



تمایز تنوع موجود در ژنوتیپ‌های متحمل و حساس به تنش خشکی در نخود زراعی (Cicer arientinum L.) به کمک نشانگر SSR

سروش صابری محمودآبادی^۱، سعیدرضا وصال^۲، عبدالرضا باقری^۳، سعید ملک زاده شفاوردی^۴
^۱دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی در کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد
^۲استادیار پژوهشکده علوم گیاهی دانشگاه فردوسی مشهد
^۳استاد گروه بیوتکنولوژی و به نژادی گیاهی دانشگاه فردوسی مشهد
^۴دانشیار گروه بیوتکنولوژی و به نژادی گیاهی دانشگاه فردوسی مشهد
vessalsr@um.ac.ir

نخود دومین حبوبات مهم در مناطق خشک و نیمه خشک جهان می‌باشد و تنش خشکی یکی از محدودیت‌های اصلی است که منجر به کاهش ۵۰٪ در برداشت این محصول می‌گردد. توالی‌های تکراری ساده (SSR) در بخش قابل توجهی از مناطق متغیر ژنوم یوکاریوت‌ها وجود دارند و به وسیله PCR می‌توانند چندشکلی در یک صفت کمی را نشان دهند. در این پژوهش به منظور تشخیص مولکولی ژنوتیپ‌های نخود متحمل و حساس به خشکی از ۸ جفت آغازگر SSR استفاده شد که از میان آنها ۷ جفت آغازگر چندشکلی مناسبی ایجاد کردند. با تکثیر DNA ژنومی بوسیله آغازگرها و الکتروفورز محصولات حاصل، در مجموع ۳۹ آلل چند شکل تولید شدند. محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) نیز بین ۰/۲۶ تا ۰/۸۳ متغیر بود. آنالیز خوشه‌ای براساس الگوریتم روش جفت گروه بدون وزن با میانگین حسابی (UPGMA) و ضریب تشابه جاکارد برای داده‌های مولکولی، ژنوتیپ‌ها را در چهار خوشه اصلی تقسیم بندی نمود. ژنوتیپ MCC544 که متحمل به شوری و خشکی بوده در یک خوشه مجزا قرار گرفت که گویای حداکثر تفاوت ژنتیکی آن‌ها با سایر ژنوتیپ‌ها بود. در این دندروگرام ژنوتیپ‌های MCC352 و MCC552 از لحاظ ژنتیکی دارای قرابت بالایی بودند که با یافته‌های مورفولوژیکی و زراعی قبلی هم مطابقت داشتند. نمودار پراکنش ژنوتیپ‌ها براساس دو معیار تشابه جاکارد و ضریب همبستگی کوفنتیک نیز وجود تفاوت ژنتیکی قابل توجه بین ژنوتیپ‌های MCC392 (متحمل) و MCC252 (حساس) را نسبت به هم تأیید کرد. نتایج حاصل نشان داد که نشانگر SSR نشانگر قابل اطمینان برای آشکارسازی سطح بالایی از چندشکلی از نظر صفت تحمل به خشکی است که برای تسریع در اهداف گزینش و به نژادی این محصول می‌تواند بسیار مهم باشد.

کلمات کلیدی: نخود، نشانگر SSR، چندشکلی، تنش خشکی.



Discrimination of chickpea (*cicer arietinum* L.) genotypes in response to drought with SSR markers

Soroush Saberi Mahmoodabaadi¹, Saeedreza Vessal², Abdolreza Bagheri³, Saeed Malekzadeh Shafaroudi⁴

¹MS.C Student of Agricultural Biotechnology, Ferdowsi University of Mashhad

² Assistant Professor, Research Center for Plant Sciences, Ferdowsi University of Mashhad

³ Professor, Department of Biotechnology and Plant breeding, Ferdowsi University of Mashhad

⁴ Associate Professor, Department of Biotechnology and Plant breeding, Ferdowsi University of Mashhad

vessalsr@um.ac.ir

Chickpea (*Cicer arietinum* L.) is the world's second most important food legume crop, cultivated in marginal lands of the arid and semi-arid regions, in which its harvest is reduced up to 50% by drought stress. Simple sequence repeat (SSR) being available in most parts of eukaryotic genomes are variable regions which can be represented as polymorphism in a quantitative trait by PCR. In this study, 8 SSR primers were used to detect tolerant chickpea genotypes from sensitive ones; of which seven pairs created an obvious polymorphism. The primers and electrophoresis produced a total of 39 polymorphic alleles. genomic DNA amplification using Polymorphic information content (PIC) ranged between 0.26 to 0.83. Cluster analysis algorithm based on the unweighted pair-group method with arithmetic mean (UPGMA) and Jaccard similarity coefficients for molecular data categorized the genotypes into four main clusters. Tolerant genotype MCC544 to drought and salinity placed in a separate cluster, indicating the maximum genetic differences from other genotypes. In this cluster analysis, genotypes MCC552 and MCC352 had the highest relationship compared with others. Scatter plot graphs based on two criteria, Jaccard similarity and the Cophentic correlation coefficient, also confirmed a considerable genetic differences between MCC392 (tolerant) and MCC252 (sensitive) genotypes. The results showed that SSR markers can be used reliably as markers of the choice to distinguish high levels of polymorphism for accelerating the selection and breeding processes.

Keywords

Chickpea, SSR marker, Polymorphism, Drought stress.