

مطالعه روابط ژنتیکی برخی از گونه‌های مرکبات با استفاده از ریزماهوره‌های (EST-SSR) شناسایی شده از توالی‌یابی ترنسکرپتوم کلمانتین

Study of genetic relationship in some Citrus species using EST-SSRs developed by transcriptome sequencing of clementine

مانده شفیعی^۱، محسن مردی^{۲*}، محمدرضا فتاحی‌مقدم^۱، ذبیح‌اله زمانی^۱

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، دانشیار و استاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج، دانشگاه تهران
۲- دانشیار، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، کرج

Shafiee M¹, Mardi M^{*2}, Fattahi Moghaddam MR¹, Zamani Z¹

1. PhD Student, Associate Professor and Professor, College of Agricultural and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran
2. Associate Professor, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mardi@abrii.ac.ir
(تاریخ دریافت: ۹۲/۴/۲ - تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳۰)

چکیده

شناخت‌های ریزماهوره در بررسی تکامل نژادی و تهیه نقشه‌های ژنی و لپتکازی نقش موثری دارند. در سال‌های اخیر مطالعات بسیاری برای شناسایی نشانگرهای ریزماهوره (با مبدا ژنوم یا ترنسکرپتوم) در گونه‌های مختلف مرکبات با استفاده از روش‌های متداول انجام شده است. در این مطالعه برای اولین بار از داده‌های بدست آمده از توالی‌یابی عمیق ترنسکرپتوم نارنگی کلمانتین (*Citrus clementina*) برای شناسایی مکان‌های ریزماهوره در مرکبات استفاده شد. به منظور ارزیابی کارایی ریزماهوره‌های بدست آمده از این روش در مطالعات روابط فیلوژنی، برای تعدادی از این مکان‌ها آغازگر طراحی و الگوی باندی آن‌ها در ۳۴ ژنوتیپ مرکبات بررسی شد. در مجموع ۹۰۸۲ مکان ریزماهوره از ۷۵۶۵۹ یونی‌ژن بدست آمده از توالی‌یابی عمیق ترنسکرپتوم نارنگی کلمانتین، شناسایی شد که بیشترین فراوانی به ترتیب مربوط به ریزماهوره‌های دو و سه نوکلئوتیدی بود. تعداد بالای EST-SSRهای بدست آمده نشان‌دهنده بازده بالای روش نسل جدید توالی‌یابی در شناسایی نشانگرهای مولکولی بود. ۲۵ مکان ریزماهوره دو و سه نوکلئوتیدی برای طراحی آغازگر انتخاب شدند. در مجموع ۶۵ آلل با میانگین ۴/۲۵ آلل در هر مکان و میانگین آلل موثر ۲/۵۳ از ۱۶ جفت آغازگر چندشکل و با کیفیت تفکیک بالا بدست آمد. میانگین محتوای اطلاعات چندشکلی ۰/۴۸ بود که بیشترین مقدار آن در مکان‌های ABR117 و ABR119 مشاهده شد. مطالعه روابط ژنتیکی ۳۴ ژنوتیپ مرکبات به روش تجزیه خوشه‌ای بر اساس الگوریتم NJ و فاصله Uncorrected P انجام شد. بر این اساس همه ژنوتیپ‌ها در چهار گروه پوملو، سیترون، ماندرین و نارنج سه برگ قرار گرفتند. شباهت بالای طبقه‌بندی بدست آمده با سایر مطالعات تنوع ژنتیکی مرکبات نشان‌دهنده کیفیت بالای نشانگرهای بدست آمده از روش توالی‌یابی عمیق ترنسکرپتوم است.

واژه‌های کلیدی

ترنسکرپتوم
تنوع ژنتیکی
توالی‌یابی نسل جدید
نارنگی کلمانتین
EST-SSR

مقدمه

جنس مرکبات (Citrus) از خانواده Rutaceae، از مهمترین محصولات درختان میوه هستند که در بسیاری از مناطق نیمه گرمسیری کره زمین پرورش می‌یابند (Ollitrault et al. 2010). این جنس شامل گونه‌های متعددی است، درحالی‌که تنها ۴ گونه اصلی سیترون (*C. medica*)، پوملو (*C. maxima*)، ماندترین (*C. reticulata*) و پاپدا برای آن شناخته شده است (Nicolosi et al. 2000) و سایر گونه‌ها اکثراً از دورگ‌گیری بین گونه‌های اصلی و جنس‌های نزدیک به مرکبات بوجود آمده و یا نتیجه موتاسیون‌های سوماتیکی هستند (Terol et al. 2008; Ollitrault et al. 2010). این امر منجر به پیچیدگی در تکامل نژادی این جنس شده است. به کارگیری نشانگرهای مولکولی می‌تواند در رده‌بندی دقیق گونه‌های مرکبات موثر باشد.

فراوانی نسبی، طبیعت چند آلی، شناسایی آسان، چندشکلی بالا و نیاز به مقدار اندک DNA، نشانگرهای ریزماهوره^۱ را به یکی از موثرترین نشانگرها برای طبقه‌بندی سیستماتیک و تهیه نقشه‌های ژنتیکی تبدیل کرده است (Dong et al. 2006). در سال‌های اخیر تحقیقات موثری جهت شناسایی مکان‌های ریزماهوره و طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم مرکبات انجام شده است (Dong et al. 2006; Luro et al. 2008). با این وجود اختلافاتی که بین گروه‌بندی‌های مختلف وجود دارد، سبب عدم قطعیت در رده‌بندی مرکبات شده است. نشانگرهای ریزماهوره که از روی قطعات EST^۲ بدست می‌آیند، مستقیماً بر روی نواحی کدکننده ژن قرار گرفته‌اند و قادر به ارزیابی تکامل مولکولی ژن‌های مربوطه هستند. از طرفی محفوظ‌تر بودن نواحی جانبی نشانگرهای EST-SSR^۳ در گونه‌های مرتبط، آن‌ها را نسبت به نشانگرهای ریزماهوره ژنومی در بررسی تنوع ژنتیکی بین گونه‌ها کارآمدتر می‌سازد (Luro et al. 2008). بهرحال یکی از مشکلات EST-SSRها کمبود چندشکلی در آن‌هاست و محدود بودن منابع EST موجود در پایگاه داده‌ها مانع بزرگی برای شناسایی مکان‌های ریزماهوره بیشتر است.

توالی‌یابی عمیق ترنسکریپتوم^۴ با استفاده از فناوری‌هایی نظیر GS-FLX (Roche) و HiSeqTM2000 (Illumina) منابع فراوانی از EST را فراهم می‌کند که می‌تواند در برنامه‌های شناسایی مکان‌های جدید برای نشانگرهای مولکولی مورد استفاده قرار گیرد (Guo et al. 2010; Gahlan et al. 2012). هدف از این تحقیق استفاده از مکان‌های جدید ریزماهوره (EST-SSR) شناسایی شده از یونی‌ژن‌های حاصل از توالی‌یابی عمیق ترنسکریپتوم نارنگی کلمانتین در مطالعه روابط ژنتیکی برخی از گونه‌های مرکبات است.

مواد و روش‌ها

جستجوی مکان‌های ریزماهوره ۶-۲ نوکلئوتیدی با حداقل ۵ تکرار بر روی ۷۵۶۵۹ یونی‌ژن^۵ بدست آمده از توالی‌یابی ترنسکریپتوم گیاه کلمانتین با استفاده از نرم‌افزار Msatfinder Online (Thurston and Field 2005) انجام شد. توزیع فراوانی تکرارها و ترکیب مکان‌های ریزماهوره شناسایی شده، محاسبه شد. طراحی آغازگر برای تعدادی از مکان‌های ریزماهوره شناسایی شده با استفاده از نرم‌افزار اولیگو^۶ بر اساس شاخص‌های محصول PCR با طول ۲۵۰-۱۰۰ نوکلئوتید، طول آغازگر ۲۲-۱۷ نوکلئوتید (طول مطلوب ۲۰ نوکلئوتید)، دمای ذوب بهینه ۶۵ درجه سانتی‌گراد و درصد GC ۴۵-۵۵ درصد (بهینه ۵۰ درصد) انجام شد. ۳۴ ژنوتیپ مختلف مرکبات و جنس‌های نزدیک به آن از موسسه تحقیقات مرکبات ایران (ژرم پلاسم کترا، رامسر) جمع‌آوری و تا زمان آزمایشات بعدی در فریزر ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد (جدول ۱). بعد از پودر کردن نمونه‌ها با استفاده از نیتروژن مایع و هاون استریل شده، DNA برگ‌ها با استفاده از روش CTAB اصلاح شده برای مرکبات (Askari et al. 2011) استخراج شد. کیفیت و کمیت DNA بدست آمده با استفاده از روش‌های اسپکتروفتومتری و ژل آگارز ۰/۸ درصد ارزیابی شد.

⁴ Deep transcriptome sequencing

⁵ Unigene

⁶ Oligo5

¹ Microsatellite

² Expressed sequence tag

³ Simple sequence repeat (SSR)

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مرکبات جمع‌آوری شده به منظور بررسی چندشکلی نشانگرهای ریزوماهواره شناسایی شده از توالی‌یابی ترنسکرپتوم نارنگی کلمانتین

شماره	نام عمومی	نام علمی	شماره	نام عمومی	نام علمی
۱	سیترون (Citron)	<i>Citrus medica</i>	۱۸	نارنج (Sour Orange)	<i>C. aurantium</i>
۲	پوملو (Pummelo)	<i>C. maxima</i>	۱۹	تانجرین (Tangerin)	<i>C. reticulata</i>
۳	کوسایی (Kusaie)	<i>C. limonia</i>	۲۰	کلمانتین (Clementine)	<i>C. clementina</i>
۴	آلمو (Alemow)	<i>C. macrophylla</i>	۲۱	کلئوپاترا (Cleopatra)	<i>C. reshni</i>
۵	لیموشیرین (Sweet Lemon)	<i>C. limetta</i>	۲۲	گریپ فروت (Grape fruit)	<i>C. paradisi</i>
۶	پرشین لایم (Persian lime)	<i>C. latifolia</i>	۲۳	تایوانیکا (Taiwanica)	<i>C. taiwanica</i>
۷	لیموترش مکزیکی (Mexican lime)	<i>C. aurantifolia</i>	۲۴	پرتقال والنسیا (Valensia Orange)	<i>C. sinensis var. Valensia</i>
۸	لیمو لیسبون (Lisbon lemon)	<i>C. limon</i>	۲۵	پرتقال هم‌لین (Orange Hamlin)	<i>C. sinensis var. Hamlin</i>
۹	راف لمون (Rough lemon)	<i>C. jambhiri</i>	۲۶	پرتقال ناول (Orange Navel)	<i>C. sinensis var. Navel</i>
۱۰	لیمو آستارایی (Astaraii Lime)		۲۷	پرتقال خونی (Orange Blood)	<i>C. sinensis var. Blood</i>
۱۱	رانگپورلایم (Rangpour lime)	<i>C. Limonia</i>	۲۸	نارنگی پیچ (Page Mandarin)	<i>Minneola × C. clementina</i>
۱۲	لیمو گلابی (Pear Lemon)	<i>C. lemon Hybrid</i>	۲۹	اورلاندو تانجلو (Orlando Tangelo)	<i>C. reticulata × C. paradisi</i>
۱۳	نارنج سه برگ (Trifoliate Orange)	<i>Poncirus trifoliata</i>	۳۰	مینولا تانجلو (Minneola Tangelo)	<i>C. reticulata × C. paradisi</i>
۱۴	سیترنج (Citrange)	<i>C. sinensis × P. trifoliata</i>	۳۱	شل محل (Shell Mahaleh)	<i>C. reticulata Hybrid</i>
۱۵	سیتروملو (Citrumelo)	<i>C. paradisi × P. trifoliata</i>	۳۲	کالاموندین (Calamondin)	<i>C. reticulata × F. margarita</i>
۱۶	کامکوات (Kumquat)	<i>Fortunella margarita</i>	۳۳	بکرائی (Bakraei)	<i>C. reticulata × C. limettoide</i>
۱۷	لایم کوات (Limequat)	<i>C. aurantifolia × F. margarita</i>	۳۴	یوزو (Yuzu)	<i>C. reticulata × C. ichangensis</i>

PCR استفاده شد. در نهایت ژل پلی‌اکریلامید توسط روش نیترات نقره رنگ‌آمیزی شد. نمره‌دهی ژل پلی‌اکریلامید بر اساس اختصاص حروف و همچنین حضور (یک) یا عدم حضور (صفر) باند انجام شد. نرم‌افزار آنالیز ژنتیکی PowerMarker 3.25 (Liu and Muse 2005) برای تعیین تعداد آلل، آلل موثر، هتروزیگوسیتی مشاهده شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و محتوای اطلاعات چندشکلی هر مکان (PIC^۲) مورد استفاده قرار گرفت.

نرم‌افزار SplitTree 4.11.3 (Huson and Bryant 2006) برای بررسی روابط ژنتیکی مرکبات به روش تجزیه خوشه‌ای بر اساس الگوریتم NJ^۳ و فاصله Uncorrected P (تعداد آلل‌های غیر مشابه بین دو فرد) مورد استفاده قرار گرفت.

واکنش زنجیره‌ای پلیمرز^۱ در حجم ۱۵ µl شامل بافر PCR [Tris-HCl] ۱۰ میلی‌مولار (pH ۸/۸)؛ KCl ۵۰ میلی‌مولار؛ Nonidet P40 ۰/۸ درصد]، ۳۰ نانوگرم DNA ژنومی و مقادیر بهینه کلرید منیزیم، dNTPها، آغازگرها و Taq DNA Polymerase انجام شد. چرخه‌های حرارتی شامل یک چرخه واسرشته‌سازی اولیه به مدت دو دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی-گراد، ۳۵ چرخه شامل مرحله واسرشته‌سازی به مدت دو دقیقه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، مرحله اتصال آغازگرها به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۶۵-۵۷ درجه سانتی‌گراد و مرحله بسط به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و یک چرخه بسط نهایی به مدت ۴ دقیقه در دمای ۷۲°C بود. پس از واسرشته‌سازی محصولات تکثیر شده به مدت ۴ دقیقه در دمای ۹۵°C، از دستگاه الکتروفورز عمودی و ژل پلی‌اکریلامید ۶ درصد برای جداسازی محصولات

^۲ Polymorphic information content

^۳ Neighbour joining

^۱ Polymerase chain reaction (PCR)

نتایج و بحث

ترکیباتی نظیر GC/CG (۰/۷ درصد) در ریزماهوره‌های دو نوکلئوتیدی و ACT/AGT (۱/۷۴ درصد) در ریزماهوره‌های سه نوکلئوتیدی نادر بودند. نتایج مشابهی برای مکان‌های EST-SSR شناسایی شده از پایگاه داده HarVEST مرکبات گزارش شده است (Dong et al. 2006).

از بین مکان‌های ریزماهوره شناسایی شده، ۱۰ ریزماهوره دو نوکلئوتیدی و ۱۵ ریزماهوره سه نوکلئوتیدی برای بررسی کارایی نشانگرهای شناسایی شده با استفاده از توالی‌یابی عمیق ترنسکرپتوم در مطالعات فیلوژنی مرکبات انتخاب و برای آن‌ها آغازگر طراحی شد (جدول ۳).

پس از تایید کیفیت DNA استخراج شده از ۳۴ ژنوتیپ مرکبات با استفاده از ژل آگارز ۰/۸ درصد، رقیق سازی به منظور حصول غلظت DNA یکسان ۱۰ نانوگرم بر میکرولیتر برای کلیه نمونه‌ها بر اساس غلظت‌های بدست آمده از روش اسپکتروفتومتری انجام شد.

مقادیر بهینه کلرید منیزیم، dNTPها، آغازگرها، Taq DNA Polymerase و همچنین دمای ذوب مطلوب برای واکنش زنجیره‌ای پلیمرز تعیین شدند (جدول ۴).

پنج جفت آغازگر ABRII30، ABRII23، ABRII21، ABRII3 و ABRII35 موفق به تکثیر هیچ قطعه‌ای در میان ژنوتیپ‌های مورد آزمایش نشدند که نشان می‌دهد به خوبی طراحی نشده‌اند و یا طول قطعه تکثیر شده بیشتر از آن است که توسط ژل قابل جداسازی باشد. از ۲۰ جفت آغازگر باقیمانده همه به استثنای ABRII19 در میان ژنوتیپ‌های مورد آزمایش چندشکلی نشان دادند. در نهایت از اطلاعات بدست آمده از ۱۶ جفت آغازگر که کیفیت تفکیک باند بهتری داشتند در بررسی فیلوژنی ۳۴ ژنوتیپ مرکبات استفاده شد.

تعداد آلل، آلل موثر، هتروزیگوسیتی پیش‌بینی شده، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) ۱۶ مکان ریزماهوره و آغازگرهای طراحی شده که در مطالعه فیلوژنی مورد استفاده قرار گرفتند، با استفاده از نرم‌افزار PowerMarker 3.25 محاسبه شد (جدول ۵).

در این مطالعه برای اولین بار از یونی‌ژن‌های بدست آمده از توالی‌یابی عمیق ترنسکرپتوم نارنگی کلمانتین در شناسایی مکان‌های ریزماهوره در مرکبات استفاده شده است. در مجموع ۹۰۸۲ مکان ریزماهوره ساده ۶-۲ نوکلئوتیدی با حداقل ۵ تکرار از ۷۵۲۵ یونی‌ژن شناسایی شد. بیش از این بیشترین تعداد EST-SSR در مرکبات توسط Chen et al. (2006) برای کل منابع ترنسکرپتومی مرکبات موجود در NCBI (۳۲۷۸ ریزماهوره)، و Luro et al. (2008) برای EST‌های شناسایی شده کلمانتین (۱۹۶۲ ریزماهوره) گزارش شده است.

از میان ۷۵۲۵ یونی‌ژن حاوی ریزماهوره، ۶۲۶۷ یونی‌ژن (۸۳/۲۸ درصد) دارای تنها یک ریزماهوره و ۱۲۵۸ یونی‌ژن (۱۶/۷۲ درصد) دو یا تعداد بیشتری ریزماهوره داشتند. بیشترین فراوانی مربوط به ریزماهوره‌های دو نوکلئوتیدی (۵۸۳۷، ۶۴/۲۷ درصد) است و پس از آن به ترتیب ریزماهوره‌های سه نوکلئوتیدی (۲۹۸۰، ۳۲/۸۱ درصد)، چهار نوکلئوتیدی (۲۱۴، ۲/۳۶ درصد)، پنج نوکلئوتیدی (۲۷، ۰/۳۰ درصد) و شش نوکلئوتیدی (۲۴، ۰/۲۶ درصد) قرار گرفته‌اند. در بیشتر مطالعاتی که بر روی مکان‌های EST-SSR انجام شده، ریزماهوره‌های سه نوکلئوتیدی فراوانی بالاتری نسبت به ریزماهوره‌های دو نوکلئوتیدی داشته‌اند، زیرا تغییر در تعداد تکرار ریزماهوره‌های غیر سه نوکلئوتیدی منجر به تغییر مکانی چارچوب^۱ توالی کدکننده^۲ می‌شود و بنابراین احتمال حضور این ریزماهوره‌ها در ناحیه کدکننده کمتر است (Dong et al. 2006; Luro et al. 2008). به هر حال در مواردی نیز مشاهده شده که تعداد ریزماهوره‌های دو نوکلئوتیدی بیشتر از سه نوکلئوتیدی بوده است (Shanker et al. 2007).

در میان ریزماهوره‌های دو نوکلئوتیدی ترکیب AG/CT (۵۶/۴۸ درصد) بیشترین فراوانی را نشان داد. ترکیب‌های AAG/CTT (۲۵/۱۰ درصد) و AAT/ATT (۱۸/۹۹ درصد) در ریزماهوره‌های سه نوکلئوتیدی و AAAT/ATTT (۲۸/۳۰ درصد) و AAAG/CTTT (۲۰/۲۸ درصد) در ریزماهوره‌های چهار نوکلئوتیدی بالاترین فراوانی را داشتند (جدول ۲). در مقابل

¹ Frame shift² Open reading frame

جدول ۳- اطلاعات مکان‌های ریزماهواره انتخاب شده آغازگرهای طراحی شده برای مطالعات تکامل ژنتیکی مرکبات.

مکان	منبع	موتیف	سایز محصول PCR (bp)	توالی آغازگر (۵'-۳')	طول آغازگر (bp)	محتوای GC (%)	دمای ذوب (°C)
ABRII-LC-1	Unigene 7002_HC	(aac)6	217	F-GGCGCTCA(C)AAAGGCTAACA R-GCTGTTGCTGAAGTTGCTGT	19 20	6.52 50	6.67 3.68
ABRII-LC-2	Unigene 34439_HC	(at)10	187	F-GGGGTTCTCACTTCTCTTA R-CGGC(T)GATGGTGATGTGTAT	19 19	4.47 6.52	4.65 6.67
ABRII-LC-3	Unigene 56286_HC	(ac)6	211	F-GCATGAAGAGAG(T)AGATGG R-GAGGCCATTATCGTTTG	18 17	50 1.47	5.64 1.61
ABRII-LC-4	Unigene 7002_HC	(ggc)5	221	F-GTGGGAATCAGAATGGAGG(C)A R-CCCACCATTATACACCCA	20 20	50 50	3.68 3.68
ABRII-LC-5	Unigene 46649_HC	(tga)6	127	F-CCATCCCAGCACAGTTTCA R-GAGTGTGAGGTAAGTTGGT(G)G	19 20	6.52 50	6.67 3.68
ABRII-LC-6	Unigene 64087_HC	(tc)5	179	F-GATAAGACCATCCCATCTCC R-GTTTGTGTCTGTGTACGTG	20 19	50 4.47	3.68 4.65
ABRII-LC-7	Unigene 26372_HC	(ta)6	144	F-GGTTTTGTCTCTCGCTAGA R-GTGTGGCGGAGGATTTGA	19 19	4.47 6.52	4.65 6.67
ABRII-LC-9	Unigene 19674_HC	(cag)5	231	F-CTGAATGCTGTGTCTCT R-ATGGCTTCAGATTGGAG	17 17	1.47 1.47	1.61 1.61
ABRII-LC-19	Unigene 7002_HC	(tgg)5	107	F-GCCCGTCCAGGTAATATG R-GGTTCTGATTGTTTGCTCC	19 19	6.52 4.47	6.67 4.65
ABRII-LC-21	Unigene 7554_HC	(tct)5	208	F-ATCTGAATGGCTGTGGCTG R-TCTCCGATTGGTTTCTGG	19 19	6.52 6.52	6.67 6.67
ABRII-LC-22	Unigene 25999_HC	(cgc)5	217	F-GTCTCTAATCTCAGCG(C)GCAT R-CGTGGGTTGGATTTCTTTG	20 20	50 50	3.68 3.68
ABRII-LC-23	Unigene 67440_HC	(cac)5	143	F-ACACAACCATTCTCGTCGC R-CGATAGGATTCTTGAGAGCG	19 20	6.52 50	6.67 3.68
ABRII-LC-24	Unigene 27221_HC	(ag)8	194	F-TGACGTTTGATCGAGAGCC R-AATAACAGCTCCACCTGCC	19 19	6.52 6.52	6.67 6.67
ABRII-LC-25	Unigene 61170_HC	(taa)6	152	F-GCAAAGCAACCAAGGGATTC R-GCCT(C)TGTTTGAATCGTGGT	20 20	50 50	3.68 3.68
ABRII-LC-26	Unigene 61586_HC	(acc)7	170	F-CCACGGCAGAGATCAACAT R-GTTGGAGGTGGAGGTAAG	19 19	6.52 6.52	6.67 6.67
ABRII-LC-27	Unigene 69039_HC	(gaa)7	189	F-GTTGAGTTACTTGACGCG R-CATGGTTGCGATCAGTGAT	19 19	6.52 4.47	6.67 4.65
ABRII-LC-28	Unigene7324_HC	(ta)9	163	F-GAGGAAGATGCCAAAGAGC R-CTGCTTGCTCTTTTCTCTC	19 19	6.52 4.47	6.67 4.65
ABRII-LC-29	Unigene31949_HC	(tc)5	167	F-CAAATGGTGGAAATGGGGAAG R-CGCTGGAGTCATCATTGTTT	20 20	50 50	3.68 3.68
ABRII-LC-30	Unigene44614_HC	(tc)5	120	F-TTAGCAGCAAAGTGAGAGC R-TGACGATTATGAGGAGAGG	19 19	4.47 4.47	4.65 4.65

ادامه جدول ۳

مکان	منبع	موتیف	سایز محصول PCR (bp)	توالی آغازگر (۵'-۳')	طول آغازگر (bp)	محتوای GC (%)	دمای ذوب (°C)
ABR11-LC-31	Unigene 38906_HC	(tga)6	170	F-CTGGGCAGTAGGATTGTGA	19	6.52	6.67
				R-AAATGGCAGATTCAGGGAGC	20	50	3.68
ABR11-LC-32	Unigene 20361_HC	(tg)9	102	F-GTCTGAACCTCTAGTCTG	18	50	5.64
				R-GAGAACCACAGCTCATAc	18	50	5.64
ABR11-LC-34	Unigene 23494_HC	(aga)5	167	F-CCCGAAATCTCCAAAGCTTG	20	50	3.68
				R-TGTTGAAGAACGGTCTGAGC	20	50	3.68
ABR11-LC-35	Unigene 72357_HC	(caa)5	131	F-CTGTCTCTTCCGGTCAT(G)CAT	20	50	3.68
				R-CGGGACGAGAGAACTCAAA	19	6.52	6.67
ABR11-LC-36	Unigene 6289_HC	(cat)5	157	F-GTGCAAGCAACAAGAGAGG	19	6.52	6.67
				R-AAGAGAAAGGCAAGAGGC	18	50	5.64
ABR11-LC-37	Unigene 27245_HC	(ac)5	124	F-CCTGTcACGGTTGTCAATTG	20	50	3.68
				R-GGGTACTTGTGCTGTTAGTG	21	6.47	9.68

جدول ۴- مقادیر بهینه کلرید منیزیم، dNTPs، آغازگرها، Taq DNA Polymerase و دمای مناسب ذوب

مکان	کلرید منیزیم (میلی مولار)	dNTP (میلی مولار)	آغازگرها (میلی مولار)	Taq DNA Polymerase (U)	دمای ذوب انتخابی (°C)
ABR11-LC-1	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۵۷
ABR11-LC-2	۲/۰	۱/۰	۰/۸	۱/۵	۶۱
ABR11-LC-3	—	—	—	—	—
ABR11-LC-4	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۱
ABR11-LC-5	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۱
ABR11-LC-6	۲/۰	۰/۱	۰/۸	۱/۵	۶۱
ABR11-LC-7	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۳
ABR11-LC-9	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۵۵
ABR11-LC-19	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۳
ABR11-LC-21	—	—	—	—	—
ABR11-LC-22	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۱
ABR11-LC-23	—	—	—	—	—
ABR11-LC-24	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۱
ABR11-LC-25	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۵۹
ABR11-LC-26	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۵
ABR11-LC-27	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۳
ABR11-LC-28	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۳
ABR11-LC-29	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۵
ABR11-LC-30	—	—	—	—	—
ABR11-LC-31	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۵
ABR11-LC-32	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۵۹
ABR11-LC-34	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۵
ABR11-LC-35	—	—	—	—	—
ABR11-LC-36	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۵
ABR11-LC-37	۱/۷	۰/۸	۰/۷	۱/۰	۶۱

جدول ۵- نام مکان، تعداد آلل، آلل موثر، هتروزیگوسیتی پیش‌بینی شده، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و محتوای اطلاعات چندشکلی ۱۶ مکان چندشکل EST-SSR در ۳۴ ژنوتیپ مرکبات

مکان	تعداد آلل	آلل موثر	هتروزیگوسیتی پیش‌بینی شده	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	محتوای اطلاعات چندشکلی
ABRII1	۴	۲/۵۶	۰/۵۷	۰/۷۱	۰/۵۲
ABRII4	۴	۲/۸۸	۰/۶۷	۰/۶۱	۰/۶۰
ABRII5	۵	۲/۴۴	۰/۵۵	۰/۳۱	۰/۴۶
ABRII6	۴	۲/۰۹	۰/۴۶	۰/۲۴	۰/۴۲
ABRII7	۴	۳/۷۲	۰/۷۲	۰/۳۴	۰/۶۷
ABRII9	۵	۳/۷۴	۰/۷۲	۰/۴۷	۰/۶۷
ABRII22	۶	۱/۹۷	۰/۳۹	۰/۳۱	۰/۳۷
ABRII24	۲	۱/۸۹	۰/۴۳	۰/۶۲	۰/۳۳
ABRII25	۵	۲/۲۳	۰/۵۴	۰/۳۸	۰/۴۵
ABRII26	۴	۲/۰۶	۰/۴۶	۰/۶۵	۰/۳۹
ABRII28	۴	۲/۰۵	۰/۴۲	۰/۲۴	۰/۳۹
ABRII29	۴	۲/۳۳	۰/۵۳	۰/۵۰	۰/۴۸
ABRII31	۶	۳/۲۹	۰/۶۲	۰/۴۷	۰/۵۸
ABRII32	۳	۱/۸۵	۰/۴۲	۰/۲۴	۰/۳۷
ABRII34	۳	۲/۰۱	۰/۴۴	۰/۵۹	۰/۳۷
ABRII37	۵	۳/۳۰	۰/۷۰	۰/۵۹	۰/۶۴
میانگین	۴/۲۵	۲/۵۳	۰/۵۴	۰/۴۵	۰/۴۸

در گروه ماندین قرار گرفته‌اند (Federici et al. 1998; Barkley et al. 2006; Luro et al. 2008; Ollitrault et al. 2010; Li et al. 2010). همچنین گزارش شده تایوانیکا که از هیبریدهای نارنج است نیز در گروه ماندین قرار می‌گیرد (Federici et al. 1998). گروه چهارم شامل نارنج سه برگ، هیبریدهای آن (سیترنج و سیتروملو) و یوزو به عنوان هیبرید پاپدا × ماندین (Uzun et al. 2009) می‌باشد. علاوه بر این شل محل که پیش از این به عنوان هیبرید نوا (کلماتین × اورلاندو) و پوملو یا سیترون گزارش شده (Jannati et al. 2009) نیز در این گروه قرار گرفته است. یوزو اگرچه در مطالعات اولیه با استفاده از نشانگرهای RAPD و SCAR با والد ماندینی خود هم‌گروه شده بود (Nicolosi et al. 2000)، در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های ایرانی مرکبات با استفاده از نشانگر SSR، در حالی که ژنوتیپی از والد پاپدا وجود نداشت، با نارنج سه برگ در یک گروه قرار گرفتند (Jannati et al. 2009). سیترنج و سیتروملو نیز در حضور نارنج سه برگ در یک گروه قرار می‌گیرند (Amar et al. 2011).

پرتقال (Federici et al. 1998) همواره در مطالعات تکامل ژنتیکی در گروه ماندین قرار گرفته است (Federici et al. 1998; Nicolosi et al. 2000; Luro et al. 2008; Ollitrault et al. 2010; Biswas et al. 2011). اورلاندو و مینولا تانجلو هیبرید ماندین و گریپ فروت هستند و رابطه نزدیکی با گروه ماندین دارند (Uzun and Yesiloglu 2012). نارنگی پیچ در هیچ یک از مطالعات تنوع ژنتیکی مرکبات یافت نشد، ولی از آنجایی که هیبرید کلماتین و مینولا تانجلو است (Reece et al. 1963) حضور آن در گروه ماندین طبیعی است. ژنوتیپ‌های مختلف پرتقال که هیبرید پوملو و ماندین هستند (Federici et al. 1998) به والد ماندینی خود نزدیکی بیشتری نشان داده‌اند و در تمام مطالعات فیلوژنی مرکبات با ماندین هم‌گروه شده‌اند (Nicolosi et al. 2000; Luro et al. 2008; Ollitrault et al. 2010; Biswas et al. 2011; Amar et al. 2011). نارنج و گریپ فروت که به ترتیب هیبرید ماندین × پوملو (Federici et al. 1998; Barkley et al. 2006) و پرتقال × پوملو (Li et al. 2010) هستند وضعیت پیچیده‌ای دارند زیرا این دو گونه گاهی در گروه پوملو و گاهی

این مکان‌ها کارایی بالایی در طبقه‌بندی مرکبات دارند. به این ترتیب می‌توان از چنین نشانگرهایی در سایر کارهای اصلاحی نظیر تکمیل نقشه ژنتیکی بهره برد.

در مجموع نتایج بدست آمده نشان می‌دهد داده‌های بدست آمده از توالی‌یابی عمیق ترنسکریپتوم می‌تواند منبع خوبی برای شناسایی مکان‌های ریزماهواره باشد و نشانگرهای بدست آمده از

منابع

- Amar MH, Biswas MK, Zhang Z, Guo WW (2011) Exploitation of SSR, SRAP and CAPS-SNP markers for genetic diversity of Citrus germplasm collection. *Scientia Horticulturae* 128:220-227.
- Askari N, Salehi Jouzani G, Mousivand M, Foroutan A, Hagh Nazari A, Abbasalizadeh S, Soheilivand S, Mardi M (2011) Evaluation of anti-phytoplasma properties of surfactin and tetracycline towards lime witches' broom disease using real-time PCR. *Journal of Microbiology and Biotechnology* 21:81-88.
- Barkley NA, Roose ML, Krueger RR, Federici CT (2006) Assessing genetic diversity and population structure in a citrus germplasm collection utilizing simple sequence repeat markers (SSRs). *Theoretical and Applied Genetics* 112:1519-1531.
- Biswas MK, Chai L, Amar MH, Zhang X, Deng Xx (2011) Comparative analysis of genetic diversity in Citrus germplasm collection using AFLP, SSAP, SAMPL and SSR markers. *Scientia Horticulturae* 129:798-803.
- Chen C, Zhou P, Choi YA, Huang S, Gmitter Jr FG (2006) Mining and characterization microsatellites from citrus ESTs. *Theoretical and Applied Genetics* 112:1248-1257.
- Dong J, Guang-Yan Z, Qi-Bing H (2006) Analysis of microsatellites in citrus unigenes. *Acta Genetica Sinica* 33:345-353.
- Federici C, Fang D, Scora R, Roose M (1998) Phylogenetic relationships within the genus Citrus (Rutaceae) and related genera as revealed by RFLP and RAPD analysis. *Theoretical and Applied Genetics* 96:812-822.
- Gahlan P, Singh H, Shankar R, Sharma N, Kumari A, Chawla V, Ahuja P, Kumar S (2012) De novo sequencing and characterization of *Picrorhiza kurrooa* transcriptome at two temperatures showed major transcriptome adjustments. *BMC Genomics* 13:126-146.
- Golein B, Bigonah M, Azadvar M, Golmohammadi M (2012) Analysis of genetic relationship between 'Bakraee' (*Citrus sp.*) and some known *Citrus* genotypes through SSR and PCR-RFLP markers. *Scientia Horticulturae* 148:147-153.
- Guo S, Zheng Y, Joung JG, Liu S, Zhang Z, Crasta O, Sobral B, Xu Y, Huang S, Fei Z (2010) Transcriptome sequencing and comparative analysis of cucumber flowers with different sex types. *BMC Genomics* 11:384-391.
- Huson DH, Bryant D (2006) Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution* 23:254-267.
- Jannati M, Fotouhi R, Abad AP, Salehi Z (2009) Genetic diversity analysis of Iranian citrus varieties using micro satellite (SSR) based markers. *Journal of Horticulture and Forestry* 1:120-125.
- Li X, Xie R, Lu Z, Zhou Z (2010) The origin of cultivated citrus as inferred from internal transcribed spacer and chloroplast DNA sequence and amplified fragment length polymorphism fingerprints. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 135:341-350.
- Liu K, Muse SV (2005) PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21:2128-2129.
- Luro F, Costantino G, Terol J, Argout X, Allario T, Wincker P, Talon M, Ollitrault P, Morillon R (2008) Transferability of the EST-SSRs developed on Nules clementine (*Citrus clementina* Hort ex tan) to other citrus species and their effectiveness for genetic mapping. *BMC Genomics* 9:287-299.
- Nicolosi E, Deng ZN, Gentile A, La Malfa S, Continella G, Tribulato E (2000) Citrus phylogeny and genetic origin of important species as investigated by molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics* 100:1155-1166.
- Ollitrault F, Terol J, Pina JA, Navarro L, Talon M, Ollitrault P (2010) Development of SSR markers from *Citrus clementina* (Rutaceae) BAC end sequences and interspecific transferability in Citrus. *American Journal of Botany* 97:124-129.
- Reece PC, Gardner F, Hearn C (1963) Page orange a promising variety. In: *Proceedings of the Florida State Horticultural Society* 76:53-54.
- Shahsavari A, Izadpanah K, Tafazoli E, Tabatabaei B (2007) Characterization of citrus germplasm including unknown variants by inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Scientia Horticulturae* 112:310-314.
- Shanker A, Bhargava A, Bajpai R, Singh S, Srivastava S, Sharma V (2007) Bioinformatically mined simple sequence repeats in UniGene of *Citrus sinensis*. *Scientia Horticulturae* 113:353-361.
- Terol J, Naranjo MA, Ollitrault P, Talon M (2008) Development of genomic resources for *Citrus clementina*: characterization of three deep-coverage BAC libraries and analysis of 46000 BAC end sequences. *BMC Genomics* 9:423-434.
- Uzun A, Yesiloglu T, Tuzcu O, Gulsen O (2009) Genetic diversity and relationships within *Citrus* and related genera based on sequence related amplified polymorphism markers (SRAPs). *Scientia Horticulturae* 121:306-312.
- Uzun A, Yesiloglu T (2012) Genetic Diversity in Citrus. In: Caliskan M (Ed.) *Genetic Diversity in Plants*, InTech, Rijeka, Croatia 213-230.