸۳۵ دارای ۸ آلل بود که بیشترین و کمترین فراوانی برابر ۱۵ و ۲/۷ درصد بترتیب بود. نشانگر UBC۸۵۵ دارای ۹ آلل بود که ۳ آلل در تمامی افراد جمعیت مشاهده گردیدند و مونومورف بودند و آلل ۲ کمترین فراوانی (۲.۵٪) را نشان داد. نشانگر UBC۸۳٤ دارای 6 آلل بود که آلل 2 در تمامی افراد جمعیت مشاهده گردید و آلل ٦ کمترین فراوانی (٤/۱٪) را نشان داد. نشانگر UBC۸۲۷ دارای ۱۸ آلل بود که آلل ۱۳ دارای بیشترین فراوانی(۱۳٪) و آلل ۱۸ کمترین فراوانی (۰/۷۷٪) را نشان داد. نشانگر UBC۸۱۲ دارای ۱۰ آلل بود که آلل ٦ دارای بیشترین فراوانی(۱٤/٦۹٪) و آلل ۱و ۵ کمترین فراوانی (۰/۷٤٪) را نشان داد. نشانگر UBC۸۰۷ دارای ۱۰ آلل بود که آلل ۷ دارای بیشترین فراوانی(۱۹/۸۹٪) و آلل ۳ کمترین فراوانی (۲/۸٪) را نشان داد.



شکل۱- الگو باندی آغازگر UBC۸۰۷ در ارقام مورد مطالعه

تجزیه ارتباط

[1] Shannon Index

میانگین تعداد الل هر نشانگر ریزماهواره، مناسب بودن هر مکان ژنی را برای تخمین تنوع ژنتیکی نشان میدهد. بنابراین آغازگرهایی که تعداد الل زیادی نشان دادهاند، برای بررسی تنوع ژنتیکی مناسب تشخیص داده میشوند. (رودر و همکاران، ۱۹۹۸)

جدول۱- همبستگی بین نشانگرهای ISSR و برخی صفات زراعی سیبزمینی

شماره آلل	نام نشانگر	وزن خشک ساقه	وزن خشک برگ	وزن خشک کل اندام های هوایی	وزن خشک کل ریشه ها	وزن تر غده های ریز	وزن تر غده های درشت	تعداد غده ها	عملکرد
۱	۸۳۵	-۰/۱۹	-۰/۵۱۸*	-۰/۳۶	-۰/۰۳	۰/۲۱	۰/۱۲	۰/۳۵	۰/۱۳
۳	۸۳۵	-۰/۳۳	-۰/۵۳۸*	-۰/۴۴۵*	-۰/۰۶	۰/۲۹	۰/۱۵	۰/۴۷۰*	۰/۱۶
۱۲	۸۳۵	-۰/۴۸۴*	-۰/۴۶۲*	-۰/۴۹۸*	-۰/۴۸۳*	۰/۰۰	۰/۱۲	۰/۲۹	۰/۱۲
٤	۸۵۵	۰/۱۱	۰/۰۲	۰/۰۷	۰/۰۵	۰/۵۲۰*	-۰/۳۲	-۰/۲۵	-۰/۳۰
۵	۸۵۵	۰/۰۷	۰/۲۷	۰/۱۷	۰/۳۹	۰/۴۸۶*	۰/۰۱	-۰/۰۵	۰/۰۲
۷	۸۵۵	۰/۲۸	۰/۱۵	۰/۲۳	۰/۴۶۱*	۰/۳۸	-۰/۲۲	-۰/۲۳	-۰/۲۱
۱	۸۳٤	-۰/۳۱	-۰/۳۲	-۰/۳۳	-۰/۴۹	۰/۲۳	۰/۵۹۵**	۰/۳۷	۰/۶۰۶**
۳	۸۳٤	۰/۳۹	۰/۴۵۷*	۰/۴۴	۰/۲۳	۰/۱۵	-۰/۰۲	-۰/۳۱	-۰/۰۱
٤	۸۳٤	۰/۴۵۸*	۰/۴۹۹*	۰/۵۰۲*	۰/۳۶	۰/۰۱	۰/۰۳	-۰/۱۵	۰/۰۳
٦	۸۳٤	۰/۳٤	۰/۵۵۷*	۰/۴۶۱*	۰/۰۹	-۰/۲۲	۰/۱۷	-۰/۱۳	۰/۱۷
۱	۸۲۷	۰/۲۳	۰/۱۱	۰/۱۸	۰/۵۰۷*	۰/۰۶	-۰/۶۲۷**	-۰/۳۶	-۰/۶۲۸**
۳	۸۲۷	۰/۳۸	۰/۱۶	۰/۳۰	۰/۵۰۰*	۰/۰۶	-۰/۱۲	-۰/۱٤	-۰/۱۲
۸	۸۲۷	۰/۳۲	۰/۲۰	۰/۲۸	۰/۳۹	-۰/۰۸	-۰/۴۶۸*	-۰/۴۳	-۰/۴۷۴*
۱۳	۸۲۷	-۰/۰۹	۰/۰۸	-۰/۰۲	-۰/۲۷	-۰/۵۶۲**	۰/۱۰	۰/۰۲	۰/۰۸
۱	۸۱۲	-۰/۳۹	-۰/۴۵۷*	-۰/۴٤	-۰/۲۳	-۰/۱۵	۰/۰۲	۰/۳۱	۰/۰۱
۳	۸۱۲	-۰/۰۳	۰/۱۶	۰/۰۶	-۰/۱۷	-۰/۰۹	-۰/۴۳	-۰/۴۸۱*	-۰/۴٤
٤	۸۱۲	۰/۲۲	۰/۳۷	۰/۳۰	۰/۰٤	-۰/۳۸	-۰/۲۷	-۰/۵۵۹*	-۰/۲۸
۵	۸۱۲	۰/۳۱	۰/۳۲	۰/۳۳	۰/۴۲	-۰/۲۳	-۰/۵۹۵**	-۰/۳۷	-۰/۶۰۶**
۸	۸۱۲	-۰/۰۱	۰/۱۳	۰/۰۶	-۰/۰۵	۰/۳۱	-۰/۴۹۳*	-۰/۳۲	-۰/۴۸٤*
٦	۸۰۷	۰/۲۹	۰/۱۶	۰/۲۵	۰/۱۵	۰/۱۳	-۰/۵۱۵*	-۰/۵۷۸**	-۰/۵۱۳*

اولین آلل نشانگر UBC۸۳۵ با وزن خشک برگ همبستگی منفی معنی داری در سطح ۵٪ نشان داد.آلل سوم نشانگر UBC۸۳۵ با وزن خشک برگ، وزن خشک کل اندام های هوایی همبستگی منفی و با تعداد غده ها همبستگی مثبت معنی

داری در سطح ۵٪ نشان داد. .آلل ۱۲ نشانگر UBC۸۳۵ با وزن خشک ساقه، وزن خشک برگ، وزن خشک کل اندام های هوایی و وزن خشک کل ریشه ها همبستگی منفی و معنی داری در سطح ۵٪ نشان داد. آلل ٤و٥ نشانگر UBC۸۵۵ با وزن تر غده های همبستگی مثبت و معنی داری در سطح ۵٪ نشان داد.و آلل ۷ این نشانگر با وزن خشک کل ریشه ها همبستگی مثبت و معنی داری در سطح ۵٪نشان داد. آلل ۱ نشانگر UBC۸۳٤ با وزن تر غده های درشت و نیز با عملکرد همبستگی مثبت معنی داری در سطح ۱٪ نشان داد.آلل سوم این نشانگر با وزن خشک برگ، آلل ٤ با وزن خشک ساقه، وزن خشک برگ و کل اندام های هوایی و آلل ٦ با وزن خشک برگ و کل اندام های هوایی رابطه و همبستگی مثبت و معنی داری در سطح ۵٪داشتند. آلل ۱ نشانگر UBC۸۲۷ با وزن خشک کل ریشه ها همبستگی مثبت و معنی داری در سطح ۵٪ ولی با وزن تر غده های درشت و عملکرد همبستگی منفی و معنی داری در سطح ۱٪ داشت.آلل ۳ این نشانگر با وزن خشک کل ریشه ها همبستگی مثبت و معنی داری در سطح ۵٪ نشان داد و آلل ۸ آن با وزن تر غده های درشت و عملکرد همبستگی منفی و معنی داری در سطح ۵٪ نشان داد این درحالی است که آلل ۱۳ این نشانگر با وزن تر غده های ریز در سطح ۱٪ همبستگی منفی و معنی داری دارد.آلل ۳و ٤ نشانگر UBC۸۱۲ با تعداد غده ها در سطح ۵٪ همبستگی منفی و معنی داری دارد و آلل ۱ این نشانگر با وزن خشک برگ همبستگی منفی در سطخ ۵٪ دارد.همچنین آلل ۵ و ۸ آن به ترتیب در سطح ۱٪ و ۵٪ با وزن تر غده های درشت و عملکرد همبستگی منفی و معنی داری نشان دادند. آلل ۷ نشانگر UBC۸۰۷ با وزن تر غده های درشت و عملکرد در سطح ۵٪ و با تعداد غده ها در سطح ۱٪ همبستگی منفی و معنی داری نشان داد. وزن خشک برگ با ۷ الل بیشترین الل مرتبط را داشت و وزن خشک ساقه با دو الل کمترین ارتباط را دارا بود.از بین صفات، وزن خشک برگ و وزن خشک کل ریشه ها با ۳ الل مثبت بیشترین و وزن خشک ساقه، تعداد غده ها، وزن تر غده های درشت و عملکرد با یک الل کمترین تعداد الل مثبت مرتبط را داشتند. نیز وزن تر غده های درشت و عملکرد با ۵ الل منفی بیشترین و وزن خشک ساقه، وزن خشک کل ریشه ها ، وزن تر غده های ریز با یک الل کمترین تعداد الل منفی را دارا بودند.

نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون براساس صفات ISSR برای عملکرد و با استفاده از روش گام به گام در جدول ۲ آورده شده است.

جدول۲- مدل های پیشنهادی رگرسیون بر اساس صفات ISSR برای عملکرد با استفاده از روش گام به گام

مدل	رگرسیون	ضریب تبیین	ضریب تبیین تصحیح شده	خطای معیار	عدد دوربین –واتسون
۱	۰/٦٥۳	۰/٤۲٦	۰/۳۹۲	۲۸/٤۰	
۲	۰/۷٦٤	۰/٥۸٤	۰/٥۳۲	۲٤/۹۲	۱/٥٦٥

همانطور که در جدول فوق مشاهده میکنیم، مدل پیشنهادی دوم بخاطر اینکه رگرسیون و ضریب تبیین تصحیح شده بالاتری نسبت به مدل اول دارد، بنابراین رگرسیون بر اساس صفات ISSR برای عملکرد را بهتر توجیه مینماید.

جدول۳- تجزیه واریانس

مدل		مجموع مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات	F	معنی داری
۱	رگرسیون	۱۰۱۸۷/۱۱٥	۱	۱۰۱۸۷/۱۱٥	۱۲/٦۲٦	۰/۰۰۲ b
	باقیمانده	۱۳۷۱٦/۰٤٤	۱۷	۸۰٦/۸۲٦		

	کل	۲۳۹۰۳/۱۵۹	۱۸			
	رگرسیون	۱۳۹۶۵/۳۳۱	۲	۶۹۸۲/۶۶۵	۱۱/۲۴۲	۰/۰۰۱ c
۲	باقیمانده	۹۹۳۷/۸۲۸	۱۶	۶۲۱/۱۱۴		
	کل	۲۳۹۰۳/۱۵۹	۱۸			

رابطه بین متغیرهای ISSR و عملکرد (رگرسیون) در هر دو مدل معنیدار گردیده است.(جدول ۳) گرچه هر دو مدل نشاندهنده ارتباط زیاد متغیرهای ISSR با عملکرد میباشد ولی مدل دوم بعلت دارا بودن ضریب تبیین تصحیح شده بالاتر نسبت به مدل اول بهتر و قابل توجیه تر است.

گنج خانلو و همکاران(۲۰۱۲) ارتباط معنی داری میان نشانگرهای ریزماهواره با صفات وابسته به تحمل یخزدگی در جو را نشان دادند.نتایج تجزیه ارتباط با استفاده از تجزیه رگرسیون گام به گام نشان داد رابطه معنیداری بین برخی از نشانگرهای ریزماهواره و صفات اندازهگیری شده وجود دارد.

گاناپولوس و همکاران(۲۰۱۱) ارتباط بین برخی صفات زراعی و نشانگرهای ISSR را در چندین واریته به مطالعه کردند.نتایج آنها نشان داد که ۱۳ نشانگر توانستند ۱۰۹ باند چندشکل از مجموع ۱۳۹ باند تولید کنند. میزان چندشکلی نشانگرها ۷۹٪ و میانگین تنوع ژنی ۰/۳۰۹ بود. با استفاده از روش رگرسیون چندگانه (گام به گام) تعدادی از نشانگرهای ISSR ارتباط معنیداری با عملکرد نشان دادند.

نتایج این تحقیق نشان داد که برخی از نشانگرهای ISSR با بیش از یک صفت ارتباط داشته و با توجه به وجود همبستگی معنیدار بین صفات زراعی میتوان دریافت که برخی از این صفات با یکدیگر پیوستگی نزدیکی دارند.

منابع:

Abdollahi Mandoulakani, B., A. Alami and M. Esfahani. **2010**. Association analysis for morphological traits in peanut (*Arachis hypogea* L.) using microsatellite markers. Iranian Journal of Crop Sciences. 12 (4) 510-519. (In Persian)

Andaya, V.C., Tabanao, D., Maramara, G., and Sebastian, L. S. 1996. Correlation of molecular diversity with heterosis in nine low land rice. Philippine Journal of Crop Science 21 (Supplement no. 1): 4 (Abstract).

Chang, K., Lo, H., Lai, Y., Yao, P., Lin, K., Hwang, S., 2009. Identification of quantitative trait loci associated with yield-related traits in sweet potato (*Ipomoea batatas*).Botanical Studies. 50: 43-55.

Ganj-khanlou, O., Mohammadi, A., Moghaddam, M., Ghasemi Golozari, K., Shakiba, M., Yousefi, A., **2012**. Genetic Diversity in Barley as Revealed by Microsatellite Markers and Association Analysis of These Markers by Traits Related to Freezing Tolerance. Sapling and Seed Eugenics Journal.1-28: 101-114

Ganopoulos, I., Merkouropoulos, G., Pantazis, S., Tsipouridis, C., Tsaftaris, A., 2011 Assessing molecular and morpho-agronomical diversity and identification of ISSR markers associated with fruit traits in quince (*Cydonia oblonga*). Genetics and Molecular Research 10 (4): 2729-2746

Gebhardt, C., A. Ballvora, B. Walkemeier, P. Oberhagemann and K. Schuler. 2004. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. Mol. Breed. 13: 93–102.

Gorji A.M, Pocazi P. and Polgar. 2011. Efficiency of Arbitrarily Amplified Dominant Markers (SCOT, ISSR and RAPD) for Diagnostic Fingerprinting in Tetraploid Potato. AM. J. Pot Res 88:226-237

Hamza, S., Hamida, W. B., Rebai, A., and Harrabi, M. 2004. SSR-Based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. Euphytica 135: 107-118.

Ovesna, J., Polakova, K., and Leisova, L. 2002. DNA analyses and their applications in plant breeding. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding 38: 29-40.

Röder M.S., V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M.H. Tixier, P. Leroy and M.W. Ganal (1998). A microsatellite map of wheat. Genetics 149:2007–2023.

Snowdon, R. J., and Fried, W. 2004. Molecular markers in Brassica oilseed breeding, current status and future possibilities. Plant Breeding 123: 1- 8.

Turpeinen, T., Tenhola, T., Manninen, O., Nevo, O., and Nissilä, E., 2001. Microsatellite diversity associated with ecological factors in *Hordeum spontaneum* populationsin Israel, *Mol. Ecol.* 10: 1577–1592.

Association analysis of agronomical traits using ISSR Markers in Twenty potato cultivars

Ahmad Sakhdari[1], Saeed Malekzadeh Shafaroudi[2], Ali Asghari[3],Mahnaz Kiani Feriz[4]
1: Student of MSc. in plant breeding from Mohaghegh Ardabil University,Ahmadsakhdari@yahoo.com
2: Assistant Professor, Ferdowsi University of Mashhad
3: Associate Professor, University of Mohaghegh Ardabil
4: Assistant Professor, Institute of Plant Sciences, Ferdowsi University of Mashhad

Genetic diversity in potato cultivars using ISSR markers and 20 markers associated with yield-related traits were studied. After DNA extraction, amplification products were identified and their banding patterns were scored. Data based on the average level of polymorphism and genetic diversity calculated for each primer and the genotypes were grouped. Shoot dry weight, leaf dry weight, total shoots dry weight, roots dry weight, tuber number, tuber weight small, tuber weight large, yield traits of potato genotypes were determined. The 16 ISSR primers that only 6 primers amplified some regions of the cultivars genomes. Overall, the six primers produced 61 polymorphic UBC827 most polymorphic markers were owned. Shannon's and Ne index was 0.5 and.0.33 respectively, which represents variation between cultivars was benefit. Analysis associated with the phenotypic markers, 20 alleles of 65 alleles produced statistically significant attribute of the 8 traits found in potato genotypes. . Leaf dry weight by 7 alleles, the most significant and shoot dry weight, with two alleles, the least correlated with the markers indicated.

Key words: Association analysis, Stepwise Regression, Potato