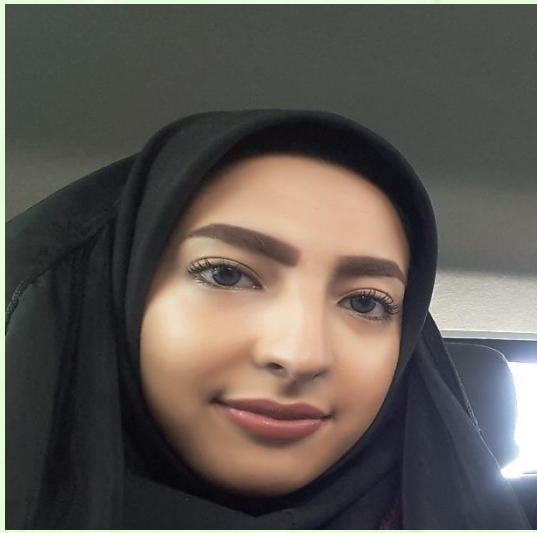
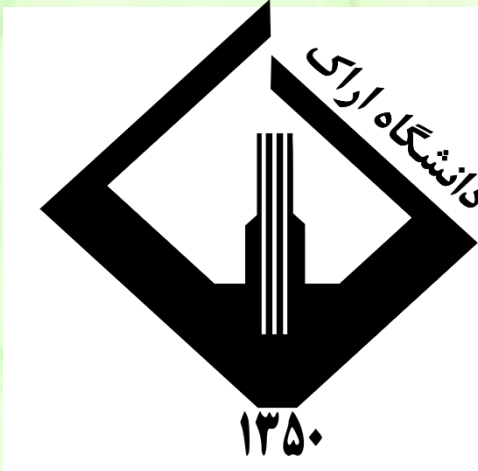




چکیده :

هدف از مطالعه حاضر، شناسایی نشانگر مولکولی SSRمرتبط با صفات مهم میوه در انگور از طریق آنالیز رگرسیونی چندمتغیره (MRA) بود. برخی از نشانگرهای SSR با صفات مورد مطالعه میوه ارتباط و همبستگی نشان دادند. برخی از این نشانگرهای آگاهی‌بخش با بیش از یک صفت ارتباط نشان دادند که می‌تواند ناشی از اثرات پلیوتروپیک QTL های مرتبط با هم در صفات مختلف باشد. به‌عنوان مثال، برخی از نشانگرهای آگاهی‌بخش با دو صفت وزن خوشه و وزن حبه همبستگی معنی‌دار نشان دادند که بیان‌کننده همبستگی مثبت این دو صفت با همدیگر می‌باشد. همچنین، برخی از این نشانگرها رابطه رگرسیونی با تعداد خوشه‌چه در خوشه (β مثبت) و وزن حبه (β منفی) نشان دادند که بیان‌کننده همبستگی منفی این دو صفت با همدیگر می‌باشد. نشانگرهای آگاهی بخش شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در انتخاب والدین مناسب برای تولید جمعیت جهت نقشه‌یابی به‌کار روند. همچنین برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر به‌خصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آن‌ها مانند نقشه لینکاژی در دسترس نیست، مفید باشد.

مقدمه :

در طی سال‌های گذشته نشانگرهای ملکولی مبتنی بر DNA به‌طور گسترده‌ای برای اهداف مختلف در گیاهان مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Sefc et al., 2001). پیشرفت دائمی در بهبود و اصلاح گونه‌های گیاهی به تنوع ژنتیکی گیاهان بستگی دارد. بنابراین شناسایی و مدیریت این تنوع برای برنامه‌های اصلاحی لازم می‌باشد. بعلاوه، آگاهی از تنوع ژنتیکی مدیریت حفاظت از ژرم‌پلاسَم گیاهی را راحت‌تر می‌نماید. اگر چه نقشه‌یابی بر پایه مکان‌های صفات کمی (Quantitative trait loci, QTL) برای ردیابی ژن‌های وابسته به این صفات مناسب می‌باشد اما این عمل وقت‌گیر و پرهزمت است (Moreno-Sanz et al., 2011). برای غلبه بر این محدودیت‌ها؛ شناسایی نشانگرهای وابسته به صفت از طریق رگرسیون مناسب به نظر می‌رسد. آنالیز رگرسیونی چندمتغیره (Multiple regression analysis, MRA) بر پایه رابطه بین نشانگرهای ملکولی (به عنوان متغیر مستقل) و صفات ریخت‌شناسی (به عنوان متغیر وابسته) روش مناسبی برای شناسایی نشانگرهای وابسته به صفت می‌باشد. این آنالیز ضریب تبیین (R^2) را تعیین می‌کند که این ضریب میزان رابطه صفت ریخت‌شناسی را با نشانگر ملکولی نشان می‌دهد (Selli et al., 2007).

نشانگرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده وابسته به خصوصیات میوه می‌توانند راهنمای خوبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای صفات با ارزش میوه باشند. در برنامه‌های اصلاحی انتخاب مواد گیاهی با کیفیت معمولاً وقت و هزینه زیادی می‌طلبد. هدف از مطالعه حاضر، شناسایی نشانگرهای SSRمرتبط با صفات مهم میوه در انگور با استفاده از آنالیز رگرسیونی چندمتغیره (MRA) بود. نتیجه این مطالعه به شناسایی ژن‌های مسوول بروز صفات مهم کمک می‌نماید که می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی به‌کار رود. همچنین نشانگرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بخصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آنها مانند نقشه لینکاژی در دسترس نیست، مفید باشد. همچنین، این نشانگرها می‌توانند در انتخاب والدین مناسب برای تولید جمعیت جهت نقشه‌یابی به‌کار بروند.

مواد و روش :

در این مطالعه، تعدادی از ۱۵ انگور از مناطق مختلف استان مرکزی مورد مطالعه قرار گرفتند. در مرحله مقدماتی، مطالعات کتابخانه‌ای به منظور بررسی سابقه موضوع و تعیین متغیرهای تحقیق انجام شد و سپس ژنوتیپ‌ها انتخاب و نشانه‌گذاری شدند. در مرحله بعد، خصوصیات کمی و کیفی میوه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مورد ارزیابی قرار گرفتند. برخی از صفات مورد مطالعه شامل طول خوشه، عرض خوشه، وزن خوشه و وزن حبه بود. برای انجام واکنش PCR برای نشانگرهای SSR ۱۲/از دستگاه ترموسایکلر (Applied Biosystem) استفاده شد. تجزیه رگرسیونی گام به گام (Stepwise) برای ردیابی رابطه بین صفات میوه مورد آزمایش (به عنوان متغیرهای وابسته) و نشانگر SSR (به عنوان متغیرهای مستقل) با استفاده از نرم افزار SPSS ver. 16 انجام شد. دو ضریب R^2 و β که با استفاده از آنالیز رگرسیونی و برای نشانگرهای مختلف وابسته به صفات محاسبه می‌شوند، مورد بررسی قرار گرفت.

تعداد نشانگر های استفاده ذکر گردد و بیان شود که نشانگر ها با چه روشی مشاهده و مورد ارزیابی قرار گرفتند.

نتایج و بحث :

رابطه بین صفات میوه و مارکرهای SSR با استفاده از MRA نتایج نشان داد که صفات میوه (به عنوان متغیرهای وابسته) رابطه معنی‌داری با برخی از مارکرهای SSR (به عنوان متغیرهای مستقل) دارن. در مجموع، ۴۱ مارکر SSR رابطه معنی‌دار با صفات میوه نشان دادند. سه مارکر SSR شامل VrZAg62-196، VVmd32-240 و Vrzag79-246 رابطه معنی‌داری با طول خوشه نشان دادند. به‌علاوه، پنج مارکر VrZAg62-186، VVmd25-247، VVS2-133، VV MD7-267 و Vvmd25-237 رابطه معنی‌داری با عرض خوشه نشان دادند. سه مارکر SSR شامل VrZAg62-186، VVmd5-222 و VVmd32-240 رابطه معنی‌داری با وزن خوشه نشان دادند. همچنین، پنج مارکر SSR شامل VrZAg62-190، VrZAg62-198، VrZAg62-186، VvMD32-252 و VvMD27-192 رابطه معنی‌داری با طول دم خوشه نشان دادند. سه مارکر SSR شامل VrZAg62-184، VVmd25-247 و VVS2-136 رابطه معنی‌داری با تعداد خوشه‌چه در خوشه نشان دادند. همچنین، هفت مارکر SSR شامل VrZAg62-202، Vrzag79-252، VVmd25-237، VVmd32-246، VVmd7-271، Vrzag79-246 و VVmd5-231 رابطه معنی‌داری با طول حبه نشان دادند.

پنج مارکر SSR شامل VVS2-144، Vrzag79-253، VVMD7-271، VrZag62-184 و VrZAg62-186 رابطه معنی‌داری با وزن حبه نشان دادند. همچنین، پنج مارکر SSR شامل VrZAg62-186، VVMD7-271، VVmd32-253، VVMD7-260 و VVmd32-240 رابطه معنی‌داری با رنگ حبه نشان دادند. چهار مارکر SSR شامل VVS2-140، VVS2-131، VVmd5-230 و VVmd5-238 رابطه معنی‌داری با مواد جامد محلول نشان SSR شامل دادند. همچنین، شش مارکر SSR شامل VVmd27-179، VVmd32-253، VVS2-123، Vrzag79-244 و VVmd5-226 رابطه معنی‌داری با تعداد بذر نشان داد.

نتایج نشان داد که برخی از مارکرهای SSR با بیش از یک صفت میوه رابطه رگرسیونی معنی‌دار دارند. برخی از نشانگرها با بیش از یک صفت میوه ارتباط نشان دادند (Leao et al.). به‌علاوه، مارکر SSR VrZAg62-184 رابطه رگرسیونی معنی‌دار با تعداد خوشه‌چه در خوشه (β مثبت) و وزن حبه (β منفی) نشان دادند. همبستگی منفی بین این دو صفت گزارش شده است (Leao et al. 2011).

تجزیه رگرسیونی چندمتغیره (MRA) یک روش مناسب و سریع برای یافتن رابطه بین صفات و نشانگرها می‌باشد (Ruan and Mopper, 2009). نشانگرهای شناسایی شده در این مطالعه که با صفات میوه همبستگی نشان داده‌اند می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی MAS به برونند. مزایای بارز این آنالیز این است که این روش می‌تواند مکان‌های صفات کمی (QTL) را ردیابی کند. همچنین نیاز به زمان و هزینه کمتری داشته و به تشکیل جمعیت جهت نقشه‌یابی نیاز ندارد (Virk et al., 1996).

از نظر صفات مهم گل و میوه کاری دشوار می‌باشد اما با شناسایی نشانگرهای وابسته به صفت (MAS)، می‌توان نتاج برتر را در مراحل اولیه رشد آنها شناسایی کرد.

با توجه به نتایج مطالعه حاضر، می‌توان نتیجه گرفت که نشانگرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده وابسته به خصوصیات میوه در انگور می‌توانند راهنمای خوبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای صفات با ارزش میوه باشد. در برنامه‌های اصلاحی انتخاب مواد گیاهی با کیفیت معمولاً وقت و هزینه زیادی می‌طلبد. با این‌حال، نشانگرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بخصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آنها مانند نقشه لینکاژی در دسترس نیست، مفید باشد. همچنین، این نشانگرها می‌توانند در انتخاب والدین مناسب برای تولید جمعیت جهت نقشه-یابی به‌کار بروند.

منابع مورد استفاده :

- Borrego J, Rodriguez I, Andres MT, Martin J, Chavez J, Cabello F, Ibanez J (2001) Characterization of the most important Spanish grape varieties through isoenzyme and microsatellite analysis. Proc Int Symp Mol Markers, Acta Hortic 546:371–375
- Leão P., Cruz C., Motoike S. (2011) Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. Scientia Agricola 68(1):42-49
- Moreno-Sanz P, M Dolores Loureiro, B Suárez (2011) Microsatellite characterization of grapevine (*Vitis vinifera* L.) genetic diversity in Asturias (Northern Spain) Sci Hortic 129: 433–440
- Ruan CJ, Li H, Mopper S. Characterization and identification of ISSR markers associated with resistance to dried-shrink disease in sea buckthorn. Mol Breed. 2009; 24(3): 255–268.
- Sefc K.M., F. Lefort, M.S. Gando, K.D. Scott, H. Steinkeller, M.R. Thomas, Microsatellite markers for grapevine: a state of the art, in: K.A. Roubelakis-Angelakis (Ed.), Molecular Biology and Biotechnology of the Grapevine, Kluwer Academic Publishers, Amsterdam, The Netherlands, 2001, pp. 433–463.
- Selli F, Bakir M, Inan G, Aygun H, Boz Y, Yasasin AS, Ozer C, Akman B, Soylemezoglu G, Kazan K, Ergul A (2007) Simple sequence repeat-based assessment of genetic diversity in ‘Dimrit’ and ‘Germe’ grapevine accessions from Turkey. Vitis 46:182–187
- Virk PS, Ford-Lloyd BV, Jackson MT, Pooni HS, et al. Predicting quantitative variation within rice germplasm using molecular markers. Hered. 1996; 76: 296–304.