

GENETIC CHARACTERIZATION OF SYRIAN WILD OAT, *Avena fatua* L.

Lawand, S.

Agronomy Dept., Fac. Agric., Damascus University, Syria.

التوصيف الجزيئي للشوفان البري السوري، *Avena fatua* L.

سلام لاوند

قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة دمشق

المخلص

نفذ البحث في مخبر التقانات الحيوية التابع لكلية الزراعة - جامعة دمشق لعامي 2009-2010. زرع أحد عشر تركيب وراثي من الشوفان البري من أجل دراسة التنوع الوراثي لهذه الأنواع وتحديد درجة القرابة الوراثية فيما بينها وذلك باستخدام تقنية (Inter simple Sequence repeats) ISSR واستخدم لهذا الغرض 8 بادئات. أثبتت البادئات المستخدمة فعاليتها في إعطاء تعددية شكلية polymorphic بين التراكيب الوراثية المدروسة ونجم عن استخدامها ما مجموعه 56 أليل (قرين)، وبلغت نسبة هذه التعددية 100 %، تراوح عدد الحزم لكل بادئة بين 6 حزم كأقل عدد مع البادئة (ISSR35) و 11 حزمة كأعلى عدد مع البادئة (ISSR- 40) بمتوسط 7 حزمة لكل بادئة. أظهر كلاً من التحليل العنقودي وشجرة القرابة الوراثية أن أعلى درجة قرابة وراثية كانت بين قطنا جيرود (84,15) بينما انفرد التركيب الوراثي من خان الشيح لوحده ضمن مجموعة وبعده وراثي قدره 31.21 عن بقية المجموعات. دلت النتائج على التنوع الوراثي الكبير لأنواع جنس الشوفان في سورية.

الكلمات المفتاحية: الشوفان، التوصيف الجزيئي، التنوع الوراثي، التعددية الشكلية، شجرة القرابة الوراثية، التحليل العنقودي.

المقدمة

تمتاز سورية بتباينات جغرافية ومناخية وبيئية لها انعكاساتها على الغطاء النباتي من حيث التنوع على مستويات الأنظمة البيئية والأنواع وحتى على المستوى الوراثي من حيث تحت الأنواع والسلالات داخل النوع الواحد وقد شمل هذا التنوع موارد وراثية متباينة كالحبوب والبقوليات، حيث تعد البقوليات مجموعة غذائية هامة يتواجد في سورية العديد من أجناسها الغذائية والعلفية مما يجعله من أهم مراكز نشوء هذه الأجناس في هذه المنطقة.

يعد التنوع الوراثي الموجود ضمن الأنواع النباتية جزءاً هاماً من التنوع الحيوي، حيث تتميز المصادر الوراثية النباتية وخاصة البرية منها بتنوعها الوراثي الكبير وبقدرتها على تحمل الإجهادات الاحيائية واللاحيائية (شاهرلي وزملاؤه، 1995)، تحمل ظروف التربة غير المناسبة مثل الملوحة والأراضي ضعيفة الخصوبة (Nevo et al., 1993)، الباكورية في النضج و ارتفاع نسبة المواد الفعالية الهامة في بذورها وثمارها، و اعتبارها مصادر مشجعة لمقاومة الآفات الفيروسية التي تؤثر على إنتاجية الحبوب والثمار (Nevo, 1992; Ellis, 2002; Grando et al., 2001). تشمل هذه المصادر طائفة متنوعة من الموارد الوراثية والأصناف المزروعة حديثاً بالإضافة إلى الأقارب البرية وغيرها من أجناس النبات البرية المستخدمة كغذاء حيث تشكل هذه الموارد المادة الخام الأهم لمربي النبات ومورد أساسي للمزارعين كما أنها ذخيرة للتطويع الوراثي للوقاية من التغيرات البيئية والاقتصادية الضارة المحتملة (Lane, 2007).

هذا المخزون الضخم من المورثات، لا يزال إلى حد كبير غير مكتشف وغير مستثمر، وبالتالي يمكن استخدام الشوفان البري بسبب امتلاكه مورثات مفيدة في برامج التحسين و التربية وذلك كمعطي لصفات التأقلم تحت ظروف الإجهادات الحادة (Baum et al., 2003). لذلك يعد الشوفان البري من أهم المصادر الوراثية لذلك لا بد من حصر و جمع و توصيف المادة الوراثية المتاحة لهذا النوع في مناطق انتشاره المحلية توصيفاً مورفولوجياً و وراثياً لإرساء قاعدة انطلاق للدراسات المستقبلية التي تهدف لحماية الغطاء النباتي من المتغيرات التي تطرأ على الحياة البرية، حيث أدى الاستغلال المكثف والعشوائي لهذه

المصادر الوراثية إلى تدهور في الموارد الطبيعية وإلى نقص حاد في التنوع الحيوي في المنطقة، كما أسهم التكثيف الزراعي والتوسع في استعمال الأصناف المحسنة والمدمجة إلى إهمال تام للنباتات المستوطنة، التي تدهورت وانقرض بعضها واختفت عوائل نباتية مهمة ذات أهمية اقتصادية زراعية غذائية وزراعية وطبية. وقد أدى الازدياد السكاني والتوسع العمراني وفلاحة المناطق الرعوية، والرعي الجائر، واحتطاب الشجيرات إلى الإساءة إلى المصادر الوراثية والتنوع الحيوي (درويش و بركودة، 1999).

و في إطار ذلك فقد شهدت السنوات العشر الأخيرة تقدماً كبيراً في مجال التقانات الحيوية التي تهتم بدراسة التنوع الوراثي للنباتات في العالم و أهم هذه التقانات: AFLP, ISSR, RAPD التي تعتمد على تفاعل البلمرة المتسلسل الـ PCR (Lee, et al., 2001 . Hodgkin, et al., 2001). أصبحت الحاجة للمؤشرات الجزيئية أكثر أهمية وإلحاحاً ويرجع ذلك للأسباب التالية:

توفر المؤشرات الجزيئية نتائج ميكروية مما يساعد في الإسراع بعمليات الانتخاب والتربية وبذلك تختصر الزمن الذي تستغرقه إضافة إلى خفض كلفة المادة التي تحتاجها الدراسات المورفولوجية. عدم وجود أي علاقة بين الأطوار والفيولوجية للنبات والمؤشرات الجزيئية وبالتالي يمكن استخلاص المادة الوراثية من الحمض الريبي النووي (DNA) من المراحل الأولى للنبات (سيد، 2001) ، سهولة تحديد موقع وراثي مطلوب لطراز وراثي معين Genotype مباشرة.

عدم تأثر المؤشرات بالشكل الظاهري للنباتات والمؤشرات البيئية كما في برامج التربية التقليدية، الحصول على عدد كبير من المؤشرات في زمن قصير نسبياً، وإن جوهر العمل التربوي يمكن في زراعة الصنف المتفوق أو الطراز الوراثي المفضل في البيئة حيث تسمح له بالتعبير عن إمكاناته الإنتاجية الكامنة (Boyer, 1982) وبما أن تطوير هذه الطرز يعتمد على نقل المورثات المتحكممة بالصفة المطلوبة للوصول إلى أصناف جديدة أفضل وبالتالي فإن معرفة مواقع هذه المورثات في النبات المانح ضرورية لتسريع برنامج العمل التربوي (Powell et al., 1996).

كما أوضح (Graner et al., 1991; Qi et al., 1996; Ramsay et al., 2000) أن استخدام تقانات المؤشرات الجزيئية، يمكن أن يقلل من تعقيدات إدخال عدد من الصفات المرغوبة في النمط الوراثي الواحد. كذلك يمكن استخدام المؤشرات الجزيئية بشكل فعال في تحاليل التنوع الوراثي وتقدير التشابه الوراثي (Powell et al., 1996; Eleuch et al., 2008).

وقد طور التفاعل التسلسلي البوليميرازي (Polymerase Chain Reaction- PCR) من قبل الباحث (Saiki et al., 1985) الذي كان له أثراً مهماً على صعيد الدراسات الوراثية الجزيئية، حيث اعتبر هذا الإنجاز تطوراً هاماً ساعد في سرعة وكفاءة غربلة العديد من المجموعات الانعزالية (Saiki et al., 1985; Mullis et al., 1986; Tragoonrung et al., 1992). ويقوم هذا التفاعل بمضاعفة Amplification قطع محددة من الحمض الريبي النووي (DNA) باستخدام بادئات عشوائية أو متخصصة مصممة لهذا الهدف، مما يسمح بالحصول على ملايين النسخ المضاعفة من قطعة واحدة من الحمض الريبي النووي (DNA) التي تتضاعف أسياً، وذلك باستخدام دورات حرارية متعددة (Karp et al., 1997; Ayad et al., 1997; سيد، 2001). وقد ساعد تصنيع أجهزة

التدوير الحراري automated thermo cyler واكتشاف أنزيم البوليميراز DNA Polymerase في تطوير هذا التفاعل وفي ظهور تقانات أخرى تعتمد عليه وتستخدم في إجراء التحاليل الوراثية وإنشاء خرائط الارتباط الوراثية (Saiki et al., 1988; Rafalski et al., 1996).

تعد تقنية التتابع الترادفية البسيطة الداخلية (Inter Simple Sequence Repeats- SSR) واحدة من التقنيات الهامة المعتمدة على التفاعل التسلسلي البوليميرازي (Polymerase Chain Reaction- PCR) وقد طبقت من قبل (Ziekiewicz et al., 1994) وتعد مؤشرات جزيئية مثالية للأسباب التالية:

تضخم منطقة التتابع الترادفية البسيطة ويستخدم بادئ وحيد ومؤلف من قطع متكررة ومحاط في بعض الأحيان بـ 2-4 نيكليوتيدات أما في المنطقة '3' أو '5'. وتوصف تقنية ISSR بأنها أكثر تكرارية من تقنية RAPD بسبب طول البادئ المستخدم والذي يعكس درجة حرارة عالية لمرحلة تشفغ البادئات (Borent and Branchard, 2001., Chowdhury et al., 2002)، إمكانية الكشف عن التتابعات النيكليوتيدية ذات السيادة في التوريث، وفرتها وتواجدها في مجينات حقيقيات النوى النباتية ولا تحتاج إلى معلومات عن التسلسل الجيني المدروس (Tautz and Renz, 1984, Kijas et al., 1995) وأضف إلى أن نتائجها ثابتة عند تكرارها وسريعة كما أنها تتطلب كمية قليلة من الحمض النووي DNA، ويمكن أتمتها automation وحيث أنه يمكن نشر البادئات وتبادلها بسهولة بين المخابر بمجرد معرفة التسلسل النيكليوتيدي لها. وتكشف نسب عالية من التعددية الشكلية polymorphism بنفس مقدرة تقنية SSR،

واستخدمت لدراسة التنوع الوراثي في البطاطا (Bornet et al., 2002) وكل من الشعير (Ferández et al., 2002) والرز (Joshi et al., 2000) والقمح (Nagaoka and Ogihara, 1997).

مواد وطرق البحث

المادة النباتية Plant material

- الشوفان البري: تم جمع التراكيب الوراثية من الشوفان البري من عدة مناطق وبارتفاعات مختلفة و من محافظات مختلفة من سورية كما في الجدول (1) وذلك من خلال القيام بالعديد من الجولات الحقلية.

جدول(1): المعطيات الجغرافية لمواقع جمع الشوفان البري من حيث الارتفاع عن سطح البحر وخط الطول وخط العرض.

المحافظة	القرية	الارتفاع عن سطح البحر (م)	خط الطول	خط العرض
	قطنا	938	29.42.03.36	24.40.26.33
	قلعة جنبل	1275	13.79.58.35	45.73.24.33
ريف دمشق	جديدة عرطوز	765	42.93.05.36	12.36.26.33
	خان الشيخ	801	51.37.06.36	25.91.22.33
	جيروود	809	37.73.44.36	26.22.48.33
	قرحتا	638	27.62.24.36	33.14.25.33
حمص	الحواش	322	13.90.19.36	18.31.45.34
دمشق	كلية الزراعة(أبو جرش)	724	08.86.19.36	24.92.32.33
القطيفرة	جباتا الخشب	1090	08.04.50.35	32.30.13.33
ادلب	ادلب	440	01.30.38.36	56.74.55.35
حمه	سلحب	181	21.11.24.36	56.27.15.35

- الدراسة الوراثية Genetic Study:

بالإضافة لدراسة الصفات السابقة على النباتات الطافرة تم تحديد التغيرات الوراثية الحاصلة مقارنة بالشاهد باستخدام تقنية الـ ISSR. حيث يمكن اعتبار تقنية ISSR (Inter simple Sequence repeats) من تقنيات المعلومات الجزيئية التي تسمح بالكشف عن الطفرات التي تشمل تغيرات كبيرة على المستوى الجزيئي، لما تملكه هذه التقنية من وثوقية وتخصصية عالية كونها تحتاج لبادئات ذات عدد أسس كبير ويتم بهذه التقنية تضخيم الحمض النووي DNA.

استخلاص الحمض النووي DNA (DNA extraction): استخلص الحمض النووي الريبي منقوص الأوكسجين (DNA) من 2-3 أوراق من البادرات بعمر 3-4 أسابيع ووضعت في الأزوت السائل مباشرة وطحن طحناً ناعماً ووضعت في أنابيب بسعة 2 مل ثم مُزجت بـ 1 مل من محلول الاستخلاص (Cetyltrimethylammonium bromide CTAB) المكون من:

100 mM Tric.HCl pH 7.5, 0.6M NaCl, 10 mM EDTA pH8.0,
10% (w/v) CTAB, 140 mM β-Mercaptoethanol.

ليتم عزل الحمض النووي DNA بطريقة CTAB المعدلة وفقاً إلى ما أشار إليه 1984 .;

Saghai- Maroof et al (مع إجراء بعض التعديلات الطفيفة).

وخصنت في حمام مائي حرارته 65°م مع التحريك المستمر لمدة 3 ساعات. ثم وضعت الأنابيب بعد ذلك على الثلج لمدة 5 دقائق. وُضيفت بعدها كمية مماثلة من كلوروفورم: أيزوميل الكحول (24:1) Chloroform/ Isoamylalcohol ومزجت بلطف لمدة لا تقل عن عشر دقائق. ثم ثقلت الأنابيب بواسطة جهاز الطرد المركزي على سرعة (10000 rpm) مدة عشر دقائق وذلك لفصل راسب البقايا النباتية عن الرشاحة الحاوية على الأحماض النووية. نقل الطور العلوي لأنبوب جديد وأضيف له (0.6) من الحجم ايزوبروبانول مبرد ويحرك المزيج بلطف وتوضع على درجة حرارة (- 20°م) حتى اليوم الثاني ليترسب الـ DNA. وضعت الأنابيب في المثقلة مدة (5) دقائق عند سرعة (4000 rpm). تم التخلص من الرشاحة وأضيف (100 µl) من محلول ايتانول 80 % لراسب الحمض النووي DNA. ثقلت الأنابيب بالمثقلة عند سرعة (10000 د/د) مدة (10) دقائق حيث استبعد محلول الغسل والتخلص

منه. جفف راسب الحمض النووي DNA عند حرارة (37°م) مدة (10) دقائق . أذيب الحمض النووي DNA في (50 µl) من محلول TE (10 mM Tris- HCl, 1mM EDTA) على درجة (4° م) .

- تم التخلص من الحمض النووي RNA بإضافة (2 µl) من أنزيم RNase (10 mg /ml) والتحصين على درجة (37°م) مدة نصف ساعة ثم أضيف حجم مماثل من الكلوروفورم: ايزوميل الكحول (1:24) وبعد التثقيب ونقل الطور العلوي لأنبوب جديد بعد التثقيب وأضيف له (0.6) من الحجم ايزوبروبانول ويترك عند الدرجة (4°م) ليترسب الـDNA بعد التثقيب ويذاب في محلول TE.

التقدير الكمي والنوعي للحمض النووي DNA بواسطة الأشعة فوق البنفسجية: .

استخدم جهاز (PowerWave_xTM (BIO-TEK Instruments, Inc.) لتقدير كمية الحمض النووي DNA وتحديد نقاوته.

يعتمد الجهاز في عمله على قياس كمية الحمض النووي الموجودة عن طريق تقديره لامتصاص الحمض النووي DNA للأشعة فوق البنفسجية بموجات طولها 260 و280 نانومتر. حيث ذكر (Maniatis et al.; 1982) أن النسبة بين قراءة الموجة 260 نانومتر والموجة 280 نانومتر OD 280/ OD 260 تساعد في تقدير نقاوة الحمض النووي إذ يجب أن تتراوح هذه النسبة بين 1.8-2. كما تم التقدير النوعي على هلامه Agaros، إذ يظهر الحمض النووي DNA ذو النوعية الجيدة على شكل حزمة Band، بينما يكون الحمض النووي DNA سيء النوعية مبعثراً وغير واضح الحدود Smear.

تقنية الـ ISSR المطبقة لإجراء الدراسة الجزيئية:

تضمنت هذه الدراسة تطبيق تقنية ISSR والتي تعتمد على بشكل أساسي على تفاعل البلمرة المتسلسل Polymerase Chain Reaction (PCR) وتتميز هذه التقنية عن التقنيات الأخرى بسهولتها وسرعتها فهي لا تتطلب وقت طويل (Williams et al., 1990) ويتم خلال تفاعل البلمرة إكثار قطعة من الحمض النووي DNA والحصول على عدد كبير من السلاسل الجديدة وذلك بعدد من الدورات يصل حتى (40) دورة.

- أجري اختبار (8) بادئات تم الحصول عليها من الهيئة العامة للطاقة الذرية بتركيز (10).
- ويوضح الجدول رقم (2) التسلسل النكليوتيدي للبادئات المستخدمة في الدراسة.

جدول رقم (2) : التسلسل النكليوتيدي للبادئات المختبرة في تقانة ISSR

البادئة	التسلسل النكليوتيدي 3' - 5'
ISSR-32	AGAGAGAGAGAGAGAGC
ISSR-33	GAGAGAGAGAGAGAGAT
ISSR-34	CTCTCTCTCTCTCTG
ISSR-35	CACACACACACACAG
ISSR-36	TCTCTCTCTCTCTCC
ISSR-37	TGTGTGTGTGTGTGG
ISSR-40	ACACACACACACACTT
ISSR-41	ACACACACACACACGG

أجري تفاعل البلمرة المتسلسل PCR وفقاً لـ (Williams et al., 1990) مع بعض التعديلات فكان حجم التفاعل النهائي (25 µl)، حيث استخدم 2 X PCR Master Mix والذي تم الحصول عليه من شركة (Fermentas, Germany) الحاوي على المكونات التالية : (Taq-Polymerase, dNTPs, MgCl2) ويظهر الجدول رقم (3) مكونات هذا التفاعل:

جدول رقم (3) : مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR

المكونات	الكميات
مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR	
Taq DNA Polymerase	0.05 units/µl
MgCl ₂	4 mM
dNTPs	2.5 µl
DNA	2 µl (25 ng/µl)
primer	2.5 µl (10pmol/µl)
Buffer	10X

H2O

ويتم هذا التفاعل في جهاز التدوير الحراري من شركة (APOLLO, USA) موديل ATC401 وفقاً للظروف التالية:

1- الانفصال: عند درجة حرارة 94°م لمدة 5 دقائق ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي DNA.
2- 40 دورة تتضمن كل منها المراحل التالية: - التحطم: يتم عند حرارة 94°م لمدة 30 ثانية. - الالتحام: عند حرارة 51°م لمدة دقيقة واحدة. - الاستطالة: عند حرارة 72°م لمدة دقيقة. - اكتمال التفاعل عند حرارة 72°م مدة عشر دقائق. ثم تحفظ العينات في درجة حرارة 4°م لتفصل الحزم بعدها بالترحيل على هلامية الأجاروز.

الرحلان الكهربائي والتلوين والتصوير:

تم الترحيل على هلامية الأجاروز 2 % وذلك لفصل حزم الحمض النووي DNA الناتجة عن التضخيم وفق الخطوات التالية: تحضير صبغة الترحيل Bromophenol blue الحاوية على المكونات التالية:

(15% Ficoll 400 + 1.03 % bromophenol Blue + 0.03 % xylene cyanol FF + 0.4 % Orange G + 10 mM Tris-HCl + 50 mM EDTA)

ثم تضاف 5µl من هذه الصبغة لـ 25µl لكل عينة من منتجات التضخيم وتحقن في أبار هلامية الأجاروز التي تم تحضيرها بإضافة 2 g من الأجاروز لـ 100 ml من محلول (200 ml 5X 0.5X TBE buffer +1800 ml distilled water)

5X TBE buffer (54 g Tris borate + 27.2 g Boric acid + 20 ml 0.5 EDTA, pH 8.0) و 5µl من صبغة الايثيديوم برومايد (50 mg/ml) كما يتم حقن عينة من مؤشر الـ 100-bp DNA من شركة (Fermentas, Germany) وذلك لتحديد الحجم الجزيئي للحزم الناتجة ليتم بعد ذلك الترحيل بمرور حقل كهربائي قدره 100 فولط ولمدة ساعتين ونصف ثم تتم مشاهدة حزم الحمض النووي DNA بوجود الأشعة فوق البنفسجية UV- light ليتم تصوير الهلامية الحاوية على الحزم.

التحليل الإحصائي Statistical analysis :

جمعت نتائج عملية التضخيم في جداول اعتماداً على مقارنة وجود أو غياب حزم الحمض النووي DNA بين النباتات التي جمعت من المواقع المختلفة، حيث أعطي الرقم (1) عند وجود حزمة الحمض النووي DNA والرقم (0) لعدم وجود الحزمة، ذلك يتضمن الحزم الواضحة فقط وقد نظمت الجداول لكل بادئة على حده، ورسمت شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بتطبيق متوسطات المجموعات الزوجية غير الموزنة UPGMA Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averaging باستخدام برنامج Popgene 1.31 الإحصائي.

النتائج و المناقشة

الدراسة الوراثية على مستوى الحمض النووي DNA بتطبيق تقنية PCR-ISSR:

تعد تقنية PCR-ISSR من المعلمات الجزيئية الهامة لأسباب تعود إلى سهولة تطبيقها وسرعتها وعدم تطلبها لكمية كبيرة من الحمض النووي DNA. استخلص الحمض النووي DNA من البادرات الفتية بعمر أسبوعين وقيس تركيبه ونقاوته بجهاز المطياف الضوئي حيث تراوحت التراكيز بين 0.56 و 1 ميكروجرام /ميكروليتر ونقاوة العينات بين 1.8-2، ومدد تركيز الحمض النووي DNA ليصبح 40 نانوجرام /ميكروليتر. طبقت تقنية ISSR للتمييز بين السلالات فتم اختبار 8 بادئات تم الحصول عليها من الهيئة العامة للطاقة الذرية – سورية فأعطت سبع بادئات منها حزم واضحة وذات تعددية شكلية.

التعددية الشكلية polymorphism الناتجة عن تطبيق تقنية ISSR

تضمنت الدراسة اختبار التراكيب الوراثية من الشوفان البري و التي جمعت من مناطق مختلفة من سورية. كما يبين الجدول (4) أن جميع البادئات المستخدمة أعطت منتجات تضخيم في تفاعل البلمرة المتسلسل حيث أثبتت البادئات المستخدمة فعاليتها في إعطاء تعددية شكلية بين التراكيب الوراثية المدروسة ونجم عن استخدام هذه البادئات ما مجموعه 60 أليل (قرين)، منها 59 أليل ذات تعددية شكلية polymorphic حيث بلغت هذه التعددية 98.33%.

نتج عن البادئة 32 - ISSR أليل ظهر في جميع العينات المدروسة ولم تعط أي تعددية شكلية. كما تراوح عدد الحزم لكل بادئة بين 6 كأقل عدد مع كل من البادئات (ISSR41), (ISSR-35) و 11 كأعلى عدد مع البادئة (ISSR-40) بمتوسط 7.5 لكل بادئة. كما ظهر في الجدول (4)، وتراوح عدد الحزم ذات التعددية الشكلية بين 6 مع البادئة (ISSR34) و 11 مع البادئة بمتوسط 7.3 لكل بادئة.

جدول (4): رموز البادئات المستخدمة- عدد الحزم الكلي- عدد الحزم المتباينة - النسبة المئوية للتعددية الشكلية %.

البادئة	عدد الحزم الكلي	عدد الحزم المتباينة	النسبة المئوية للتعددية الشكلية %
ISSR-32	1	0	0
ISSR-33	10	10	100
ISSR-34	7	7	100
ISSR-35	6	6	100
ISSR-36	10	10	100
ISSR-37	9	9	100
ISSR-40	11	11	100
ISSR-41	6	6	100
المجموع	60	59	98.33
المتوسط	7.5	7.3	97.33

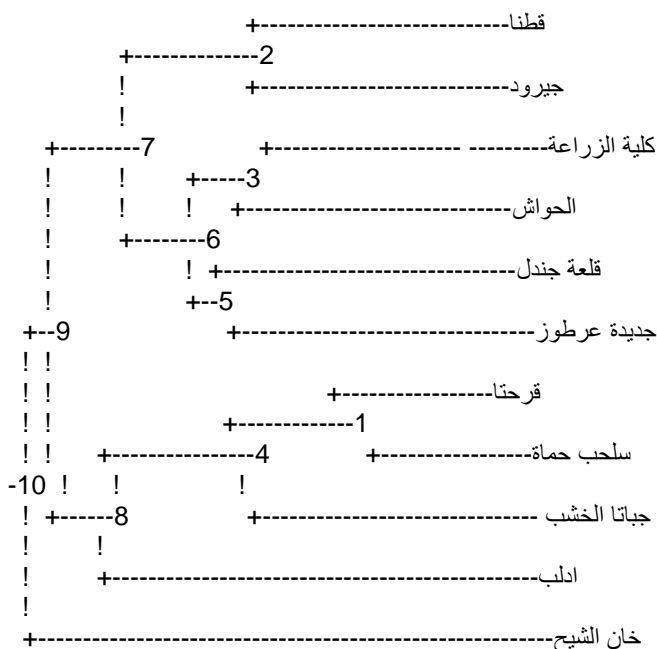
تحديد درجة القرابة الوراثية بين السلالات المدروسة:

يفيد تحديد درجة القرابة الوراثية ضمن الأنواع في برامج تربية النبات، لتأمين قاعدة وراثية كبيرة، للاستفادة منها في برامج التهجين و التحسين الوراثي. وتمت دراسة العلاقة الوراثية بين التراكيب الوراثية المدروسة بتطبيق مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق Percent Disagreement Values (PDV) حسب Nie,1972 حيث أن ارتفاع قيم هذه المصفوفة يدل على وجود اختلاف وراثي وبازديادها يزداد التباين الوراثي بين التراكيب المدروسة ويتم إنشاء هذه المصفوفة وفقاً لعدد وحدات التضاعف المشتركة. نلاحظ من خلال الجدول (5) أن أقل قيمة لـ PDV هي 0.2063 بين التراكيب الوراثية من قرحتا و سلحب (جماعة) أي على درجة عالية من القرابة الوراثية، بينما كانت أعلى قيمة لها 0.8194 بين التراكيب الوراثية قطننا و قرحتا و كذلك بين جبرود و ادلب أي أنهما على تباعد وراثي فيما بينهما.

جدول (5) : مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق (PDV) بين الأنواع المدروسة والشاهد والناجئة عن تطبيق متوسطات المجموعات الزوجية غير المزانة UPGMA بتطبيق تقانة الـ ISSR حسب (Nei 1972).

جبرود	خان الشيخ	ادلب	سلحب	جباتا الخشب	قرحتا	جديدة	عرطوز	قلعة	جندل	الحواش	جبرود	قطننا
0.3163	0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4666	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.6436	0.4940	0.5810	0.5512	0.6763	0.6436	0.4940	0.5810	0.6118	0.6763	0.6763	0.5512	0.3163
0.4940	0.4666	0.5810	0.5									

يسمح التحليل العنقودي بتقسيم السلالات المدروسة إلى مجموعات، وتعكس هذه المجموعات درجة القرابة الوراثية فيما بينها، وقد تتجمع العينات ضمن مجموعة واحدة بناءً على موطنها الأصلي أو بناءً على أصلها ونسبها.



شكل(1): شجرة القرابة الوراثية بين طرز الشوفان المدروسة حسب طريقة UPGMA.

وهذا يدل على التنوع الوراثي الكبير والمتباين جداً بين طرز الشوفان البري في المناطق المدروسة. أجري التحليل العنقودي للنتائج التي تم الحصول عليها وذلك لإنشاء شجرة القرابة الوراثية Dendrogram و لتحديد درجة القرابة الوراثية. ولوحظ من الشكل (1) أن التحليل العنقودي انقسم إلى ثلاث مجموعات: المجموعة الأولى: وقد انفصلت إلى ثلاثة تحت مجموعات وهي (1 قطننا جبرود (ببعد وراثي 15.85)، (2 كلية الزراعة والحواش (16.99)، (3 قلعة جندل وجديدة عرطوز (19.43). المجموعة الثانية: ضمت قرحتا وسلب بعد وراثي (10.31)، وأبدى التركيب الوراثي جباتا الخشب بعد وراثي (7.27) بينما تباعد التركيب الوراثي أدلب (26.64). المجموعة الثالثة: انفرد التركيب الوراثي من خان الشيخ لوحده ضمن هذه المجموعة وبعده وراثي قدره 31.21.

التوصيات :

- 1 - تم استخدام 8 بادئات من بادئات ISSR، ونجم عن استخدامها ما مجموعه 60 أليل (قرين)، منها 59 أليل (98.33%) ذات تعددية شكلية Polymorphic، وبذلك أثبتت تقنية ISSR فعالية في كشف التباينات الوراثية بين الطرز الوراثية المدروسة.
- 3- أظهرت تقانة SSR أعلى درجة قرابة وراثية بين التركيب الوراثي البري من قرحتا وسلب بعد وراثي (10.31)، انفرد التركيب الوراثي من خان الشيخ لوحده ضمن هذه المجموعة وبعده وراثي قدره 31.21.

المقترحات

- 1- تكثيف الجولات الحقلية لتشمل الجزء الأكبر من مناطق القطر العربي السوري ومتابعة المحاولة لوضع خارطة لانتشار الشوفان البري في سورية.

- 2- العمل على عزل وتحديد مواقع المورثات المسؤولة عن الصفات الهامة باستخدام QTLs للاستفادة منها في برامج التربية واستخدامها كأباء في عمليات التهجين.
- 3- دراسة القرابة الوراثية بين الشوفان البري والأنواع المزروعة الأخرى.

المراجع

- درويش، أكرم؛ بركودة، يوسف. (1999). التقرير الوطني للتنوع الحيوي البيولوجي في الجمهورية العربية السورية - وزارة الدولة لشؤون البيئة.
- سيد، محمود هيثم. (2001). استخدام مؤشرات من الدنا DNA في انتخاب مورثات المقاومة للأمراض في الشعير، جامعة دمشق، كلية الزراعة، أطروحة دكتوراه.
- شاهرلي، مخلص؛ الأوبري، خالد؛ نابلسي، غسان ومولوي، بسام. (1995). أولويات حفظ المصادر الوراثية البرية في سوريا، دمشق، سوريا.
- Anand, A.; Baig, M.J. and Mandal, P.K.(2000). Response of alfalfa genotypes to saline water irrigation. Biol. Plant. 43: 455-457.
- Ayad, W.G.; Hodgkin, T.; Jaradat, A. and Rao, V.R.(1997). Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report for an IPGRI workshop, IPGRI, Rome, Italy, p.p. 11-12.
- Baum, M., Grando, S., Backes, G., Jahoor, A., Sabbagh, A. and Ceccarelli, S.(2003). QTLs for agronomic traits in the Mediterranean environment identified in recombinant inbred lines of the cross 'Arta' x H. spontaneum 41-1. Theor. Appl. Genet. 107: 1215- 1225.
- Bornet, B. and Branchard, M.(2001). Non-anchored inter-simple sequence repeat (ISSR) markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting. Plant Molecular Biology Reporter 22:427-432.
- Bornet, B.; Goragner, F.; Joly, G. and Branchard, M. (2002). Genetic diversity in European and Argentinean cultivated potatoes (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) detected by inter-simple sequence repeats (ISSRs). Genome 45: 481-484.
- Boyer, J.S.(1982). Plant productivity and environment . Science 218,443-448.
- Bothmortal, R.; Von, Fischbeck G.; Hintum Th.J.L.V.; Hodgkin, T. and Knupffer, H. (1990). The Barley core collection. Report of the BCC Working Group, Weihenstephan, Germany, September 1990. Mimeograph. BCC Working Group.
- Chowdhury, M.A.; Vandenberg, B. and Warkentin, T. (2002). Cultivar identification and genetic relationship among selected breeding lines and cultivars in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Euphytica 127:317-325.
- Eleuch, L.; Jalil, A.; Grando, S.; Ceccarelli, S.; Schmising, M.K.; Tsujimoto, A.; Daaloul, A. and Baum, M. (2008). Genetic Diversity and association analysis for salinity tolerance, heading date and plant height of barley gemoplasm using simple sequence repeat markers. J. Integr. Plant Biolo. 50(8):1005-1015.
- Ellis, R.P. (2002). Wildbarley as a source of genes for crop improvement, in G.A. Slafer, J.L. Molina-Cano, R. Savin, J.L. Araus, and I. Romagosa (eds) , Barley Science. Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality, Food Products Press, Binghampton, USA, pp 65-83.

- Fernández, ME.; Figueiras, AM. and Benito C. (2002). The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. *Theoretical and Applied Genetics* 104: 845–851.
- Graner, A.; Jahoor, A.; Schondelmaier, J.; Siedler, H.; Pillen, K.; Fischbeck, G.; Wenzel, G. and Herrmann, R.G. (1991). Construction of an RFLP map of barley. *Theor Appl Genet* 83:250–256.
- Grando, S., von Borthmer, R. And Ceccarelli, S. (2001). Genetic diversity of barley; Use of locally adapted germplasm to enhance yield and yield stability of barley in dry area.: 351-372. *In* H. D. Cooper *et al.* (ed). *Broadening the genetic base of crop production*. CABI, New York / FAO/ , Rome/ IPRI , Rome.
- Hodgkin, T., Roviglioni, R., De Vicente, M.C. and Dudnik, N. 2001. Molecular Methods In The Conservation And Use Of Plant Genetic Resources. *Acta Hort.* (ISHS) 546:107-118.
- Joshi, S.P.; Gupta, V.S.; Aggarwal, R.K.; Ranjekar, P.K. and Brar, D.S. (2000). Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theoretical and Applied Genetics* 100:1311–1320.
- Karp, A.; Kresovich, S.; Bhat, K. V.; Ayad, W. G. and Hodgkin, T. (1997). *Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies*. 1st ed. IPGRI Technical Bulletin NO. 2. IPGRI, Rome, Italy, Pp. 9-21.
- Kijas, J.M.H.; Fowler, J.C.S. and Thomas, M.R. (1995). An evaluation of sequence tagged microsatellite site markers for genetic analysis within *Citrus* and related species. *Genome* 38:349–355.
- Lane, A. (2007). *An introduction to crop wild relatives*, GeneFlow, Publication about Agricultural Biodiversity, Bioversity International, p:19.
- Lee, A., Suh, J., Roh, M. And slovin, J. (2001). Analysis of genetic relationships of *Ardisia* spp. using rapid marker. *Tektran United State Department of Agricultural Research Service*.
- Maniatis, T.; Fritsch, E.F.; and Sambrook, J. (1982). *Molecular cloning: Laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor/ NY.
- Mullis, K.; Faloona, S.; Scharf, S.; Saiki, R.; Horn, G. and Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* 51:263-273.
- Nagaoka, T. and Ogihara, Y. (1997). Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics* 94: 597–602.
- Nei (1972) *Am. Nat.* 106:283-292.
- Nevo, E., (1992). Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley *Hordeum spontaneum* , in the Fertile Crescent. *In*: Shewry P. Ed. *Barley: Genetics, Molecular Biology and Biotechnology*. CAB International. Pp. 19-43.

Lawand, S.

- Nevo, E., Krugman, T., and Beiles, A., 1993. Genetic resources for salt tolerance in the wild progenitors of wheat (*Triticum dicoccoides*) and barley (*Hordeum spontaneum*) *Plant Breed* 110: 338-341.
- Powell, W.; Morgante, M.; Doyle, J.J. ; Mcnical, J.; Tingey, S.V. and Rafalski, A.J. (1996). Genepool Variation in Genus Glycine Subgenus Soja Revealed by polymorphic Nuclear and chloroplast microsatellites, *Genetics* 144:793-803.
- Qi, X.; Stam, P. and Lindhout, P.(1996). Comparison and integration of four barley genetic maps. *Genome* 39:379–394.
- Rafalski, J.A.; Vogel, J.M.; Morgante, M.; Powell, W.; Andre, C. and Tingey, S.V.(1996). Generating and using DNA markers in plants. No mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide. 4:75-134.
- Ramsay, L.; Macaulay, M.; Degli Ivanissevich, S.; Maclean, K.; Carsle, L.; Fuller, J.; Edwards, K.J.; Tuveesson, S.; Morgante, M.; Massari, A.; Maestri, E.; Marmioli, N.; Sjakste, T.; Ganal, M.; Powell,W. and Waugh, R. (2000). A simple sequence repeat- based linkage map of barley. *Genetics* 156:1997-2005.
- Saghai-Marrof, M.A.; Allard, R.W. and Zhang, Q. (1984). Genetic diversity and ecogeographical differentiation among ribosomal DNA alleles in wild and cultivated barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 87: 8486-8490.
- Saiki, R. K.; Scharf, S.; Faloona, F.; Mullis, K. B.; Horn, G. T.; Eriich, H. A. and Amheim,N. (1985). Enzymatic amplification of b-globulin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anaemia. *Science* 230:1350-1354.
- Saiki, R.K.; Gelfand, D.H.; Stoffel,S.; Scharf, S.J.; Higuchi, R.; Horn, G.T.; Mullisand, K.B. and Eriich, H.A.(1988). Prime-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science* 239:487-491.
- Tautz, D. and Renz, M. (1984). Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Research* 12:4127–4138.
- Tragoonrung, S.; Kanazin, V.; Hayes, P.M. and Blake, T.K.(1992). Sequence tagged site facilitated PCR for barley genome mapping. *Theor. Appl. Genet.* 84:1002-1008.
- Valizadeh, M.; Kang, K. K.; Kanno, A. and Kameya, T.(1996). Analysis of genetic distance among nine Medicago species by using DNA polymorphisms. *breeding science* 46:pp. 7-10
- Williams, J.G.K.; Kubelik, A.R.; Livak, K.J.; Rafalski, J.A and Tingey, S.V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18(22) 6531-6535.
- Ziekiewicz, E.; Rafalski, A. and Labuda, A.(1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20:178–183

GENETIC CHARACTERIZATION OF SYRIAN WILD OAT, *Avena fatua* L.

Lawand, S.

Agronomy Dept., Fac. Agric., Damascus University, Syria.

ABSTRACT

The research carried out at the biotechnology laboratory in Agriculture faculty, Damascus University during 2009-2010. The study aimed to investigate the genetic variability and similarity between 11 types of wild oat, *Avena fatua* collected from different parts of Syria. ISSR technique was used with 8 primers. All the primers gave polymorphic variation among the studied oat genotypes and resulted in 56 alleles with 100 % polymorphism. The number of bands for each primers ranged from 6 at least for the primer (ISSR- 35) and 11 bands for maximum with the primers (ISSR-40) with a main of 7. The cluster analysis and the dendogram the highest genetic similarity (84.15 %) between the plants collected from the cities *Katana* and *Jeroud* (Damascus country side), while the plants collected from *Khan Alsheh* city were separated in single group with a genetic distance of 31.21 from other groups. The results indicated a great genetic variation among studied oat genotypes in Syria.

Keywords: Wild oat, genetic characterization, genetic variability, polymorphism, dedogramme, cluster analysis.

كلية الزراعة – جامعة المنصورة
مركز البحوث الزراعية

قام بتحكيم البحث
أ.د / ممدوح محمد عبد المقصود
أ.د / ابراهيم رزق عايدى