



ارزیابی روابط ژنتیکی بین ۳۶ ژنوتیپ از گونه‌های کلزا (*Brassica sp.*) با استفاده از نشانگر مولکولی ISSR

بنفشه محبوب^۱، حمید نجفی زرینی^۲ و سیدحمیدرضا هاشمی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، (نویسنده مسوول: mahjoobbanafshe@yahoo.com)

۲- استادیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

۳- کارشناس ارشد، پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

تاریخ دریافت: ۹۲/۶/۲۹ تاریخ پذیرش: ۹۲/۱/۱۱

چکیده

مطالعه روابط ژنتیکی، پیش‌نیازی برای اصلاح گیاهان زراعی و هم‌چنین پیش‌نیازی برای حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی است. با توجه به اینکه کلزای هیبرید عملکرد بیشتری از لاین‌های اینبرد دارد، لزوم تعیین تنوع ژنتیکی در این گیاه از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است در این مطالعه تنوع ژنتیکی ۳۶ ژنوتیپ جنس *Brassica* با استفاده از ۱۳ نشانگر ISSR مورد ارزیابی قرار گرفت. در مجموع ۲۶۷ قطعه تکثیری امتیازدهی شدند که از این تعداد ۲۵۷ مکان چندشکلی (۹۶/۳۸٪) نشان دادند. میانگین PIC و MI به ترتیب ۰/۳۴ و ۶/۴۸ بدست آمد. آغازگر ISSR16 بالاترین مقدار PIC، ۰/۴ را نشان داد. نتایج نشان داد که میانگین شاخص‌های نشانگری شامل تنوع ژنتیکی نی، ضریب شانون، تعداد آلل موثر به ترتیب ۰/۳۴، ۱/۵۸، ۰/۵۱ می‌باشد. ترسیم تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ضریب تشابه جاکارد و الگوریتم UPGMA ژنوتیپ‌های مورد بررسی را به ۳ گروه و ۳ گروه فرعی تفکیک نمود که حاکی از گروه‌بندی بر اساس دو سطح پلوئیدی، تنراپلوئید و دیپلوئید می‌باشد. تنوع ژنتیکی نشان داده شده بوسیله نشانگر ISSR در این پژوهش نشان‌دهنده این است که این نشانگر میتواند برای شناسایی تفاوت‌های بین‌گونه‌ای و هم‌چنین داخل گونه‌ای در مطالعات فیلوژنتیکی استفاده شود و به‌منظور بررسی دقیق‌تر روابط و ساختار ژنتیکی ژنوتیپ‌های کلزا هم‌زمان با بکارگیری صفات مورفولوژیکی پیشنهاد می‌شود.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، نشانگرهای ISSR، کلزا

مقدمه

روغن می‌باشد (۴). بر اساس FAO 2012 کلزا به‌عنوان گیاه دانه روغنی، بیشترین سطح زیر کشت را در جهان بعد از آفتابگردان و سویا دارا می‌باشد (۷). به‌طور کلی روغن کلزا در مقایسه

کلزای زراعی (*Brassica napus*) از مهم‌ترین گیاهان دانه روغنی در دنیا می‌باشد به‌طوری که دانه کلزا حاوی ۴۰-۴۶ درصد

تحت تأثیر سن گیاه و محیط قرار دارند، امروزه از روش‌های مطمئن‌تری مانند نشانگرهای مولکولی استفاده می‌شود (۸). استفاده از نشانگرهای DNA به‌عنوان ابزارهای کارآمد و مکمل جهت بررسی و برآورد سطح تنوع ژنتیکی و روابط بین افراد گونه و جمعیت، به طور چشمگیری افزایش یافته است. استفاده از این روش‌ها، نه تنها دقت، قدرت، سرعت اندازه‌گیری و برآوردها را افزایش داده، بلکه موجب تولید حجم عظیم داده‌ها شده است (۱۳).

در میان تکنیک‌های انگشت‌نگاری DNA، ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) به وسیله واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز در حضور یک آغازگر مکمل با توالی موتیف ریزماهورها در ژنوم تکثیر می‌شود (۲). ISSR اولین بار توسط زتکیوویچ و همکاران (۲۷) ارائه گردید. این نشانگر قابلیت تکثیر بین جایگاه‌های ریزماهورها را داشته و به اطلاعات قبلی از توالی ژنوم موردنظر، نیاز ندارد (۲۴). این نشانگرها از یک سو همانند نشانگرهای RAPD از نظر تکنیکی ساده و تصادفی بوده و از طرف دیگر تکرارپذیری نشانگرهای SSR را به دلیل طویل بودن طول آغازگرهایشان دارا می‌باشند (۲۴،۴). یک روش سریع، کم هزینه و مطمئن برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و نشان دادن روابط خویشاوندی کلزا می‌باشد.

ردی و همکاران (۱۸) گزارش کردند که ارزیابی معتبر و قابل تکراری برای بررسی تنوع ژنتیکی در بسیاری از گیاهان بوسیله تکنیک ISSR انجام می‌شود. تکنیک ISSR بطور

با روغن‌های حاصل از دانه‌های روغنی نظیر آفتابگردان، ذرت و سویا به دلیل دارا بودن اسیدهای چرب اشباع نشده و عدم وجود کلسترول از کیفیت تغذیه‌ای بالایی برخوردار است (۹). کلزا گیاهی است خودگشن که میزان خودگشنی در آن ۶۷ تا ۷۸ درصد می‌باشد.

گونه‌های مهم کلزا شامل *B. napus*، *B. juncea* و *B. rapa* هستند. گونه *B. napus* یک گونه آمفی‌دیپلوئید طبیعی است که از تلاقی گونه روغنی (*B. rapa*(AA)) با کلم (*B. oleracea*(CC)) و دو برابر شدن کروموزوم‌های هیبرید حاصله بدست آمده است (۱). با توجه به اینکه کلزای هیبرید (دورگ) عملکرد بیشتری از لاین‌های اینبرد دارد، لزوم تعیین تنوع ژنتیکی در این گیاه از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است و استفاده از روش‌های جدید ارزیابی تنوع ژنتیکی به‌منظور انتخاب والدین دورگ و تعیین میزان قرابت ارقام ضروری می‌باشد. در آغاز یک برنامه اصلاحی، آگاهی از روابط خویشاوندی و فیلوژنی در میان ژنوتیپ‌ها، تکمیل‌کننده اطلاعات فنوتیپی در پیشبرد اصلاح جمعیت‌هاست. بنابراین آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به‌عنوان اجزاء مهم پروژه‌های اصلاح نباتات کلزا تلقی می‌گردند.

جهت بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی ژنوتیپ‌های گیاهی روش‌های متفاوتی از جمله روش‌های کلاسیک وجود دارد که استفاده از صفات مورفولوژیک می‌باشد، اما با توجه به اینکه تعداد صفات مورفولوژیک محدود بوده و

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی: در این تحقیق از ۳۶ ژنوتیپ جنس براسیکا از موسسه کشت و توسعه دانه‌های روغنی تهیه شد. ژنوتیپ‌ها از دو سطح پلوییدی دیپلوئید و تتراپلوئید انتخاب گردید به گونه‌ای که مقایسه‌ای در گروه‌بندی بر اساس گونه و سطح پلوییدی داشته باشیم، شامل ۲۲ ژنوتیپ *B. napus* و ۵ ژنوتیپ *B. rapa* و ۵ ژنوتیپ *B. juncea* و ۴ ژنوتیپ *B. nigra* استفاده شد (جدول ۱). نمونه‌گیری از برگ‌های جوان در مرحله ۵ برگی انجام شد.

موفق‌آمیزی در مطالعه تنوع ژنتیکی بین و درون گونه‌ها در بسیاری از گونه‌های گیاهی شامل برنج (۱۰)، ذرت (۱۱)، گندم (۱۴)، پنبه (۲۱)، کلزا (۲۳)، گلرنگ (۲۶)، تتون (۲۵)، استفاده شده است. این پژوهشگران اشاره کردند که ISSR بازتاب خوبی از تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای، بین گونه‌ای و بین ارقام را نشان می‌دهد. هدف از این پژوهش شناسایی نشانگرهای ISSR موثر در تفکیک گونه‌های جنس براسیکا می‌باشد. در واقع آیا این ژنوتیپ‌ها بر اساس سطوح پلوییدی (دیپلوئیدی و آلوتتراپلوئیدی) تفکیک می‌شوند یا بر اساس گونه مورد نظرشان.

جدول ۱- کد و گونه ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این تحقیق

شماره	کد ژنوتیپ	گونه ژنوتیپ	شماره	کد ژنوتیپ	گونه ژنوتیپ
۱	ARC116	<i>B. napus</i>	۲۰	Okapi	<i>B. napus</i>
۲	ARC118	<i>B. napus</i>	۲۱	ARC115	<i>B. napus</i>
۳	ARC135	<i>B. juncea</i>	۲۲	Arc109	<i>B. napus</i>
۴	ARC165	<i>B. rapa</i>	۲۳	ARC137	<i>B. juncea</i>
۵	ARC156	<i>B. nigra</i>	۲۴	ARC104	<i>B. napus</i>
۶	ARC170	<i>B. rapa</i>	۲۵	ARC103	<i>B. napus</i>
۷	RGS003	<i>B. napus</i>	۲۶	Arc108	<i>B. napus</i>
۹	ARC160	<i>B. nigra</i>	۲۷	ARC119	<i>B. napus</i>
۱۰	Sarigol	<i>B. napus</i>	۲۸	ARC122	<i>B. napus</i>
۱۱	ARC121	<i>B. napus</i>	۲۹	ARC148	<i>B. nigra</i>
۱۲	ARC131	<i>B. juncea</i>	۳۰	ARC107	<i>B. napus</i>
۱۳	ARC138	<i>B. juncea</i>	۳۱	ARC114	<i>B. napus</i>
۱۴	Zafam	<i>B. napus</i>	۳۲	ARC120	<i>B. napus</i>
۱۵	ARC163	<i>B. rapa</i>	۳۳	ARC164	<i>B. rapa</i>
۱۶	ARC130	<i>B. juncea</i>	۳۴	ARC117	<i>B. napus</i>
۱۷	Licard	<i>B. napus</i>	۳۵	ARC155	<i>B. nigra</i>
۱۸	ARC112	<i>B. napus</i>	۳۶	ARC102	<i>B. napus</i>
۱۹	ARC169	<i>B. rapa</i>			

کمی تغییرات انجام و کمیت و کیفیت نمونه‌ها با روش الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد و

استخراج DNA: استخراج DNA با استفاده از روش دلاپورتا و همکاران (۵) با

آزمون مانتل (۱۲)، از ضریب تشابه جاکارد برای محاسبه تشابه بین ژنوتیپها استفاده گردید و گروه‌بندی ژنوتیپها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر مبنای میانگین حسابی فاصله‌ها^۱UPGMA با نرم‌افزار NTSYSpc ver 2.02 محاسبه و نمودار خوشه‌ای آن ترسیم گردید. به منظور انتخاب تعداد مطلوب خوشه از تجزیه واریانس مولکولی AMOVA^۲ با استفاده از GenAlex ver 6.5 استفاده شد. تجزیه به مختصات اصلی PCOA^۳ و رسم نمودار دو بعدی بای پلات با استفاده از GenAIEx 6.5 انجام گردید. میزان اطلاعات چندشکلی PIC^۴ از طریق فرمول $PIC = [2 \pi (1 - \pi)] / n$ صورت گرفت (۱۷) که در آن، π فراوانی باند نام تقسیم بر تعداد ژنوتیپ‌هاست، n تعداد نوارهای ایجاد شده (۱۳) و شاخص نشانگری (MI=Marker Index) برای هر آغازگر با استفاده از رابطه $MI = PIC \times EMR$ محاسبه گردید (۱۷) که EMR^۵ از نسبت نشانگرهای چند شکل به کل نشانگرها، بدست آمد. همچنین شاخص‌های نشانگری شامل، I^E (شاخص تنوع شانون)، h^E (متوسط تعداد آل موثر در هر مکان ژنی)، h^A (تنوع ژنتیکی نی) نیز با استفاده از GenAIEx 6.5 محاسبه گردید.

در این تحقیق ۱۳ آغازگر مورد استفاده قرار گرفت. در مجموع ۲۶۷ باند امتیازدهی شد که از بین آنها ۲۵۷ باند چند شکل بودند (جدول ۲). از بین آغازگرهای مورد استفاده، آغازگر ISSR16 با ۲۷ نوار بیشترین تعداد نوار

اسپکتروفوتومتری تعیین شد و رقیق‌سازی لازم با توجه به غلظت هر نمونه جهت استفاده در واکنش‌های PCR انجام گردید. در این تحقیق از ۱۳ آغازگر ISSR تهیه شده از شرکت فرمنتاز استفاده گردید مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در جدول ۲ ارائه شده است. هر واکنش ۱۵ میکرولیتری عبارت بود از ۸/۴ میکرولیتر آب مقطر استریل، ۱/۵ میکرولیتر بافر واکنش (10X)، ۰/۶ میکرولیتر کلریدمنیزیم ۵۰ میلی‌مولار، ۰/۳ میکرولیتر مخلوط نوکلئوتیدی ۱۰ میلی‌مولار، ۱ میکرولیتر آغازگر ۱۰ میکرومولار، یک واحد تک‌پلی‌مراز و ۲ میکرولیتر DNA با غلظت ۱۲۰ نانوگرم با استفاده از دستگاه ترموسایکلر انجام شد. چرخه حرارتی به صورت ۵ دقیقه واسرشته‌سازی اولیه در ۹۵ درجه سانتی‌گراد، سپس سیکل بصورت ۱ دقیقه واسرشته‌سازی در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۱ دقیقه مرحله اتصال آغازگر بسته به دمای اتصال (Tm) آغازگر (۵۵-۵۸)، ۱ دقیقه مرحله بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و یک چرخه نهایی به مدت ۷ دقیقه در دمای ۷۲ بود، سپس نگهداری در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد بود. مشاهده الگوی نواری محصولات تکثیر بر روی ژل آغاز ۱/۵ درصد و رنگ‌آمیزی اتیدیوم بروماید صورت گرفت.

آنالیزهای آماری

پس از ثبت اطلاعات، باندهای حاصل از هر آغازگر بر روی ژل براساس هم‌ردیفی باندها و به صورت صفر (عدم وجود باند) و یک (وجود باند) امتیازدهی شدند پس از انجام

1- Unweighted paired group method using arithmetic average
3- Principle coordinate analysis
5- Effective Multiplex Ratio
7- Effective number of alleles

2- Analysis of Molecular Variance
4- Polymorphism Information Content
6- Shannon's Information index
8- Nei's (1973) gene diversity

شاخص‌ها برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌ها و جمعیت‌ها، شاخص تنوع ژنی نی (۱۵) است. برآورد شاخص نی نشان داد که میزان تنوع ژنی بین ۰/۲۶ تا ۰/۴ متغیر بود. میانگین تنوع ژنی ۰/۳۴ بود. ضریب شانون بیانگر میزان چندشکلی در بین ژنوتیپ‌هاست (۲۱). میانگین ضریب شانون ۰/۵۱ می‌باشد که نشان‌دهنده تنوع متوسط در ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. آغازگر ISSR16 بیشترین شاخص شانون را نشان می‌دهد و آغازگر ISSR17 کمترین شاخص شانون را دارد (جدول ۲).

چندشکلی را ایجاد نمود. میانگین درصد چندشکلی بدست آمده در این تحقیق (۹۶/۳۸ درصد)، تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها را توجیه می‌کند. بیشترین مقدار PIC، ۰/۴ و مربوط به آغازگر ISSR16 و میانگین PIC در این تحقیق برابر ۰/۳۴ بود. شاخص کارایی نشانگر MI بر اساس تعداد نوارهای چندشکلی برای هر آغازگر محاسبه شد که بین ۱۰/۸ تا ۳/۵۱ متغیر بود بیشترین مقدار شاخص نشانگری مربوط به آغازگر ISSR16 که نشان‌دهنده قدرت تفکیک بالای این آغازگر در مقایسه با سایر آغازگرها می‌باشد. یکی از مهم‌ترین

جدول ۲- نام و توالی نوکلئوتیدی آغازگرهای مورد استفاده در تحقیق، درصد چندشکلی، تعداد مکان‌های تکثیر شده چند شکل، محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) و شاخص نشانگری (MI)، شاخص شانون (I)، تنوع ژنی نی

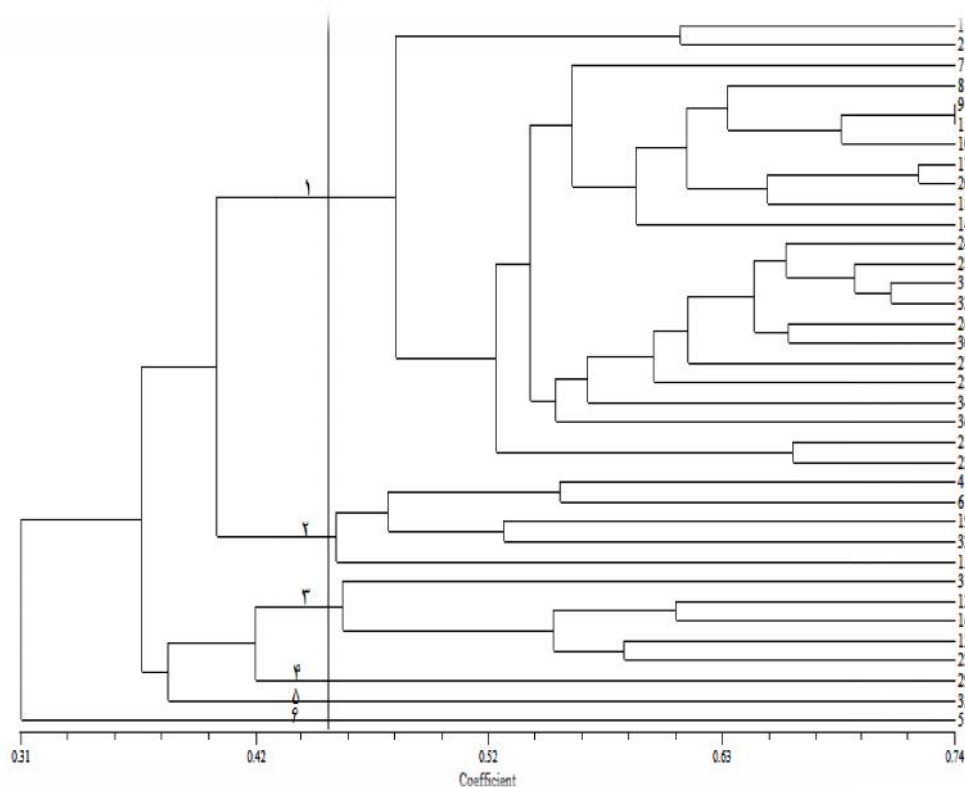
(h)، تعداد آل موثر (ne) در بررسی تنوع ژنتیکی ۳۶ ژنوتیپ جنس Brassica با استفاده از نشانگر ISSR

نام پرایمرها	توالی پرایمرها	تعداد مکان تکثیر شده	تعداد مکان‌های چندشکل	درصد چندشکلی	PIC	MI	I	h	ne
ISSR2	5 GAGAGAGAGAGAGAGAC	۲۴	۲۲	۹۱	۰/۳	۶/۰	۰/۴۶	۰/۳۰	۱/۵۱
ISSR5	5 -GTGTGTGTGTGTGTGTC	۹	۹	۱۰۰	۰/۳۹	۳/۵	۰/۵۸	۰/۳۹	۱/۷۰
ISSR7	5 -CGAGAGAGAGAGAGAGA	۲۳	۲۱	۹۱	۰/۳۲	۶/۱	۰/۴۶	۰/۳۰	۱/۵۳
ISSR9	5 -AGAGAGAGAGAGAGAGC	۱۹	۱۹	۱۰۰	۰/۳۱	۵/۸	۰/۴۸	۰/۳۱	۱/۵۳
ISSR10	5 -AGAGAGAGAGAGAGAGG	۱۱	۱۱	۱۰۰	۰/۳۷	۴/۰	۰/۵۵	۰/۳۷	۱/۶۵
ISSR11	5 -GAGAGAGAGAGAGAGAC	۲۰	۲۰	۱۰۰	۰/۳۷	۷/۴	۰/۵۶	۰/۳۷	۱/۶۴
ISSR12	5 -GAGAGAGAGAGAGAGAA	۲۵	۲۵	۱۰۰	۰/۳۷	۹/۲	۰/۵۵	۰/۳۷	۱/۶۵
ISSR13	5 -TCTCTCTCTCTCTCC	۱۹	۱۸	۹۴	۰/۳۲	۵/۴	۰/۴۸	۰/۳۲	۱/۵۶
ISSR14	5 -TCTCTCTCTCTCTCG	۱۹	۱۹	۱۰۰	۰/۳۵	۶/۶	۰/۵۴	۰/۳۶	۱/۵۹
ISSR16	5 -TGTGTGTGTGTGTGTA	۲۷	۲۷	۱۰۰	۰/۴	۱۰/۸	۰/۵۸	۰/۴۰	۱/۷۱
ISSR17	5 -ACACACACACACACC	۲۳	۲۰	۸۶	۰/۲۵	۴/۳	۰/۴۱	۰/۲۶	۱/۴۲
ISSR18	5 -ATCATCATCATCATCT	۲۴	۲۲	۹۱	۰/۳۳	۶/۶	۰/۴۹	۰/۳۳	۱/۵۵
ISSR19	5 ATCATCATCATCATCC	۲۴	۲۴	۱۰۰	۰/۳۴	۸/۱	۰/۵۱	۰/۳۴	۱/۵۹
	مجموع	۲۶۷	۲۵۷						
	میانگین			۹۶/۳۸	۰/۳۴	۶/۴	۰/۵۱	۰/۳۴	۱/۵۸

گروه‌ها ۸٪، به‌عنوان بهترین محل برش دندروگرام انتخاب شد. درصد بالایی هتروزیگوسیتی درون گروه‌ها مشاهده شد که این می‌تواند به دلیل درصد بالای دگرگشی در کلزا باشد.

بر اساس نمودار خوشه‌ای ترسیم شده، گروه اول شامل ۲۲ ژنوتیپ *napus*، گروه دوم ۵ ژنوتیپ *rapa*، گروه سوم ۵ ژنوتیپ *juncea* و سه گروه فرعی شامل ژنوتیپ‌های *nigra* می‌باشد (شکل ۱).

بر اساس نتایج به دست آمده از آزمون منتل، ضریب همبستگی کوفنتیک ($r = 0.92$) بدست آمد که نشان‌دهنده برازش خوب و همبستگی بالا بین ماتریس‌های تشابه و نمودار خوشه‌ای نهایی بر اساس ضریب تشابه جاکارد می‌باشد. تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) انجام شده بطوری که محلی که بیشترین واریانس بین گروه‌ها برآورد شد انتخاب شد بر این اساس محل اول که ژنوتیپ‌ها را به سه خوشه اصلی و سه خوشه فرعی با واریانس بین



شکل ۱- دندروگرام ترسیم شده براساس روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد برای ۳۶ ژنوتیپ جنس براسیکا مورد مطالعه با نشانگر ISSR شماره‌گذاری ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.

مجموعه‌ای از افراد شروع میشود و هدف آن بوجود آوردن یک نمودار گرافیکی از داده‌ها با ابعاد کمتر است، بطوریکه فاصله بین نقاط در

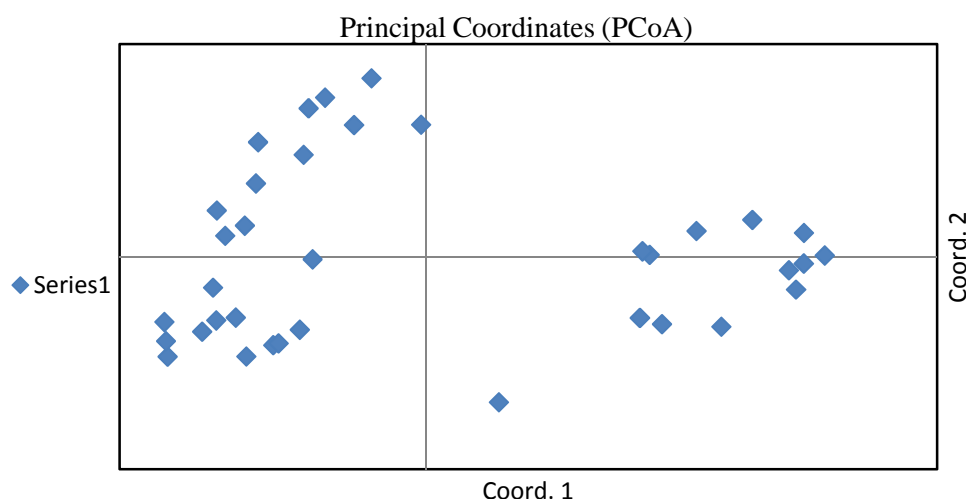
تجزیه به مختصات اصلی PCOA^۱ یک روش مقیاس‌گذاری یا مختصات‌یابی است که با ماتریس شباهت‌ها یا تفاوت‌های بین

1- Principal Coordinate Analysis

نمودار، نزدیک به تفاوت‌های اصلی می‌باشد (۱۹). بر این اساس دو مؤلفه اصلی اول ۵۴/۷۲ درصد واریانس کل داده‌ها را توجیه نمودند (جدول ۳) و نمودار دوبعدی بر اساس این دو مؤلفه ترسیم گردید که واریته‌ها را به ۲ گروه اصلی تقسیم‌بندی نمود (شکل ۲) بطوری‌که ژنوتیپ‌های *napus* را در گروه جداگانه‌ای قرار داد.

جدول ۳- تجزیه به مختصات اصلی مربوط به نشانگر ISSR

	۳	۲	۱	
واریانس نسبی	۱۵/۲۰	۱۸/۰۳	۳۶/۶۹	
واریانس جمعی	۶۹/۹۲	۵۴/۷۲	۳۶/۶۹	



شکل ۲- گروه‌های مشتق شده از PCoA در نمودار دو بعدی. شماره‌گذاری ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است

نتایج و بحث

ISSR را برای بررسی تنوع ارقام پنبه بکار بردند بطوری‌که ارقام پنبه را به دو گروه تتراپلوئید و دیپلوئید تفکیک می‌نمود و دلیل این امر را ناشی از متفاوت بودن دو گونه و همچنین بزرگتر بودند ژنوم ارقام تتراپلوئید نسبت به ارقام دیپلوئید می‌دانند. نکته جالب در نتایج قرارگرفتن ژنوتیپی از گونه *nigra* در بین گونه‌های *napus* است به نظر می‌رسد دلیل این امر استفاده از آغازگرهای دونوکلئوتیدی باشد چرا که نواحی

به‌طورکلی آغازگرهای مورد استفاده در این آزمایش از PIC بالایی برخوردار بودند که نشان‌دهنده چندشکلی و کارایی بالای آنها در این آزمایش می‌باشد. آغازگرهای ISSR16 و ISSR11 می‌توانند تنوع ژنتیکی را بهتر توجیه کنند زیرا شاخص شانون بیشتری را آشکار ساخته‌اند. گروه‌بندی بدست آمده، ژنوتیپ‌های کلزا را بر اساس گونه تفکیک نمود نه بر اساس سطح پلوئیدی. دونگره و همکاران (۶) نشانگر

هتروکروماتینی کروموزومها در بین گونه‌ها نیز دونوکلئوتیدی می‌باشد بنابراین در صورت استفاده از آغازگرهای سه نوکلئوتیدی، بدلیل اختصاصی شدن جایگاه توالی امکان جدا شدن دوگونه را فراهم می‌شود (۲۰).

در تجزیه به مختصات اصلی، زمانی که تعداد صفات یا نوارها به تعداد کمی مولفه کاهش یابد، آغازگرهای مورد استفاده به طور صحیح انتخاب نشده و تعداد محدودی از کروموزومها را تحت پوشش قرار می‌دهند و در نتیجه نمی‌توانند افراد را از همدیگر به خوبی جدا کنند (۲۲). در این پژوهش به دلیل اینکه تعداد مولفه‌های کم توجیه‌کننده نیمی از تغییرات کل می‌باشد، آغازگرهای مورد استفاده ناحیه کروموزومی کمی را تحت پوشش قرار داده و پراکنش مناسبی در قسمت‌های مختلف ژنوم ندارند. بنابراین لزوم استفاده از آغازگرهای بیشتر که ژنوم گیاه را مورد پوشش قرار دهند برای بررسی‌های تمکیلی ضروری است.

نعمتی و همکاران (۱۶) با بررسی تاثیر تنش خشکی بر ۱۰ رقم کلزا با استفاده از نشانگرهای ISSR و صفات مورفولوژیک اظهار داشتند که، نشانگرهای ISSR تنوع ژنتیکی بالایی برای ارقام کلزای مورد مطالعه آشکار کردند که می‌تواند برای برنامه‌های اصلاحی

استفاده شود (۱۵). بوداک و همکاران (۳) با بررسی تنوع ژنتیکی ۲۰ گیاه علفی بوفالو گراس با سطوح کروموزومی مختلف و جمع‌آوری شده از مناطق مختلف با کمک نشانگرهای ISSR، SRAP، SSR، RAPD در ژنوم هسته و بررسی همین نشانگرها در ژنوم میتوکندری و کلروپلاست دریافتند که ارتباط معنی‌داری بین سطوح پلویدی و تعداد آلل‌های حاصل از نشانگرهای ISSR، SRAP، SSR وجود دارد، ولی در بررسی داده‌های بدست آمده از این نشانگرها در ژنوم میتوکندری و کلروپلاست، چنین ارتباط معنی‌داری مشاهده نشد.

بالابودن شاخص‌های، تنوع ژنتیکی نی، شاخص شانون و میزان PIC و MI برای آغازگر ISSR16 نشان‌دهنده کارایی بالای این آغازگر در تمایز ژنوتیپ‌های براسیکا در این تحقیق بود و می‌توان از این آغازگر در بررسی تنوع ژنتیکی درون‌گونه‌ای کلزا و ارتباط آن با صفات کمی استفاده نمود. با توجه به اینکه آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق چندشکلی قابل قبولی را نشان دادند، می‌توان در مطالعات آینده روی این گیاه در ترکیب با نشانگرهای رتروترانسپوزانی بصورت نشانگرهای REMAP از آنها استفاده کرد.

منابع

1. Azizi, M., A. Soltani and S. Khavari-Khorasani. 1998. Canola, Agriculture, Physiology and Biotechnology. Jihad-e-Daneshgahi Mashhad Press. Mashhad, Iran. 230 pp. (In Persian)
2. Bornet, B. and M. Branchard. 2001. Nonanchored inter simple sequence repeat (ISSR) marker: Reproducible and specific tools for genome fingerprinting. Plant Molecular Biology Reporter, 19: 209-215.
3. Budak, H., R. Shearman, C. Gulsen and I. Dweikat. 2005. Understanding ploidy complex and geographic origin of the *Buchloe dactyloides* genome using cytoplasmic and under marker systems. Theoretical Applied Genetics, 11: 1545-1552.
4. Chen, Y., R. Zhau, X. Lin, K. Wu, X. Qian and Sh. Huang. 2008. ISSR analysis of genetic diversity in sacred lotus cultivars. Aquatic Botany, 89: 311-316.
5. Dellaporta, S.L., J. WOOD and J.B. Tickes. 1993. A plant molecular DNA mini-preparation.: Version . Plant Molecular Biology Reporter, 1: 19-21.
6. Dongre, A.B., M. Bhandarkar and Sh. Banerjee. 2007. Genetic diversity in tetraploid and diploid cotton (*Gossypium spp.*) using ISSR and microsatellite DNA markers. Indian Journal of Biotechnology, 6: 349-353.
7. Food and Agriculture Organization (FAO). 2012. Crop Production Statistics. URL: [http:// www.Fao.org](http://www.Fao.org).
8. Fares, K., F. Guasmi, L. Touil, T. Triki and A. Ferchichi. 2009. Genetic diversity of Pistachio tree using Inter-Simple Sequence markers (ISSR) supported by morphological and chemical markers. Biotechnology, 8(1): 24-34.
9. Farzin, A., GH. Normohammdi and A.H. Shirazizade. 2006 An investigation on quantitative and qualitative characters of 25 winter Rapeseed cultivars. Journal of Research and sciences of Agricultural sciences, 12(2): 430-436. (In Persian)
10. Joshi S.P, V.S. Gupta, R.K. Aggarwal, P.K. Ranjekar and D.S. Brar. 2000. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. Theor Appl Genet, 100: 1311-1320.
11. Kantety, R.V., X.P. Zeng, J.L. Bennetzen and B.E. Zehr. 1995. Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. Molecular Breeding, 1: 365-373.
12. Mantel, N.A. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. Cancer Res, 27: 209-220.
13. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysisi of Genetic divesity in crope plants: Salient statistical tools and consideration. Croke Science, 43: 1235-1248.
14. Nagaoka, T. and Y. Ogihara. 1997. Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. Theor Apppl Genet, 94: 597-602.
15. Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am Nat*, 106(949): 283-92.
16. Nemati, M., A. Asghari, O. Sofalian, A. Rasoulzadeh and H. Mohamaddoust. 2012. Effect of Water Stress on Rapeseed Cultivars Using Morpho-Physiological Traits and Their Relations with ISSR Markers. Plant Physiology and Breeding, 2(1): 55-66. (In Persian)
17. Powell, W., M. Morgante, C. Andre, J. Vogel, S. Tingey and A. Rafalski. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatllite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding, 2: 225-238.

18. Reddy, P.M., N. Sarla and E.A. Siddiq. 2000. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128: 9-17.
19. Rohlf, F.J. 1972. An empirical comparison of three ordination techniques in numerical taxonomy. *Syst. Zool*, 21: 271-280.
20. Shahriyari Ahmadi, F., M. Salehi, V. Ghasemi Omran and M. Ramezani moghadam. 2011. Assessment of genetic diversity among some genotypes of cotton (*Gossypium* sp.) in Germplasm of Iran using microsatellite molecular markers between an ISSR. *Iranian Journal of agricultural research*, 4: 680-674. (In Persian)
21. Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. *AT and T Technical Journal*, 27: 379-423.
22. Siahsar, B.A., M. Allahdoo and H. Shasavand Hassan. 2010. Evaluation of Genetic Diversity of Triticum, Triticale and Wheat Lines through RAPD and ISJ Markers. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 41(3): 555-568. (In Persian)
23. Wakui, K.H. Iwata, Y. Takahashi and J. Fujigaki. 2009. Assessment of the congruity of genetic relationships and variation revealed by individual-and bulked-samples-based approaches using RAPD and ISSR markers in Japanese turnip (*Brassica rapa* ssp. *Rapa*) cultivars. *Breed Science*, 59: 447-452.
24. Wang, X., F. Zhao, Z. Hu, A.T. Critchley, S.L. Morrell and D. Duan. 2008. Inter simple sequence repeat (ISSR) analysis of genetic variation of *chonadrus crispus* populations from North Atlantic. *Aquatic Botany*, 88: 154-159.
25. Xiao, B.G. and B.C. Yang. 2007. Assessment of genetic diversity among tobacco germplasms by ISSR markers. *Scientia Agricultural Sinica*, 40(10): 2153-2161.
26. Yang, Y.X., W. Wu, Y.L. Zheng, L. Chen, R.J. Liu and C.Y. Huang. 2007. Genetic diversity and relationships among safflower (*Carthamus tinctorious* L.) analyzed by inter-simple sequence repeats (ISSRs). *Genet. Resour. Crop Evolution*. 54: 1043-1051.
27. Zietkiewicz, E., A. Rafalske and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genome*, 20: 178-183.

Assessment of Genetic Relationships Among 36 *Brassica* Genotypes using ISSR Molecular Markers

Banafsheh Mahjoob¹, Hamid Najafi-Zarini² and Seyed Hamid Reza Hashemi³

1- M.Sc. Student, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
(Corresponding author: mahjoobbanafshe@yahoo.com)

2- Assistant Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

3- M.Sc. Genetic and Agricultural Biotechnology Institute of Tabadrestan, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Received: September 20, 2013

Accepted: January 21, 2014

Abstract

Study of genetic relationships is a prerequisite for plant breeding activities as well as for conservation of genetic resources. Since the hybrid canola have more yield than inbred lines, determine the genetic diversity of this have particular importance. In the present study, genetic diversity among 36 genotype of *Brassica sp.* were determined using inter simple sequence repeat (ISSR) markers. Thirteen selected primers produced 267 discernible bands, with 257 (96.38%) being polymorphic, indicating considerable genetic diversity among genotypes. Average PIC and MI of all primers were 0.34 and 6.48, respectively. The results showed that average of marker index including Nei's gene diversity, Shannon's information index, the effective number of alleles were 0.34, 0.51, 1.58 respectively in genotypes of *Brassica*. Based on an un-weighted pair-group method using arithmetic average (UPGMA) clustering algorithm, three distinct groups were established. Genetic diversity shown by the marker ISSR, indicates that these markers can be used to identify differences between species and within species, In studies of phylogenetic. In order to evaluate the relationships and genetic structure of genotype canola using morphological characteristics is proposed.

Keywords: Genetic variation, Molecular markers, ISSR, Rapeseed