

ارزیابی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی اکوتیپ‌های مختلف هندوانه با استفاده از نشانگرهای مولکولی SRAP

مریم عبدلی نسب* و مهدی رحیمی

دریافت: ۱۳۹۶/۱/۱۵ / پذیرش: ۱۳۹۶/۳/۱۶ / چاپ: ۱۳۹۶/۹/۳۰

گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان، کرمان، ایران
*مسئول مکاتبات: m.abdolinassab@kgut.ac.ir

چکیده. تعداد ۳۸ توده و رقم مهم هندوانه از مناطق مختلف کشور جمع‌آوری و پس از آماده‌سازی خاک، در مزرعه تحقیقاتی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شد. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی، DNA از برگ استخراج و واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با استفاده از ۱۴ جفت آغازگر SRAP بهینه شد. تعداد ۱۳۶ باند چندشکل به دست آمد، که جفت آغازگر EM10-Me4 با تعداد نوزده باند و جفت آغازگرهای EM16-Me4 و EM16-Me4 با تعداد هفت باند به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد باند چندشکل را ایجاد کردند. محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) در این تحقیق بین ۰/۲۰ تا ۰/۳۲ و میزان تنوع ژنی براساس شاخص نی از ۰/۱۷ تا ۰/۲۸ به دست آمد. تجزیه تابع تشخیص خطی فیشر نشان داد که روش UPGMA و با انجام صحت گروه‌بندی در حدود ۹۰ درصد، مناسب‌تر از دیگر روش‌های تجزیه خوشه‌ای است. تجزیه خوشه‌ای براساس روش جاکارد توده‌های تحت مطالعه را در پنج گروه مجزا قرار داد. تجزیه به مختصات اصلی نشان می‌دهد که مؤلفه‌های اول و دوم ۹۲/۵ درصد از تنوع به دست آمده را توجیه می‌کنند که خود نشان‌دهنده توزیع مناسب نشانگرها در کل ژنوم است.

واژه‌های کلیدی. تجزیه خوشه‌ای، تجزیه تابع تشخیص، PCR

Evaluation of genetic diversity and classification of watermelon (*Citrullus lanatus*) ecotypes using SRAP molecular markers

Maryam Abdoli Nasab* & Mehdi Rahimi

Received 04.04.2017/ Accepted 06.06.2017/ Published 21.12.2017

Department of Biotechnology, Institute of Science, High Technology and Environmental Science, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

*Correspondent author: m.abdolinassab@kgut.ac.ir

Abstract. Thirty eight ecotypes of watermelon were collected from different parts of Iran. After the preparation of the field, these ecotypes were cultivated in a completely randomized block design with three replications. In order to investigate genetic diversity, genomic DNA samples were extracted from leaves and Polymerase chain reactions were optimized using 14 SRAP primer pairs. One hundred thirty six polymorphic bands were detected, of which the EM10-Me4 was the most abundant primer pair with 19 bands and EM16-Me4 and EM16-Me14 were the least primer pairs with 7 bands. PIC index varied from 0.20 to 0.32 and genetic diversity was 0.17 to 0.28 on the basis of Nei index. Fisher's Linear Detection Analysis showed that the UPGMA method and the grouping accuracy of about 90% are more appropriate than other cluster analysis methods. Cluster analysis, using Jakard method, was performed and the ecotypes studied were classified into five distinct groups. Based on the PCA, the first and second components included 92.5% of the variation, which represents the proper distribution of the markers on the whole genome.

Keywords. cluster analysis, discriminant analysis, PCR

مقدمه

هندوانه با نام علمی *Citrullus lanatus* (Bailey, 1930) از تیره کدوئیان (Cucurbitaceae) و زیر تیره Cucurbitoidae، (Dane & Liu, 2007) گیاهی گرمسیری یا نیمه گرمسیری است (Brickell, 1992). دو واریته اصلی هندوانه (*C. lanatus* var. *lantatus*) با نام هندوانه شیرین و (*C. lanatus* var. *citroides*) خربزه گاوی معرفی شده‌اند. خربزه گاوی، واریته‌ای اگرچه غیرتلخ اما غیر شیرین است، و عمدتاً برای غذای دام استفاده می‌شود، اما به دلیل خاصیت پوست میوه آن، در برخی مناطق، به صورت کنسرو و ترشی نیز مصرف می‌شود (Ipek Uluturk et al., 2001; Mujaju et al., 2011). دو تیپ مشخص از واریته شیرین با نام *vulgaris* و *mucosopermus* شناخته شده است. ارقام *vulgaris* به طور وسیع، کشت می‌شود و میوه‌هایی با رنگ گوشت قرمز و طعم شیرین دارد. ارقام *mucosopermus* عمدتاً در مناطق غربی آفریقا کشت شده و به نام هندوانه بذری منبع روغن خوراکی است (Jeffrey, 2001). هندوانه بومی بیابان‌های کالاهاری آفریقا، ولی امروزه در سرتاسر مدیترانه و مناطق حاره‌ای گسترش یافته است (Levi & Thomson, 2001). نوع وحشی از ۴۰۰۰ سال قبل در آفریقا اهلی شده و به طور گسترده در مناطقی با تابستان‌های گرم و طولانی رشد می‌کند (Robertson, 2004).

هندوانه دارای ترکیبات آنتی‌اکسیدانی از جمله لیکوپن، فلاونوئیدها، اسید آمینه‌ای بنام سیترولین، آسکوربیک اسید، توکوفرول، موادی با عنوان کاروتن و لیکوپن و نوعی قند به نام مانیتول است. میزان لیکوپن موجود در هندوانه از ۷/۸-۸/۱ میلی گرم در ۱۰۰ گرم وزن تازه متغیر است (Oms-Oliu et al., 2005). منابع ژنتیک گیاهی علاوه بر این که عامل زیربنایی برای توسعه محسوب می‌شوند، همچون منبعی از سازگاری ژنتیکی و سپری در برابر تغییرات عوامل محیطی عمل می‌کنند (Rasoulzadegan, 1991). تنوع مبنای گرینش فنوتیپی و ژنوتیپی و اساس اصلاح کمی و کیفی محصولات کشاورزی است. آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی، ضمن حفاظت ذخایر ژنتیکی، استفاده از آنها را در برنامه اصلاحی ممکن می‌سازد (Ghareyazi, 1998). امروزه، جهت تعیین تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌های حفاظت‌شده علاوه بر شیوه‌های سنتی

(مبتنی بر خصوصیات و نشانگرهای مورفولوژیک)، از ابزارها و نشانگرهای نوین مولکولی از جمله نشانگرهای DNA استفاده می‌شود. نشانگرهای DNA بر چندشکلی طبیعی در DNA مبتنی هستند که اساس بهره‌برداری برای اهداف کاربردی است (Lavi et al., 1994). نشانگر مولکولی SRAP اولین بار به کوشش Li و Quiros معرفی شد (2001). تکنیک نشانگر SRAP، نشانگر تقریباً جدیدی است که توالی کدهنده ژنوم را توسط آغازگرهای ۱۷ تا ۱۹ نوکلئوتیدی هدف‌گیری می‌کند که به خصوص برای تکثیر توالی ORF (قالب خواندنی باز) مورد استفاده قرار گرفته و بر مبنای دو آغازگر تکثیر کننده است. این نشانگر مولکولی هم بارز قابلیت تشخیص میزان زیادی از پلی مورفیسم را در بین گونه‌ها دارد. گزارش‌ها نشان می‌دهد که نشانگر SRAP بیشترین هماهنگی را با تغییرات مورفولوژی نسبت به دیگر نشانگرها دارد، زیرا SRAP باعث تکثیر توالی ORF می‌شود که در واقع این توالی هدف با بروز صفات مورفولوژیکی در موجودات در ارتباط مستقیم است (Ferriol et al., 2004). Ipek Uluturk و همکاران (2011) تنوع ژنتیکی و ارتباط ۹۰ جمعیت هندوانه را با استفاده از ۳۰ تعداد نشانگر SRAP تحت مطالعه قرار دادند. ۵۰ نمونه از ترکیه و مابقی از دیگر نقاط جهان به وسیله دپارتمان کشاورزی ایالات متحده آمریکا جمع‌آوری و تجزیه و تحلیل شدند. تجزیه و تحلیل داده‌ها به کمک UPGMA نمونه‌ها را در پنج دسته مجزا قرار داد. از نشانگر RFLP برای گروه‌بندی ارقام مختلف هندوانه نیز استفاده شده است. نتایج حاصل از تحقیق نشان داد که فقط ۳۳ درصد پروپ‌های آزمایش شده برای تشخیص حداقل یکی از هفت گروه هندوانه آزمایش شده مفید هستند (Neuhausen, 1992). بر اساس مطالعات Che و همکاران (2012)، تجزیه و تحلیل AFLP برای بررسی تنوع ژنتیکی بین ۳۰ ژنوتیپ هندوانه مورد استفاده قرار گرفت. تعداد هشت آغازگر AFLP چندشکل، از ۶۴ آغازگر انتخاب شدند. چندشکلی ۱۳ درصد تا ۳۱/۹ درصد در ۲۸ کالتوار مورد آزمایش و ۴۵/۳ درصد تا ۶۴/۲ درصد بین ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. بر اساس مطالعات Sheng و همکاران (2012) تنوع ژنتیکی در میان ۹۵ نمونه هندوانه ارزیابی و با نمونه‌هایی از چین، آمریکا، ژاپن، روسیه و هندوانه وحشی (*Trichosanthes kirilowii*) (Robinson & Decker-Walters, 1997) مقایسه شد.

خصوصیات مورفولوژیک شامل نسبت تعداد گل ماده به نر، تعداد شاخه، اندازه میوه، عملکرد میوه و نشانگر SSR به منظور برآورد تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت. براساس مطالعات Gama و همکاران (2013) بررسی الگوهای آللی و شباهت ژنتیکی در میان هفده رقم هندوانه با استفاده از نشانگر ریزماهواره انجام شد. برای تجسم شباهت ژنتیکی، دندروگرام UPGMA توسط ماتریس شباهت ضریب جاکارد براساس ۳۴ آلل، ده جایگاه ریز ماهواره DNA تولید شد. جایگاه تجزیه و تحلیل شده کافی برای تمایز تمام هفده رقم کافی نبود. الگوی آلل‌ها و جفت بازها برای ۳۴ آلل در ۱۰ جایگاه، اولین تلاش برای استفاده از ریزماهواره‌ها برای حفاظت از ارقام تجاری هندوانه در برزیل بود. مطالعه Mujaju و همکاران (2010) در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام بومی هندوانه زیمباوه (۸۱ نهال از پنج اکوتیپ خربزه گاوی و سه اکوتیپ هندوانه شیرین) با استفاده از دو نشانگر مولکولی RAPD و SSR، ارقام مطالعه شده در دو گروه مجزا قرار گرفتند. محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) از ۰/۴۷-۰/۷۷ برای آغازگر RAPD واز ۰/۳۹-۰/۹۷ برای آغازگر SSR متغیر بود. بر مبنای تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی (AMOVA)، بیشترین میزان تنوع به دست آمده به تنوع درون واریته‌ای نسبت داده شد. مغایر با گزارش‌های قبلی، اکوتیپ‌های هندوانه شیرین میزان تنوعی برابر با اکوتیپ‌های خربزه گاوی مورد مطالعه نشان دادند. Raghani و همکاران (2013) از هجده جفت آغازگر SSR برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در ۵۲ توده هندوانه شامل ۲۴ توده از گروه‌های مختلف باغبانی هندوانه ایران همراه با ۲۸ توده خارجی از کشورهای مختلف استفاده کردند. تمام جایگاه‌های ژنی ریزماهواره آزمون شده چندشکل بودند که مفید بودن آنها برای تجزیه ژنتیکی هندوانه‌ها تأیید شد. تعداد ۱۴۱ آلل در میان کلیه ژنوتیپ‌های بررسی شده یافت شد که ۷۹ آلل با میانگین ۴/۳۸ آلل در هر جایگاه در توده‌های ایرانی دیده شد. شناسایی تنوع ژنتیکی و حفظ و نگهداری ذخایر توارثی ضروری و یکی از اولین قدم‌ها در برنامه به نژادی موفق است (Ghareyazi, 1998). مطالعه تنوع ژنتیکی نه تنها برای سازمان دهی و حفاظت مواد گیاهی، بلکه برای بهره برداری از پدیده هتروزیس و تولید بذر هیبرید هندوانه با هتروزیس بالا از لحاظ عملکرد، سازگاری بیشتر با محیط و تحمل در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی نیز اهمیت دارد. از نظر سطح

زیر کشت، ایران حدود ۱۳۱ هزار هکتار را به خود اختصاص داده و متوسط تولید آن حدود ۲۷ تن در هکتار است (NaroueiRad *et al.*, 2009). در مطالعه حاضر، تنوع ژنتیکی توده‌ها و ارقام مختلف هندوانه شیرین از سراسر کشور بررسی شده است. با اطلاع از وضعیت پراکندگی ژنتیکی گونه‌ها و اکوتیپ‌های مختلف، می توان با برنامه‌ریزی آتی تلاقی بین گونه‌ها در جهت تولید بذر هیبرید، گامی هرچند کوچک در جهت خودکفایی بذرهاى هیبرید هندوانه مصرفی کشور برداشت.

مواد و روش‌ها

تعداد ۳۸ توده و رقم (رابر، گرد، چترود، ارزویه، بافت، علی آبادزرنند، سرکارآقایی، صوغان، A3، سفید ۱، سفید ۲، دشتخاک زرنند، سیاه زرنند، Crimson sweet، راور، ژاپنی، رفسنجان، روستای هجرک، سبزوار، بی نام، B، C، D، E، سفید زرنند، سفید خارجی، ده علی داور، G، سفید، تربت حیدریه، محلی نیشابور، سیاه یزد، بوشهر، خراسان رضوی، سیستان بلوچستان، اصفهان، قزوین و یزد) برخی از مؤسسه اصلاح نهال و بذر کرج و برخی از سراسر کشور جمع‌آوری و در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان کشت شد. ۱۲ روز پس از کشت، از هر ژنوتیپ، در مرحله چندبرگی، برگ برای استخراج DNA ژنومی برداشت شد. استخراج DNA با استفاده از روش CTAB (Murray & Thompson, 1980) انجام و کمیت و کیفیت DNA استخراجی با استفاده از اسپکتروفتومتری و الکتروفورز ژل آگاروز ارزیابی شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از چهارده ترکیب آغازگری SRAP (جدول ۱) در حجم ۱۱ میکرولیتر شامل ۵۰ نانوگرم DNA ژنومی، ۵۰ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، ۱۰ میکرومولار آغازگر و ۱ Unit آتزیم Taq پلیمراز انجام شد. چرخه حرارتی شامل ۴ دقیقه واسرشته‌سازی اولیه در $94^{\circ}C$ ، سپس ۳۵ سیکل به صورت ۴۰ ثانیه واسرشته‌سازی در $94^{\circ}C$ ، ۴۰ ثانیه مرحله اتصال آغازگر در دمای مناسب، ۲ دقیقه مرحله بسط در دمای $72^{\circ}C$ صورت گرفت و آخرین چرخه هم به صورت ۵ دقیقه بسط انتهای در دمای $72^{\circ}C$ انجام گرفت. برای الکتروفورز محصول PCR و آشکارسازی باندها از ژل آگارز ۱/۵ درصد استفاده شد و برای عکس برداری از دستگاه ژل داک

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای SRAP مورد استفاده در این مطالعه.

Table 1. Characteristics of the SRAP primers used in this study.

ردیف	نام آغازگر	دمای اتصال آغازگر	توالی
۱	EM1-Me4	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'
۲	EM1-Me14	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGCTA-3'
۳	EM6-Me14	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGCTA-3'
۴	EM10-Me8	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTTAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTGT-3'
۵	EM6-Me8	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTGT-3'
۶	EM10-Me4	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTTAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'
۷	EM10-Me14	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTTAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGCTA-3'
۸	EM16-Me10	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTCGG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGGAC-3'
۹	EM1-Me10	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGGAC-3'
۱۰	EM10-Me10	۵۳	5'-GACTGCGTACGAATTTAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGGAC-3'
۱۱	EM6-Me10	۵۳	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGGAC-3'
۱۲	EM16-Me8	۵۱	5'-GACTGCGTACGAATTCGG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTGT-3'
۱۳	EM16-Me14	۴۹	5'-GACTGCGTACGAATTCGG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGCTA-3'
۱۴	EM16-Me4	۴۷	5'-GACTGCGTACGAATTCGG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'

3.25 تعیین شد. فاصله ژنتیکی بین اکوتیپ‌های مختلف با روش‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای و همچنین معیارهای مختلف شباهت محاسبه و در نهایت گروه‌بندی ارقام با تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و با معیار فاصله جاکارد به کمک نرم‌افزار NTYSIS صورت گرفت. جهت تجزیه به مختصات اصلی (PCOA) از نرم‌افزار و برای انجام تجزیه تابع تشخیص از نرم‌افزار (Lincoln & Lander, 1993; MAPMAKER V 3.25 (Liu & Muse, 2005) استفاده شد.

نتایج و بحث

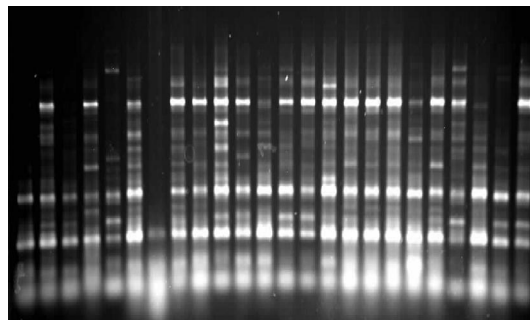
افزایش تولید و بهبود کیفیت هندوانه به میزان زیادی به انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، روش تولید و تقاضای بازار بستگی دارد

(Bio-Rad) استفاده شد. الگوی باندی براساس وجود (یک) یا فقدان (صفر) نوارها نمره‌دهی شد. برای محاسبه تنوع ژنتیکی از رابطه $H_E = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$ استفاده می‌شود، در این رابطه، $\sum_{i=1}^n P_i^2$ مشاهده شده هموزیگوت‌هاست و P_i فراوانی i امین آلل در یک جایگاه معین و n بیانگر تعداد آلل است (Nei, 1972). تحلیل داده‌های مولکولی با نرم‌افزار SAS انجام شد. شاخص شانون یکی از چندین شاخص تنوع ژنی نی است که برای ارزیابی گوناگونی و تنوع ژنتیکی درون جمعیت به کار می‌رود. شاخص شانون از رابطه $H' = -\sum_{i=1}^s P_i \ln P_i$ به دست آمد که P_i فراوانی آلل i ام و S تعداد کل آلل‌های مشاهده شده است (Nei, 1972). تعداد آلل مؤثر، شاخص شانون، تنوع ژنی با استفاده از نرم‌افزار POPGEN V 1/31 و MAPMAKER V

جدول ۲- تعداد و فراوانی آلل‌ها، درصد پلی‌مورفیسم، محتوای اطلاعات چند شکل (PIC)، تنوع ژنی و شاخص شانون حاصل از داده‌های مولکول در نمونه‌های هندوانه تحت مطالعه.

Table 2. The number and frequency of alleles, the percent of polymorphism, Polymorphism Information Content (PIC), Nei's gene diversity and Shannon information index generated from molecular data in studied watermelon samples.

نام آغازگر	باند پلی مورف	کل باند	درصد پلی مورفیسم	تعداد آل مؤثر	شاخص نی	شاخص شانون	PIC	Average GD value
EM1-Me4	۷	۱۱	۶۳/۶۴	۱/۲۴	۰/۱۷	۰/۲۹	۰/۲۵	۰/۱۸
EM1-Me14	۶	۱۱	۵۴/۵۵	۱/۳۷	۰/۲۵	۰/۴	۰/۲۱	۰/۲۷
EM6-Me14	۷	۱۲	۵۸/۳۳	۱/۳۴	۰/۲۲	۰/۳۶	۰/۱۹	۰/۲۲
EM10-Me8	۱۲	۱۴	۸۵/۷۱	۱/۴۱	۰/۲۶	۰/۴۲	۰/۲۲	۰/۲۷
EM4-Me8	۱۵	۱۷	۸۸/۲۴	۱/۵۷	۰/۳۲	۰/۴۷	۰/۲۵	۰/۳۳
EM4-Me8	۱۴	۱۹	۷۳/۶۸	۱/۵۳	۰/۳۱	۰/۴۷	۰/۲۵	۰/۳۲
EM10-Me4	۱۲	۱۴	۸۵/۷۱	۱/۵۴	۰/۳۲	۰/۴۸	۰/۲۵	۰/۳۳
EM10-Me14	۱۴	۱۵	۹۳/۳۳	۱/۶۰	۰/۳۶	۰/۵۴	۰/۲۹	۰/۳۷
EM16-Me10	۱۳	۱۴	۹۲/۸۶	۱/۵۱	۰/۳۱	۰/۴۷	۰/۲۵	۰/۳۲
EM1-Me10	۷	۱۰	۷۰	۱/۶۲	۰/۳۷	۰/۵۶	۰/۳۰	۰/۳۸
EM10-Me10	۶	۱۳	۴۶/۱۵	۱/۴۹	۰/۳۱	۰/۴۸	۰/۲۵	۰/۳۱
EM6-Me10	۱۳	۱۶	۸۱/۲۵	۱/۷۱	۰/۴۰	۰/۵۸	۰/۳۱	۰/۴۰
EM16-Me8	۴	۷	۵۷/۱۴	۱/۷۲	۰/۴۰	۰/۵۹	۰/۳۲	۰/۴۱
EM16-Me14	۶	۷	۸۵/۷۱	۱/۴۷	۰/۲۸	۰/۴۳	۰/۲۳	۰/۲۹
میانگین	۹/۷۱	۱۲/۸۶	۷۴/۰۲	۱/۵۱	۰/۳۱	۰/۴۷	۰/۲۵	۰/۳۲

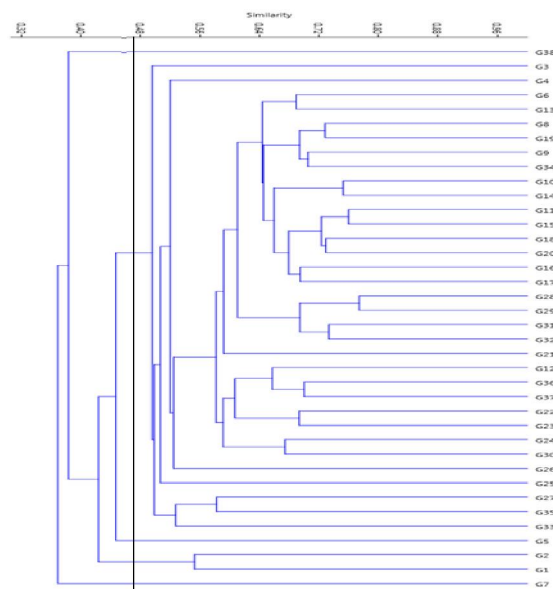


شکل ۱- الگوی باندی SRAP حاصل از تکثیر اکوتیپ‌های مختلف هندوانه با آغازگر EM6-Me10.

Fig. 1. SRAP banding pattern generated by different watermelon ecotypes amplification using EM6-Me10 primer

میانگین مکان‌های چندشکل به ازای هر آغازگر معادل ۹/۷۱ به دست آمده است (جدول ۲). از بین آغازگرهای مورد استفاده، آغازگر EM10-Me4 با تعداد ۱۹ باند چندشکل و بعد از آن، آغازگرهای EM10-Me14 و EM4-Me8 با ۱۴ باند چندشکل بیشترین تعداد باند چندشکل و آغازگرهای EM16-Me14 و EM16-Me4 با تعداد هفت باند کمترین تعداد باند چندشکل را داشتند. محتوای اطلاعات چندشکل (PIC)، به تفکیک برای هر یک از آغازگرهای تحت مطالعه محاسبه و نتایج در جدول ۲ ارائه شد. محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) در این تحقیق بین

(Gvozadanovic-Varga *et al.*, 2011). جمعیت‌های مختلف هندوانه کشور منبعی غنی از تنوع ژنتیکی را نشان می‌دهند. ضمن توجه به حفظ و حفاظت می‌توان از تنوع موجود در جهت تولید بذور هیبرید در برنامه تلاقی‌ها در جهت خودکفایی و قطع وابستگی به بذور هیبرید بهره برد. همان‌گونه که در شکل ۱ مشاهده می‌شود، نشانگرهای مذکور توانسته‌اند ضمن ایجاد چندشکلی قابل ملاحظه، الگوی باند واضح و باکیفیتی تولید کنند. در این پژوهش، استفاده از ۱۴ آغازگر SRAP در مجموع ۱۸۰ باند را نشان داد که از بین آنها ۱۳۶ باند چندشکل بودند و



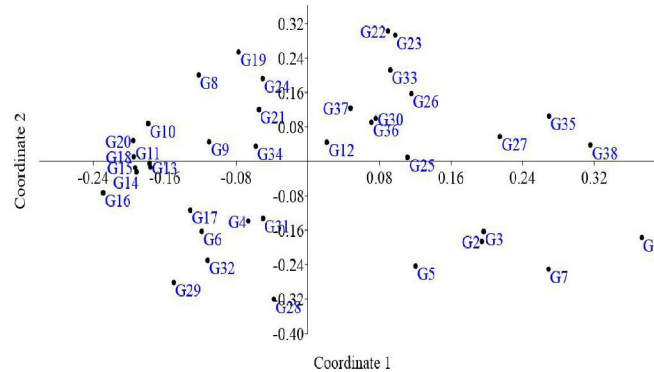
شکل ۲- دندروگرام ترسیم شده براساس روش UPGMA و ضریب تشابه تطابق ساده برای ۳۸ اکوتیپ مختلف هندوانه مورد مطالعه.

Fig. 2. Dendrogram of 38 studied watermelon ecotypes using UPGMA clustering method and simple matching similarity coefficient

Me4 کمترین میزان تنوع ژنی را نشان داد. میانگین تنوع ژنی در جمعیت تحت مطالعه ۰/۳۱ بود. ضریب شانون بیانگر میزان چندشکلی در بین ژنوتیپ‌ها است. در این تحقیق میانگین ضریب شانون ۰/۴۷ بود که نشان‌دهنده تنوع متوسط در ژنوتیپ‌های تحت بررسی است. آغازگرهای EM16-Me14، EM16-Me8 و EM10-Me10 دارای بیشترین شاخص شانون بودند. این نشان می‌دهد که آغازگرهای اشاره شده می‌تواند تنوع ژنتیکی درون-جمعیتی را بهتر توجه کند و آغازگر EM1-Me4 کمترین شاخص شانون را دارد. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA نشان داد که گروه‌بندی براساس ضریب تطابق ساده، بهترین روش گروه‌بندی از بین روش‌های تحت بررسی است و میزان تشابه بین ارقام براساس ضریب تطابق متغیر بود. از آنجایی که روش متوسط فاصله بین کلاستر (UPGMA) با معیار فاصله جاکارد ضریب همبستگی کوفنتیگ ($r = 0/89$) بهترین نتیجه را در گروه‌بندی ارقام تحت مطالعه ارائه داد، فقط نتایج این روش گزارش شد.

برای تعیین تعداد گروه‌ها نیز، از نواحی مختلف برش صورت گرفت و صحت گروه‌بندی هر یک از نواحی بریده‌شده با تجزیه تابع تشخیص تحت بررسی قرار گرفت که تعداد پنج گروه با

۰/۱۹ تا ۰/۳۲ و میانگین محتوای اطلاعات چندشکل ۰/۲۵ بود. بالاترین میزان PIC در جفت آغازگر EM16-Me14 به میزان ۰/۳۲ و بعد از آن جفت آغازگر EM16-Me8 به میزان ۰/۳۱ تعیین شد که نشان‌دهنده کارایی زیاد این آغازگرها در تمایز ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این تحقیق است. تعداد آلل‌های مؤثر در بین نشانگرهای مطالعه‌شده متفاوت بود. میانگین تعداد آلل‌های مؤثر در کل جمعیت ۱/۵۱ به دست آمد و از ۱/۲۴ تا ۱/۴۷ متغیر بود (جدول ۲). بیشترین تعداد آلل مؤثر به ترتیب مربوط به آغازگرهای EM16-Me14، EM16-Me8 و EM10-Me10 در بین کل ارقام بود. از آنجایی که یکی از معیارهای مهم در انتخاب آغازگرهای مناسب و سودمند، تعداد آلل‌های مؤثر است (Zho *et al.*, 2004)، می‌توان از این آغازگرها برای مطالعات بعدی به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ارقام هندوانه استفاده کرد. یکی از مهم‌ترین شاخص‌ها برای ارزیابی تنوع ژنی در بین ارقام و جمعیت‌ها، شاخص تنوع ژنی نی است. برآورد شاخص نی نشان داد که میزان تنوع ژنی از ۰/۱۷ تا ۰/۲۸ متغیر است و آغازگرهای EM16-Me14، EM16-Me8 و EM10-Me10 بیشترین تنوع ژنی را نشان دادند. آغازگر EM1-



شکل ۳- نمودار تنوع ژنتیکی ۳۸ اکوتیپ هندوانه با استفاده از تجزیه به مختصات اصلی بر مبنای ۱۴ ترکیب آغازگری SRAP.

Fig. 3. Graphic representation of 38 watermelon ecotypes' genetic diversity, using PCA, based on 14 primer combinations of SRAP.

ارقامی که کمترین تشابه را دارند (بیشترین فاصله)، بهترین نتیجه را در دستیابی به هیبریدها یا دستیابی به حداکثر تفکیک در نسل‌های بعدی خواهد داشت. استفاده از فناوری نشانگر مولکولی می‌تواند دقت تجزیه و تحلیل در تنوع ارقام هندوانه را در موارد اصلاحی به‌طور بسزایی بهبود بخشد. انتخاب براساس نشانگرهای مولکولی روشی سریع در برنامه اصلاحی است و اطلاعات ژنتیکی به‌دست‌آمده از نشانگرهای مولکولی در برنامه‌های اصلاحی نقش مهمی را ایفا می‌کنند؛ بنابراین، برای انتخاب ژنوتیپ برتر ارزش زیادی دارند. استفاده از نشانگرهای SRAP به‌طور مؤثر جهت مطالعه تنوع ژنتیکی استفاده می‌شوند. بالابودن معیارهای تعداد آلل مؤثر، تنوع ژنی نی، شاخص شانون و میزان PIC برای جفت آغازگر EM16-Me14، EM16-Me8 و EM10-Me10 نشان‌دهنده کارایی زیاد این آغازگرها در تمایز ژنوتیپ‌های هندوانه در این تحقیق بود و می‌توان از این آغازگرها در بررسی تنوع ژنتیکی هندوانه استفاده کرد.

سپاسگزاری

از پژوهشگاه علوم، تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان برای تأمین مالی این تحقیق از محل طرح پژوهشی به شماره ۷/۹۵/۱۲۰۳ ص/سپاسگزاریم.

REFERENCES

- Brickell, C. 1992. The Royal Horticultural Society Encyclopedia of Gardening. – London: Dorling Kindersley. p. 333

صحت گروه‌بندی در حدود ۹۰ درصد به‌منزله بهترین تعداد گروه برای این روش انتخاب شد که به ترتیب، گروه اول شامل توده قزوين، گروه دوم شامل توده‌های چترود، ارزویی، علی‌آباد زرنند، سیاه زرنند، سرکار آقایی، سبزوار، A3، بوشهر، سفید۱، ۱۴، سفید۲، راور، روستای هجرک، بی‌نام، ژاپنی، رفسنجان، G، سفید، محلی نیشابور، سیاه یزد، B، دشتخاک زرنند، سیستان و بلوچستان، اصفهان، C، D، E، تربت حیدریه، سفید خارجی، سفید زرنند، ده علی راور، خراسان رضوی و یزد، گروه سوم شامل توده بافت و گروه چهارم شامل توده‌های رابر و گرد، و در گروه پنجم شامل توده سرکار آقایی است (شکل ۲). بیشترین فاصله بین توده گرد و بافت و کمترین فاصله هم بین توده سفید و G مشاهده شد. تجزیه به مختصات اصلی نشان داد که مؤلفه‌های اول و دوم ۹۲/۵ درصد از تنوع به‌دست‌آمده را توجیه می‌کنند که خود نشان‌دهنده توزیع مناسب نشانگرها در کل ژنوم است (شکل ۳).

فرسایش ژنتیکی در اثر گسترش ارقام اصلاح‌شده، امنیت غذایی در جهان را با تهدید مواجه می‌کند. نیاز به حفظ و به‌کارگیری منابع ژنتیکی به‌منزله محافظی در برابر مشکلات پیش‌بینی‌نشده در آینده بر همگان آشکار است. نگرانی از تضعیف تنوع منابع ژنتیکی به همراه تقاضای روزافزون به این منابع، آنها را در مرکز توجه جهانی قرار داده است. تنوع مبنای گزینش فنوتیپی و ژنوتیپی و اساس اصلاح کمی و کیفی محصولات کشاورزی است. آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی، ضمن حفاظت ذخایر ژنتیکی، استفاده از آنها را در برنامه اصلاحی ممکن می‌سازد (Ghareyazi, 1998). با توجه به مقادیر تشابه بین ارقام می‌توان نتیجه‌گیری کرد که تلاقی بین

- Che, K., Liang, C., Wang, Y., Jin, D., Wang, B., Xu, Y., Kang, G. and Zhang, H. 2012. Genetic assessment of watermelon germplasm using the AFLP technique. – Hort. Science. 137: 311-315.
- Dane, F. and Liu, J. 2007. Diversity and origin of cultivated and citron type watermelon (*Citrullus lanatus*). – Genet. Resour. Crop Ev. 54: 1255-1265.
- Ferriol, M., Pico, B., Cordova, P. and Nuez, F. 2004. Molecular diversity of a germplasm collection of squash (*Cucurbita moschata*) determined by SRAP and AFLP markers. – Crop Science 44: 653-664.
- Gama, R., Santos, C.F., Dias, R. and Souza, F. 2013. Molecular characterization of watermelon cultivars using microsatellite markers. – Hort. Bras. 31: 522-527.
- Ghareyazi, B. 1998. The application of DNA markers in plant breeding. – Proceedings of the Fourth Conference on Agronomy and Plant Breeding. Sanati Isfahan University. 42: 328-381.
- Jeffrey, C. 2001. Cucurbitaceae. In: Hanelt P. (ed.), Mansfeld's encyclopedia of agricultural and horticultural crops. – Vol. 3 Springer, Berlin Heidelberg New York. pp: 1510-1557.
- Lavi, U., Cregan, P., Schaap, T., and Hillel, J. 1994. Application of DNA markers for identification and breeding of perennial fruit crops. – Plant Breeding Rev. 12: 195-226.
- Ghareyazi, B. 1998. The application of DNA markers in plant breeding. – Proceedings of the Fourth Conference on Agronomy and Plant Breeding. Sanati Isfahan University 42: 328-381.
- Gvozdanovic-Varga, J., Vasic, M., Milic, D. and Cervenski, J. 2011. Diallel cross analysis for fruit traits in watermelon. – Genetika 43: 163-174.
- Ipek Uluturk, Z., Frary, A. and Doganlar, S. 2011. Determination of genetic diversity in watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai] germplasm. – Austr. Jour. Crop Sci. 5: 1832-1836.
- Levi, A. and Thomas, C.E. 2001. Low genetic diversity indicates the need to broaden the genetic base of cultivated watermelon. – Hortscience 36: 1096-1101.
- Li, G., and Quiros, C.F. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in Brassica. – Theor. Appl. Genet. 103: 455-461.
- Lincoln, S.E., Daly, M.J. and Lander, E.S. 1993. Constructing genetic maps with MAPMAKER/EXP version 3.0, a tutorial and reference manual. In: Whitehead Inst. Biomed Res. Tech. Rpt. (3rd ed). – Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge.
- Liu, K. and Muse, S.V. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. – Bioinformatics 21: 2128-2129.
- Mujaju, C., Sehic, J., Werlemark, G., Garkava-Gustavsson, L., Fatih, M. and Nybom, H. 2010. Genetic diversity in watermelon (*Citrullus lanatus*) landraces from Zimbabwe revealed by RAPD and SSR markers. – Hereditas. 147: 142-153.
- Murray, M.G. and Thompson, W.F. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. – Nucl. Acid. Res. 8: 4321-4326.
- NarouiRad, M., AllahDo, M., Ghasemi, A. and Fanaei, H. 2009. Investigation of Genetic Diversity and Broad Sense Heritability in Watermelon Accessions of Sistan. – Iranian Journal of Horticultural Science 44: 95-103.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. – Am. Nat. 106: 283-292.
- Neuhausen, S.L. 1992. Evaluation of restriction fragment length polymorphism in *Cucumis melo*. – Theor. Appl. Genet. 83: 379-384.
- Oms-Oliu, G., Odrizola-Serrano, I., Soliva-Fortuny, R. and Martin-Belloso, O. 2005. Use of distribution for describing kinetics of antioxidant potential changes in fresh-cut watermelon. – J. Food Eng. 95: 99-105.
- Raghmi, M., Hasandokht, M., Fatahi-Moghadam, M., Kashi, A. and López-Sesé, A. 2013. Genetic diversity between and within Iranian melon accessions, and their relationships with melon germplasm of diverse origins, using microsatellite markers. – Iranian Journal of Horticultural Science 44: 287-300.
- Rasoulzadegan, Y. 1991. Fruit tree cultivation in moderate climates. 1st Ed. Sanati Isfahan University Publications, p: 57-87.
- Robertson, H. 2004. *Citrullus lanatus* (Watermelon, Tsamma). – Museums Online South Africa. Iziko Museums of Cape Town Online Publication, <http://museums.org.za/bio/index.htm>.
- Robinson, R.W. and Decker-Walters, D.S. 1997. Appendix: Common Cucurbit Names and their Scientific Equivalents. in: – Cucurbits. CAB International, USA.
- Sheng, Y., Luan, F., Zhang, F. and Davis, A.R. 2012. Genetic diversity within Chinese watermelon ecotypes compared with germplasm from other countries. – J. Amer. Soc. Hort. Sci. 3: 144-151.
- Zhu, J., Gale, M.D., and Guarrie, S. 1998. AFLP markers for the study of rice biodiversity. – Theo. App. Genet. 96: 602-611.

How to cite this article:

Abdoli Nasab, M. and Rahimi, M. 2017. Evaluation of genetic diversity and classification of watermelon (*Citrullus lanatus*) ecotypes using SRAP molecular markers. – Nova Biologica Rep. 4: 201-208.

عبدلی نسب، م. و رحیمی، م. ۱۳۹۶. ارزیابی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی اکوتیپ‌های مختلف هندوانه با استفاده از نشانگرهای مولکولی SRAP. – یافته‌های نوین در علوم زیستی ۴: ۲۰۸-۲۰۱.