The 1st International Conference on New Ideas in Agriculture
Islamic Azad University Khorasgan Branch
26-27 Jan. 2014, Isfahan, Iran

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های جنس براسیکا با استفاده از نشانگر *NBS-LRR*

مهسا محمدجانی اسرمی[1*]، حمید نجفی زرینی[2]، سید حمیدرضا هاشمی پطرودی[1]

1- گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

2- پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

Mahsa.mohammadjani@gmail.com

چکیده

قارچ عامل ساق سیاه (*Leptosphaeria maculans*) یکی از بیماری‌های مهم جنس براسیکا بوده که منجر به خسارت‌های اقتصادی مهمی در اروپا، استرالیا و آمریکای شمالی شده است. موثرترین روش برای کنترل بیماری اصلاح برای مقاومت می باشد، البته به طوریکه توارث ژنتیکی کافی موجود باشد. بنابراین، بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسم موجود، یکی از روش‌های مناسب مدیریت منابع ژنتیکی می‌باشد. روش *directed -motif profiling* موتیف های محافظت شده در دمین‌های عملکردی خانواده ژنی مشخص می‌کند، بنابراین بررسی تنوع ژنتیکی، در داخل یا اطراف ژنهای عملکردی انجام می‌شود.در این مطالعه تنوع ژنتیکی 46 ژنوتیپ از جنس *Brassica* با استفاده از 4 ترکیب پرایمری نشانگر *NBS* ارزیابی گردید.که توانسته ژنوتیپ های مختلف براسیکا را به 6دسته تقسیم‌بندی کند که می‌توان انتظار داشت گروه‌های مختلف واکنش‌های متفاوتی نسبت به عامل بیماری داشته باشند؛. اکثر باندهای NBS Profiling سطوح معنی‌داری از شباهت را با توالی‌های دمین *NBS*که در *R-gene* ها و *RGA* های گونه‌های مختلف وجود دارد را نشان داده است، اشاره شده است که NBS Profiling می‌تواند نشانگرهای چند شکلی ژنهای مرتبط با مقاومت به بیماری را نیز تولید کند. نتایج این تحقیق می تواند زمینه مناسبی برای بررسی مقاومت به بیماری باشد.

کلمات کلیدی: تنوع ژنتیکی ، *NBS profiling*، کلزا

Assessment of genetic diversity in different genotyps of Brassica spp. using NBS-LRR markers

Abstrac

Breeding for resistance is one of the main approach to control diseases. In this approach, there is a necessary for existence a sufficient genetic variability of resistance genes. Accordingly, assessing the genetic variability in the available germplasm is needed to manage genetic resources. Molecular markers are effective tools to investigate genetic diversity for resistance to pathogens. NBS-LRR (Nucleotide-Binding Site- Leucine Rich Repeat) marker can be used to study genetic variability. Those markers specifical targets chromosome regions containing R-genes and R-gene analogues. In this study eight primer combinations of NBS markers were used to assess the genetic diversity among 46 accessions of Brassica spp.. As result, NBS markers amplified 420 DNA bands that more than 89% bands were polymorphism. These high levels of diversity of these amplified NBS markers indicate a high potential of these markers for discrimination the Brassica genotypes.

Key word: Brassica ssp., genetic diversity, NBS Profiling