

شناسایی کروموزوم‌های ژنوم E^b در نتاج F_3 ژنوتیپ‌های جدید و ممکن تربیتی پایرم ثانویه با روش دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل

Characterization of E^b genome chromosomes in F_3 progenies of new potential secondary Tritipyrum introgressed genotypes by genomic DNA in situ hybridization technique

زهره پورفریدونی^۱، حسین شاهسوند حسنی^۲ و امین باقی زاده^۳

چکیده

پورفریدونی، ز.، ح. شاهسوند حسنی و ا. باقی زاده. ۱۳۹۰. شناسایی کروموزوم‌های ژنوم E^b در نتاج F_3 ژنوتیپ‌های جدید و ممکن تربیتی پایرم ثانویه با روش دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل. مجله علوم زراعی ایران. ۱۳(۴): ۷۴۲-۷۳۰.

تربیتی پایرم اولیه یک غله آمفی پلوئید آلوهگزاپلوئید مصنوعی جدید است که از تلاقی والدین مادری گندم دوروم و والد پدری تینوپایرم بساراییکوم (*Thinopyrum bessarabicum*) تولید شده است. اگرچه لاین‌های اولیه تربیتی پایرم متحمل به تنش شوری هستند، ولی دارای برخی صفات نامطلوب زراعی مانند شکنندگی محور سنبله و دیررسی هستند. برای رفع این معایب اقدام به تولید نسل سوم گیاهان جدید و احتمالی تربیتی پایرم ثانویه از طریق تلاقی لاین تربیتی پایرم اولیه (St/b) و لاین ترکیبی اولیه E^b ($(Ka/b)(Cr/b)$) تربیتی پایرم ($AABBE^bE^b$, $2n=6x=42$)، به ترتیب با دو رقم گندم نان اصلاح شده امید و نوید ($Triticum aestivum: AABBD$, $2n=6x=42$) گردید که در نتاج F_3 احتمال جایگزینی برخی کروموزوم‌های ژنوم D گندم با کروموزوم‌های E^b تربیتی پایرم وجود دارد. علیرغم اینکه شباهت ژنتیکی زیاد بین دو ژنوم S^t و E^b وجود دارد، ولی شباهت ژنتیکی ژنوم S^t نسبت به ژنوم E^b با ژنوم‌های A ، B و D گندم نان کمتر است. شناسایی کروموزوم‌های ژنوم E^b در نمونه‌های کروموزومی میتوز ژنوتیپ‌های احتمالی جدید تربیتی پایرم ثانویه شامل نسل سوم نتاج ($Omid \times St/b$) و [$Navid \times (Ka/b)(Cr/b)$] با روش دو رگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل و با کاوشگر ژنومی نشانمند شده S^t با $biotin-11-dutp$ انجام شد. نتایج نشان داد که استفاده از کاوشگر دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا استیپی فولیا (*Pseudoroegneria stipifolia*) بجای کاوشگر دی.ان.ای ژنومی گونه تینوپایرم بساراییکوم (E^b)، همپوشانی دورگ گیری بین کروموزوم‌های ژنوم E^b با ژنوم‌های A ، B و D را کاهش می‌دهد و تمایز بین کروموزوم‌های ژنوم E^b با کروموزوم‌های A ، B و D را افزایش می‌دهد، بنابراین علیرغم شباهت ژنتیکی زیاد بین دو ژنوم E^b و S^t ، برای شناسایی بهتر کروموزوم‌های ژنوم E^b در نتاج احتمالی جدید تربیتی پایرم ثانویه در نسل سوم، استفاده از کاوشگر ژنومی S^t توصیه می‌شود، زیرا شباهت ژنتیکی ژنوم S^t نسبت به ژنوم E^b از ژنوم‌های A ، B و D بسیار کمتر است. در نمونه‌های کروموزومی میتوز نتاج نسل سوم تلاقی‌های [$امید \times (St/b)$] و [$نوید \times (Ka/b)(Cr/b)$] تعداد یک تا شش کروموزوم E^b قابل تشخیص بود که نشان می‌دهد تولید ژنوتیپ‌های جدید تربیتی پایرم ثانویه با احتمال جایگزین شدن کروموزوم‌های خاصی از ژنوم E^b با کروموزوم‌های ویژه‌ای از ژنوم D وجود دارد. بنابراین روش دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل (GISH) می‌تواند به عنوان یک روش گزینش قدرتمند در مهندسی کروموزوم نتاج بین جنسی تربیتی پایرم ثانویه برای انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب هگزاپلوئید با ساختار مناسبی از کروموزوم‌های A ، B و D و E^b بعنوان لاین‌های کروموزومی جایگزین یا نو ترکیب مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: تربیتی پایرم، تینوپایرم بساراییکوم، دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل و سودوجینریا استیپی فولیا.

تاریخ دریافت: ۸۹/۸/۱ تاریخ پذیرش: ۹۰/۲/۱۴

- ۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان
- ۲- دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان و دانشگاه شیراز و همکار مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان. عضو انجمن علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: hossein212001@yahoo.com)
- ۳- استادیار بخش بیوتکنولوژی مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی کشاورزی پیشرفته و علوم محیطی کرمان - ماهان

مقدمه

گندم از غلات مهم و اصلی‌ترین ماده غذایی در بسیاری از کشورها است و عملکرد آن به عوامل مختلفی از جمله شرایط آب و هوایی و مقاومت به تنش‌های زیستی و غیر زیستی بستگی دارد. تولید سالانه گندم دنیا در سال ۲۰۱۰، معادل ۶۷۹ میلیون تن بوده است (FAO, 2010). بر اساس اطلاعات منتشر شده توسط مرکز بین‌المللی تحقیقات گندم و ذرت (CIMMYT) هشت تا ۱۰ درصد از زمین‌های زیر کشت گندم در هند، پاکستان، ایران، مصر و لیبی و مکزیک تحت تأثیر شوری هستند (Mujeeb-Kazi and Diaz de leon, 2002). بنابراین افزایش تحمل به شوری در گندم ضروری به نظر می‌رسد (Colmer et al., 2006; Tuna et al., 2008). اگر چه گندم بطور نسبی به شوری متحمل است، اما قابلیت کشت در همه مناطق را ندارد. پتانسیل تنوع ژنتیک تحمل به شوری در ارقام اصلاح شده و بومی خانواده گندم در ایران و سایر نقاط دنیا و امکان اصلاح ارقام متحمل به این تنش نیز گزارش شده است (Shahsavand Hassani and Caligari, 2005). تحمل به شوری صفتی کمی است و ژن‌های زیادی آن را کنترل می‌کنند، بنابراین دورگ‌گیری ارقام اصلاح شده با خویشاوندان وحشی بویژه تلاقی‌های دور، امکان انتقال این صفت پیچیده را فراهم می‌کند (Flowers and Flowers, 2005). وجود ژن‌های مفید و تنوع ژنتیکی بالا در گونه‌های وحشی برای انواع صفات مقاومت به تنش‌های محیطی و سازگاری وسیع گونه‌های وحشی و خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی به شرایط آب و هوایی مختلف، حاکی از نقش ویژه آن‌ها در اصلاح ارقام زراعی موجود است (Jiang et al., 1994).

تینوپایرم بساراییکوم (*Thinopyrum bessarabicum*) گیاهی علفی با رشد کند و دوام بالا، خود بارور و متحمل به شوری است که در سواحل دریای مدیترانه و

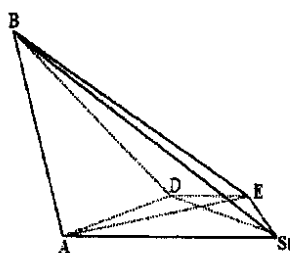
دریای سیاه رشد می‌کند (King et al., 1997). اگرچه این گیاه در شوری ۳۵۰ میلی مولار زنده می‌ماند، ولی رشد آن در شوری بیشتر از ۲۵۰ میلی مولار نمک کم می‌شود (Colmer et al., 2006). این گیاه صفات مطلوب بسیاری دارد و دارای صفات ژنتیکی مناسبی برای بهبود تحمل به تنش‌های محیطی بویژه شوری در گندم است و می‌توان آن را به راحتی با گندم تلاقی داد (Fedak and Han, 2005). غله جدید تریتی‌پایرم سومین آمفی پلوئید مصنوعی است که برخی ژنوتیپ‌های اولیه آن در سال ۱۹۸۵ توسط فورستر و میلر (Forster and Miller, 1985) از تلاقی گندم نان و گونه تینوپایرم بساراییکوم ایجاد شده است. نتایج تحقیقات انجام شده نشان دهنده پتانسیل بالقوه تحمل به شوری این گیاه است (Colmer et al., 2006; King et al., 1997). شاهسوند حسنی و همکاران (Shahsavand Hassani et al., 2008) با ارزیابی لاین‌های اولیه تریتی‌پایرم در شرایط تنش شوری نشان دادند که تریتی‌پایرم غله‌ای متحمل به شوری است.

لاین‌های اولیه تریتی‌پایرم هگزاپلوئید ($AABB E^b E^b$, $2n=6x=42$)، تحمل به شوری قابل توجهی به نمک کلرید سدیم نشان می‌دهند، اما دارای شکنندگی محور سنبله، دیررسی و اندکی ناپایداری کروموزومی در تقسیم میوز همانند تریتیکاله‌های اولیه هستند. همانگونه که با انواع روش‌های اصلاحی صفات نامطلوب زراعی تریتیکاله برطرف شده است، اصلاح تریتی‌پایرم اولیه و حذف صفات نامطلوب زراعی آن نیز دور از انتظار نیست (Shahsavand Hassani et al., 2003). در لاین‌های اولیه تریتی‌پایرم هگزاپلوئید، ژنوم E^b نسبت به ژنوم D از لحاظ پتانسیل تحمل به شوری برتری دارد. بررسی عکس‌العمل یکسان دو لاین هگزاپلوئید تریتی‌پایرم اولیه (La/b و Ne/b) در مقایسه با لاین تریتی‌پایرم اولیه اکتاپلوئید (Cs/b) در تیمارهای مختلف

بنابراین احتمال تولید گیاهانی با تعداد متفاوت یک تا هفت کروموزوم از هر یک از دو ژنوم D و E^b در هر بوته وجود دارد و به همین دلیل گیاهان نسل دوم به بعد منبع با ارزشی برای غربال و انتخاب گیاهان با ترکیبات مختلف کروموزومی دو ژنوم D و E^b به شمار می‌روند. اقدامات اولیه برای تولید لاین‌های ثانویه تریتی‌پایرم از چندین سال قبل در ایران آغاز شده است و برای گزینش ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تریتی‌پایرم ثانویه از روش دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل استفاده شده است (Shahsavand Hassani et al., 2003). اجرای این روش با استفاده از کاوشگر حاصل از دی.ان.ای گونه تینوپایرم بسارایکوم به دلیل خویشاوندی نزدیک آن با گندم، تا حدودی مشکل است. زیرا کاوشگر همواره علاوه بر اتصال به کروموزوم‌های تینوپایرم بسارایکوم، گرایش به دورگ شدن با کروموزوم‌های گندم را نیز داشته و تمایز و تشخیص کروموزوم‌های تینوپایرم بسارایکوم از کروموزوم‌های گندم را در ساختمان کروموزومی ژنوتیپ‌های تریتی‌پایرم ثانویه با مشکل مواجه می‌کند (Zhang et al., 2002). به منظور حل این مشکل، از دی.ان.ای گونه سودوجینریا استیپی‌فولیا (*Pseudoroegneria stipifolia*) برای تهیه کاوشگر استفاده شد. گونه سودوجینریا استیپی‌فولیا دارای خویشاوندی دورتری با گندم در مقایسه با تینوپایرم بسارایکوم است، ولی رابطه خویشاوندی بسیار نزدیکی با گونه تینوپایرم بسارایکوم دارد (شکل ۱)

شوری نشان دهنده این است که ژنوم D در تحمل به شوری تأثیری ندارد (King et al., 1997). اصلاح خصوصیات نامطلوب زراعی متناسب به ژنوم E^b در لاین‌های تریتی‌پایرم هگزاپلوئید اولیه با جایگزینی برخی از کروموزوم‌های این ژنوم با تمام یا برخی از کروموزوم‌های ژنوم D بمنظور تولید لاین‌های ثانویه تریتی‌پایرم امکان‌پذیر است (Shahsavand Hassani et al., 2003).

اکثر ژن‌های تحمل به شوری روی کروموزوم شماره پنج گونه تینوپایرم بسارایکوم (Forster et al., 1988). $(2n=2x=14, E^bE^b)$ قرار دارند گیاهان نسل اول ($F_1, 2n=6x=42, 7A7B7D7E^b$) حاصل از تلاقی لاین‌های هگزاپلوئید اولیه تریتی‌پایرم با ارقام اصلاح شده گندم نان حاوی سری کامل کروموزوم‌های دو ژنوم A و B، هفت کروموزوم از ژنوم D و هفت کروموزوم از ژنوم E^b هستند. نتایج حاصل از خودباروی گیاهان نسل اول و یا تلاقی برگشتی آن‌ها با ارقام گندم، تفرق کروموزومی این گیاهان در نسل دوم و امکان پیدایش ژنوتیپ‌های تریتی‌پایرم ثانویه، یعنی گیاهانی با ۴۲ کروموزوم (۱۴ کروموزوم از ژنوم A، ۱۴ کروموزوم از ژنوم B، ۱۲ کروموزوم از ژنوم D و یک جفت کروموزوم شماره پنج ژنوم E^b) و تعداد متفاوتی از کروموزوم‌های D و E^b را بدنبال دارد، زیرا انتظار می‌رود که همولوژی کامل بین ژنوم‌های A و B وجود داشته باشد، ولی همولوژی کامل بین کروموزوم‌های دو ژنوم D و E^b وجود ندارد.



شکل ۱- ارتباط ژنومی میان پنج ژنوم اصلی طایفه گندمیان

Fig.1. Genomic relationships among five basic genomes of triticeae tribe

و می‌تواند بعنوان یک کاوشگر جدید برای شناسایی کروموزوم‌های آن‌ها در روش دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل به کار گرفته شود (Chen et al., 1998; Liu et al., 2007; Zhang et al., 2002).

در این تحقیق با کاربرد کاوشگر ژنومی سودوجینریا استیپی فولیا ($2n=2x=14$, S^tS^t) وجود تعداد کروموزوم‌های E^b در ساختار کروموزومی چهار گیاه (۲۰ سلول متافاز میتوزی) از نسل سوم ژنوتیپ جدید و ممکن تریتی‌پایرم ثانویه حاصل از تلاقی رقم گندم نان امید با لاین تریتی‌پایرم اولیه St/b و چهار گیاه (۲۷ سلول متافاز میتوزی) از نسل سوم ژنوتیپ جدید و ممکن تریتی‌پایرم ثانویه حاصل از تلاقی رقم گندم نان نوید با لاین تریتی‌پایرم اولیه $(Ka/b)(Cr/b)$ مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل بذور و گیاهان نسل سوم ژنوتیپ‌های جدید تریتی‌پایرم ثانویه (F_3 : NPSTIGs : $AABB(1-7)D(1-7)E^b$ (رقم امید) با تریتی‌پایرم اولیه (لاین St/b)، بذور و گیاهان نسل سوم ژنوتیپ‌های جدید تریتی‌پایرم ثانویه (F_3 : NPSTIGs : $AABB(1-7)D(1-7)E^b$) تلاقی گندم نان (رقم نوید) با تریتی‌پایرم اولیه [لاین ترکیبی $(Ka/b)(Cr/b)$] بود. علاوه بر مواد گیاهی مذکور از بذره‌ای تهیه شده گونه سودوجینریا استیپی فولیا ($2n=2x=14$, SS) از مرکز تحقیقات ژنتیک و بیوتکنولوژی گیاهی آلمان (IPK) و گندم بهاره چینی (CS: $2n=6x=42$, AABBDD) استفاده شد.

تهیه اسلاید کروموزومی میتوز

بذره‌ای ژنوتیپ‌های جدید و ممکن ثانویه تریتی‌پایرم حاصل از تلاقی گندم نان (رقم امید) و تریتی‌پایرم اولیه St/b و همچنین حاصل از تلاقی گندم نان (رقم نوید) با تریتی‌پایرم اولیه [لاین ترکیبی $(Ka/b)(Cr/b)$] در ظروف پتری کشت شدند و

ریشه‌چه‌های یک و نیم سانتی‌متری آن‌ها با اسکالپل جدا و ۲۴ ساعت در آب مقطر چهار درجه سانتی‌گراد و سپس ۲۴ ساعت در محلول کارنوی I قرار داده شدند. سپس ریشه‌چه‌ها در یک قطره اسید استیک ۴۵ درصد روی اسلاید قرار داده شده و با چند ضربه ملایم روی لامل بطور یکنواخت روی اسلاید پخش شدند. اسلایدهای حاوی یک لایه از سلول‌های مریستم نوک ریشه‌چه‌ها در زیر میکروسکوپ فاز کنتراست بررسی و اسلایدهای حاوی نمونه‌های کروموزومی واضح، بویژه حاوی تعداد مناسب از سلول‌های متافاز، در نیتروژن مایع منجمد شده و بلافاصله لامل با اسکالپل برداشته و اسلایدها تا زمان انجام دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل، در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند.

استخراج دی.ان.ای ژنومی

دی.ان.ای ژنومی از برگ گیاهان گونه‌های گندم (رقم بهاره چینی (CS: $2n=6x=42$, AABBDD))، سودوجینریا استیپی فولیا ($2n=2x=14$, S^tS^t) براساس روش تغییر یافته دلاپورتا و همکاران (Dellaporta et al., 1983) استخراج شد.

۱/۰ گرم از نمونه‌های برگ در نیتروژن مایع سائیده شده و ۴۰۰ میکرولیتر بافر استخراج به آن اضافه و در میکروتیوب ریخته و به آرامی بهم زده شد و به مدت ۳۰ دقیقه در حمام آب گرم (۶۵ درجه سانتی‌گراد) قرار داده شد. پس از آن ۲۰۰ میکرولیتر استات پتاسیم پنج مولار به آن اضافه و به مدت ۱۰ دقیقه روی یخ قرار داده شد. پانصد میکرولیتر محلول کلروفرم-ایزوامیل الکل به میکروتیوب اضافه و با آرامی بهم زده و ۱۵ دقیقه در دمای چهار درجه سانتی‌گراد با ۵۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفوژ شد. محلول روشن به لوله جدید انتقال و هم حجم آن ایزوپروپانول سرد اضافه و به آرامی مخلوط شد. سپس به مدت ۳۵ دقیقه در ۵۰۰۰ دور در دقیقه با دمای چهار درجه سانتی‌گراد سانتریفوژ و سپس قسمت فوقانی محلول به آرامی دور ریخته شد. رسوب

بجا مانده با اتانول ۷۰ درصد شستشو و ۱۵۰ میکرولیتر محلول TE به آن اضافه و غلظت دی.ان.ای در طول موج ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر با دستگاه اسپکتروفتومتر (Garry 50, USA) تعیین و تا زمان استفاده در تهیه کاوشگر در ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد.

تهیه کاوشگر ژنومی سودوجینریا استیپی فولیا با روش شکاف و ترجمه (Nick Translation)

به منظور تهیه کاوشگر ژنومی از گونه سودوجینریا استیپی فولیا، پنج میکرولیتر بافر دی.ان.ای پلی مرارز با غلظت پایه (۱۰X)، دو میکرولیتر محلول سه نوکلئوتید غیر نشاندار شامل dGTP، dCTP و dATP (یک میلی مولار)، نیم میکرولیتر نوکلئوتید dTTP (یک میلی مولار)، دو میکرولیتر نوکلئوتید dUTP نشاندار شده با بیوتین (Biotin-11-dUTP)، سه میکرولیتر آنزیم دی.ان.ای پلی مرارز، دو میکرولیتر آنزیم دی اکسی ریبونوکلاز، یک میکرولیتر از دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا استیپی فولیا دارای ۵۰ نانوگرم دی.ان.ای ژنومی از این گونه و ۳۴ میکرولیتر آب مقطر استریل در لوله یک و نیم میلی لیتری با هم مخلوط و به مدت دو ساعت در دمای ۱۵ درجه سانتی گراد قرار داده شدند. برای متوقف کردن واکنش، یک میکرولیتر از محلول EDTA نیم مولار به میکروتیوب اضافه شد. از این محلول بعنوان کاوشگر در آزمایشات دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل استفاده گردید.

تعیین کیفیت کاوشگر ژنومی

برای تعیین میزان نشاندار شدن دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا استیپی فولیا با روش رنگ سنجی از دستورالعمل کیت تعیین کیفیت کاوشگر شرکت فرمتاز استفاده شد. ابتدا محلول کاوشگر با استفاده از محلول نمکی XSSC ۶ به نسبت‌های ۱:۱۰، ۱:۱۰۰ و ۱:۱۰۰۰ رقیق شد. سپس یک میکرولیتر از محلول‌های چهارگانه شامل کاوشگر اصلی، سه محلول کاوشگر رقیق شده و محلول نمکی ۶XSSC (بعنوان کنترل منفی) روی غشاء (کاغذ بلاتینگ) ریخته و ۳۰ دقیقه در دمای

۳۷ درجه سانتی گراد قرار داده شدند. سپس غشاء (کاغذ بلاتینگ) به ترتیب با محلول‌های مسدود کننده (بلو کینگ)، آلکالین فسفاتاز استرپتاویدین و مسدود کننده (بلو کینگ) هر یک ۳۰ و ۱۵ دقیقه نیز با بافر ردیابی روی شیکر با دور متوسط شستشو داده شدند. پس از آن به مدت ۳۰ دقیقه در محلول سوسترای ویژه 5-bromo-4-chloro-3-indolylphosphate/nitroblue-tetrazolium (NBT/BCIP) در تاریکی قرار داده شدند. به منظور متوقف کردن واکنش، غشاء چند دقیقه با آب شستشو و سپس در دمای اتاق خشک و از آن عکسبرداری شد.

دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل

دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل طبق روش شوارتزر و هریسون (Schwarzacher and Harrison, 2000) با اندک تغییراتی انجام شد. اسلایدهای از قبل تهیه شده ژنوتیپ‌های جدید تریتی-پایرم ثانویه (NPSTIGs) از فریزر به محیط آزمایشگاه منتقل و پس از هم دما شدن با محیط، به مدت ۳۰ دقیقه در محلول آنزیم RNase (۴۰ میکروگرم در میلی‌لیتر) در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد قرار داده شدند. واسرشته سازی دی.ان.ای نمونه‌های کروموزومی هدف در اسلایدها در دمای ۷۰ درجه سانتی گراد در محلول ۷۰ درصد فراماید و آبگیری نمونه در محلول‌های ۷۰، ۹۰ و ۱۰۰ درصد اتانول انجام و در دمای آزمایشگاه خشک شدند. سپس مخلوط دورگ گیری دی.ان.ای کاوشگر در محل متشکل از محلول‌های فراماید دیونیزه ۵۰ درصد (۲۰ میکرولیتر)، دکستران سولفات ده درصد (۱۰ میکرولیتر)، محلول نمکی XSSC ۲۰ (پنج میکرولیتر)، محلول دی.ان.ای کاوشگر (یک میکرولیتر) و دی.ان.ای ماهی آزاد با غلظت ده میکروگرم در میکرولیتر (یک میکرولیتر) و دی.ان.ای مسدود کننده (گندم بهاره چینی) و آب مقطر دو بار استریل تا رساندن حجم به ۵۰ میکرولیتر برای هر

میکروسکوپ فلورسنت (Axioplan 2, Germany) مورد مشاهده قرار گرفتند و از سلول‌های حاوی کروموزوم‌های نشانگر ژنومی گونه علف شور ساحل، با دوربین CCD متصل به میکروسکوپ، ابتدا با فیلتر پنج (DAPI) و بعد با فیلتر شش (فلورسین ایزوتیوسیانات) عکس تهیه و از لحاظ تعداد کروموزوم‌های ژنوم E^b ارزیابی شدند.

نتایج و بحث

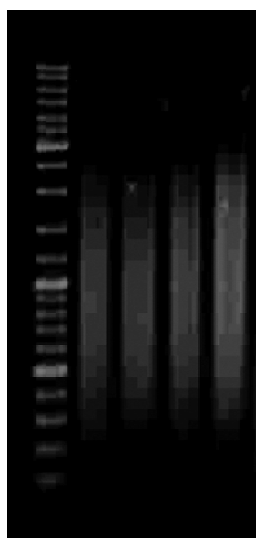
کیفیت دی.ان.ای کاوشگر

میزان جذب دی.ان.ای ژنومی استخراج شده از ژنوم S^t با اسپکتروفتومتر $1/8$ تا 2 بدست آمد که نشان دهنده کیفیت خوب آن برای استفاده در روش دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل (GISH) بود. بررسی دی.ان.ای ژنومی رقم بهاره چینی بعنوان دی.ان.ای مسدود کننده توالی‌های مشترک ژنوم E^b با ژنوم‌های B، A و D با ژل آگارز نشان داد که مناسب ترین زمان برای تولید دی.ان.ای مذکور به قطعات 100 تا 1000 جفت باز، هفت دقیقه قرار دادن دی.ان.ای در اتوکلاو بود (شکل ۲). کنترل کیفیت دی.ان.ای ژنومی گونه

اسلاید، در یک لوله مخلوط و به مدت شش دقیقه در دمای 100 درجه سانتی‌گراد برای واسرشته سازی دی.ان.ای کاوشگر قرار داده شدند. 45 میکرولیتر از محلول مخلوط دورگ گیری روی هر اسلاید ریخته شد و لامل روی آن قرار داده شد. اسلایدها در محفظه مرطوب در دمای 37 درجه سانتی‌گراد به مدت 16 ساعت قرار و سپس در فرامید 50 درصد در دمای 42 درجه سانتی‌گراد شستشو و به مدت ده دقیقه در محلول سرم آلبومین گاوی ($BSA\ 3\%$) قرار داده شدند. برای آشکار سازی محل‌های دورگ گیری شده در کروموزوم‌ها، 50 میکرولیتر از محلول آویدین اف.آی.تی.سی (Avidin-FITC) در سرم آلبومین گاوی ($BSA\ 3\%$) تا غلظت پنج میکروگرم در میلی‌لیتر رقیق شده و روی هر اسلاید ریخته شد و 30 دقیقه در دمای 37 درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند و سپس به مدت 20 دقیقه در محلول شستشو قرار گرفتند. به منظور تقویت نور حاصل از محل‌های دورگ گیری شده از محلول ضد آویدین اف.آی.تی.سی (Anti-Avidin-FITC) استفاده شد. بعد از شستشوی مجدد، 30 میکرولیتر محلول دیپی (DAPI) جهت تثبیت و ثبات فلورسنت روی اسلایدها ریخته و در زیر

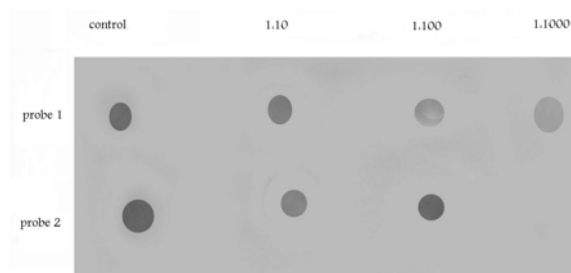
1000 bp →

100 bp →



شکل ۲- کنترل طول 200 تا 1000 جفت بازی قطعات توالی دی.ان.ای مسدود کننده گندم بهاره چینی

Fig. 2. Confirmation of the sequence length of 200-1000 bp of Chinese spring blocking DNA



شکل ۳- تعیین کیفیت کاوشگر (دی.ان.ای ژنومی سودوجینریا استیپی فولیا نشاندار شده با بیوتین)

Fig. 3. Qualification of *Pseudoroegneria stipifolia* genomic probe labelled with Biotin

شناسایی و حضور تعداد کروموزوم‌های این ژنوم در ساختار کروموزومی گیاهان ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تریتی‌پایم ثانویه بسیار مشکل بوده و نتایج معتبری نخواهد داشت.

ژانگ و همکاران (Zhang et al., 2002) با بررسی آمفی‌پلوئید بین گندم نان و گونه تینوپایم بسارایکوم نشان دادند که ژنوم E^b شباهت زیادی با ژنوم‌های موجود در گندم نان دارد و با کاربرد این ژنوم به عنوان کاوشگر در نمونه‌های حاوی کروموزوم‌های ژنوم‌های گندم نان، محل‌های نورانی دورگ‌گیری شده ناخواسته ایجاد می‌شود. ویلیام و مجیب قاضی (William and Mujeeb-kazi, 1995) نشان دادند که بدلیل همولوژی بالای ژنوم E^b با ژنوم‌های A, B و D برای ردیابی این ژنوم در ساختار کروموزومی آمفی‌پلوئیدهای بین گندم و گونه‌های تینوپایم و شناسایی قطعی وجود کروموزوم‌های E^b در این نمونه‌های کروموزومی، استفاده از نسبت بالای دی.ان.ای مسدود کننده توالی‌های مشابه با دی.ان.ای کاوشگر ضروری است. شاهشوند حسنی و همکاران (Shahsavand Hassani et al., 2003) برای شناسایی کروموزوم‌های گونه تینوپایم بسارایکوم در لاین‌های اولیه تریتی‌پایم بدلیل شباهت زیاد ژنوم E^b با ژنوم‌های گندم از نسبت بالای ۵۰ برابری دی.ان.ای مسدود کننده توالی‌های مشابه نسبت به دی.ان.ای کاوشگر استفاده کردند، اما بکار بردن دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا استیپی فولیا بدلیل

سودوجینریا نشاندار شده با بیوتین بعنوان کاوشگر باروش رنگ سنجی نیز حاکی از مقدار کافی بیوتین موجود در کاوشگر جهت تقویت و مشاهده محل‌های نورانی دورگ‌گیری شده این دی.ان.ای با دی.ان.ای گونه علف شور ساحل (E^b) موجود در ساختار کروموزومی گیاهان نتاج نسل سوم تریتی‌پایم ثانویه (NPSTIGs) بود (شکل ۳).

دو رنگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل

در آزمایش دو رنگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل، هر چه میزان شباهت توالی‌های دی.ان.ای کاوشگر با توالی‌های دی.ان.ای ژنوم‌های والدینی بیشتر باشد، امکان ایجاد محل‌های دورگ‌گیری شده نورانی ناخواسته بیشتر است. استفاده از کاوشگر ژنومی E^b در بررسی ساختار کروموزومی نمونه‌های گیاهی ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تریتی‌پایم ثانویه حاصل از تلاقی گندم نان با تریتی‌پایم اولیه، موجب می‌شود که دورگ‌گیری کروموزوم‌های کاوشگر ژنومی E^b با کروموزوم‌های سایر ژنوم‌ها، غیر از ژنوم E^b اتفاق بیفتد. پایین بودن غلظت دی.ان.ای مسدود کننده محل‌های مشترک کروموزوم‌های کاوشگر با کروموزوم‌های نمونه هدف یا مسدود نشدن توالی مشترک بین کروموزوم‌های ژنوم E^b با کروموزوم‌های سایر ژنوم‌ها، تعداد محل‌های نورانی دورگ‌گیری شده را بیش از تعداد کروموزوم‌های کاوشگر نشان خواهد داد، بنابراین استفاده از کاوشگر ژنومی E^b بدلائل فوق برای

شباهت ژنتیکی زیادتر به ژنوم E^b و شباهت کمتر آن به سایر ژنوم‌های گندم نان برای ردیابی کروموزوم‌های ژنوم E^b نیاز به دی.ان.ای مسدود کننده کمتری دارد و محل‌های نورانی دورگ گیری شده ناخواسته نیز بشدت کاهش می‌یابد. چن و همکاران (Chen *et al.*, 1998) کاوشگر دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا استیپی فولیا را برای شناسایی آمفی‌پلوئیدهای حاصل از تلاقی گونه‌های گندم و تینوپایم مورد استفاده قرار دادند. کاوشگر این ژنوم برای ردیابی کروموزوم‌های ژنوم E^b در آمفی‌پلوئیدهای گندم و تینوپایم پونتی‌کوم نیز کاربرد داشته است (Fedak and Han, 2005). ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2002) کاوشگر این ژنوم را برای ردیابی و وجود کروموزوم‌های E^b در ساختار کروموزومی لاین‌های افزایشی گندم-تینوپایم مقاوم به ویروس پیچیدگی جو به کار بردند. استفاده از کاوشگر ژنوم S^t در ردیابی و وجود کروموزوم‌های E^b در ترکیب کروموزومی لاین‌های افزایشی گندم-اینترمیدیم مقاوم به سفیدک پودری نیز نتایج مطلوبی را به همراه داشت (Liu and Wang, 2002).

کاربرد دی.ان.ای ژنوم S^t به عنوان کاوشگر برای شناسایی کروموزوم‌های E^b در ساختار کروموزومی لاین‌های تری‌تی‌پایم اولیه یا ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تری‌تی‌پایم ثانویه و استفاده از نسبت پایین‌تری از DNA مسدود کننده توالی‌های مشابه (۵:۱) در این آزمایش نتایج مطلوبی را بدنبال داشت (شکل ۴). ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2002) نشان دادند که با کاربرد نسبت ۳:۱ از کاوشگر ژنومی گونه سودوجینریا و دی.ان.ای مسدود کننده توالی‌های مشابه دی.ان.ای هدف در نتایج دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی گونه سودوجینریا (GISH) نتیجه بخش است. همچنین استفاده از روش نشاندار کردن غیر مستقیم دی.ان.ای کاوشگر گونه سودوجینریا در این بررسی امکان تقویت علائم نورانی محل‌های دورگ گیری شده در گیاهان نتاج نسل سوم

ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی ثانویه تری‌تی‌پایم را فراهم و نتایج مشاهده شده در شناسایی و وجود کروموزوم‌های E^b در ترکیب کروموزومی این گیاهان بسیار رضایت بخش بود (شکل ۴).

نتایج تجزیه محل‌های نورانی دورگ گیری شده دی.ان.ای ژنومی کاوشگر گونه سودوجینریا در گیاهان نتاج نسل سوم ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی ثانویه تری‌تی‌پایم حاصل از تلاقی تری‌تی‌پایم اولیه [لاین (Cr/b) (Ka/b)] با گندم نان (رقم نوید) با فیلترهای دپی (DAPI) و فلورسین ایزوتیوسیانات (شکل ۴) نشان داد که در فیلتر دپی تمام کروموزوم‌های نمونه تهیه شده میتوزی به رنگ آبی دیده شدند ولی در فیلتر فلورسین ایزوتیوسیانات در برخی کروموزوم‌ها محل‌های نورانی دورگیری شده به رنگ سبز مشاهده شد که حاکی از دو رنگ گیری توالی‌های مشابه دی.ان.ای کروموزوم‌های موجود در نمونه کروموزومی میتوز لاین (Cr/b) (Ka/b) با توالی‌های دی.ان.ای مشابه در کروموزوم‌های ژنوم کاوشگر گونه سودوجینریا (S^t) است. تعداد کروموزوم‌های E^b مشاهده شده در نمونه‌های کروموزومی میتوز گیاهان نسل سوم ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تری‌تی‌پایم ثانویه (NPSTIGs) حاصل از تلاقی ارقام گندم امید و نوید به ترتیب با لاین‌های اولیه تری‌تی‌پایم St/b و $(Cr/b) (Ka/b)$ بین یک تا شش کروموزوم متغیر بود (جدول ۱) که نشان دهنده امکان تولید ژنوتیپ‌های تری‌تی‌پایم ثانویه حاوی یک تا سه جفت کروموزوم E^b و اصلاح تری‌تی‌پایم اولیه با استفاده از ژنوم گندم نان دارد. شاهسوند حسنی و همکاران (Shahsavand Hassani *et al.*, 2003) تعداد سه تا ۱۲ کروموزوم E^b را در نتاج F_2 و F_3 ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تری‌تی‌پایم ثانویه حاصل از تلاقی گندم نان (ارقام مبل و آگزونا) با لاین‌های اولیه تری‌تی‌پایم شناسایی کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد. خانامانی (Khanamani, 2007) تعداد شش تا هفت

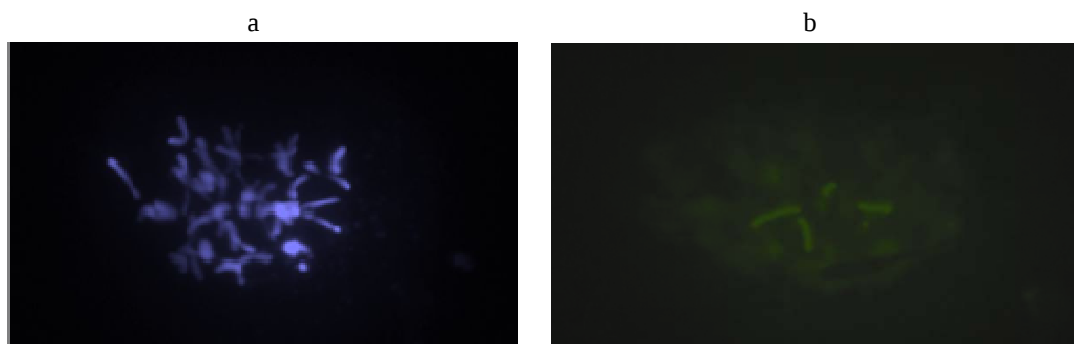
کروموزوم E^b را در نسل F₃ ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی ثانویه تریتی‌پایرم شناسایی کردند که با نتایج این آزمایش مطابقت دارد. بطور کلی نتایج بدست آمده در این تحقیق در مقایسه با پژوهش‌های مشابه ولی در توده‌های گیاهی متفاوت در حال تفرد کروموزومی حاصل از تلاقی‌های مختلف نشان داد که امکان

کروموزوم E^b را در ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تریتی‌پایرم ثانویه نتاج F₂ حاصل از تلاقی ارقام گندم امید و نوید به ترتیب با لاین اولیه تریتی‌پایرم St/b و لاین ترکیبی تریتی‌پایرم اولیه (Ka/b)(Cr/b) گزارش کردند که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. میرزا قادری و همکاران (Mirzaghaderi *et al.*, 2010) تعداد دو تا ده

جدول ۱- تعداد کروموزوم‌های شناسایی شده ژنوم E^b در ژنوتیپ‌های جدید و احتمالی تریتی‌پایرم ثانویه حاصل از تلاقی گندم نان ایرانی (ارقام امید و نوید) با تریتی‌پایرم اولیه [لاین‌های St/b و (Ka/b)(Cr/b)] با استفاده از روش دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل (GISH)

Table1. Number of E^b chromosomes in new potential secondary tritipyrum genotypes produced by crossing the Iranian bread wheat (cvs: Omid and Navid) with primary tritipyrum lines [St/b and (Ka/b) (Cr/b)] using in

situ hybridization technique				
ژنوتیپ‌های تریتی‌پایرم tritipyrum genotypes	تعداد گیاهان No. of plants	تعداد سلول‌ها No. of cells	تعداد کروموزوم‌ها NO. of chromosomes	تعداد کروموزوم‌های E ^b NO. of E ^b chromosomes
Omid × St/b	4	20	32-44	1-6
Navid × (Ka/b)(Cr/b)	4	27	32-46	1-6



شکل ۴- دورگ گیری دی.ان.ای ژنومی در محل در مرحله متافاز میتوزی سلول‌های ژنوتیپ جدید و احتمالی تریتی‌پایرم ثانویه (NPSTIG) حاصل از تلاقی گندم نان (رقم نوید) با تریتی‌پایرم ترکیبی اولیه [لاین (Ka/b)(Cr/b)] با کاوشگر ژنومی گونه سودجینریا استیپی فولیا (نشاندار شده با بیوتین dUTP-۱۱) a. فیلتر DAPI: تمام کروموزوم‌ها به رنگ آبی مشاهده می‌شوند. b. فیلتر فلورسئین ایزوتیوسیانات: تعداد ۴ کروموزوم دورگ گیری شده کاوشگر ژنومی S^۱ با کروموزوم‌های همیولوگ ژنوم E^b در NPSTIGs به رنگ سبز نورانی مشاهده می‌شوند (بزرگنمایی: ۴۰۰X)

Fig. 4. Genomic in situ hybridization between mitotic metaphase cells of new potential secondary tritipyrum genotype derived from crossing between Iranian bread wheat (cv: Navid) and combined primary tritipyrum [line: Ka/b)(Cr/b)] . a. DAPI filter; all chromosomes were blue. b. FITC filter: the 4 hybrid sites of S¹ genome chromosomes as probe with their E^b homeolog chromosomes of NPSTIGs cells were bright green (Magnification: 400X)

اصلاح کروموزومی لاین‌های اولیه تربیتی‌پایم از طریق تلاقی آنها با گندم نان وجود دارد. گزینش لاین اصلاح شده گندم نان حاوی یک یا چند جفت از کروموزوم‌های E^b ، در این توده‌های گیاهی با استفاده از نشانگرهای سیتوژنتیک مولکولی مانند دو رنگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل امکان‌پذیر است و شناسایی نوع خاص این کروموزوم‌ها نیاز به استفاده از نشانگرهای مولکولی ژنوم E^b دارد.

نتیجه‌گیری

انتظار می‌رود که در ساختار کروموزومی گیاهان نسل اول ژنوتیپ‌های احتمالی تربیتی‌پایم ثانویه ($F_1 7''AA7''BB7D7E^b$, $2n=6x=42$) تعداد ۱۴ کروموزوم از ژنوم A ، ۱۴ کروموزوم از ژنوم B ، هفت کروموزوم از ژنوم D و هفت کروموزوم از ژنوم E^b وجود داشته باشند و در نسل‌های تفرق (F_2 و F_3)، انتظار پیدایش ترکیبات مختلفی از تعداد یک تا هفت کروموزوم ژنوم D و یک تا هفت کروموزوم از ژنوم E^b می‌رود. در سلول‌هایی که تعداد کل کروموزوم‌ها ۴۲ است و تعداد کروموزوم‌های E^b کمتر از ۱۴ است، ممکن است که کروموزوم‌های ژنوم D جایگزین کروموزوم‌های E^b شده باشند. در این آزمایش نیز در تمام سلول‌ها، تعداد کروموزوم‌ها کمتر از هفت جفت بود، بنابراین احتمال زیادی وجود دارد که در این سلول‌ها کروموزوم‌های ژنوم D جایگزین کروموزوم‌های E^b شده باشند (شکل ۴). در سلول‌های گیاهانی که تعداد کروموزوم‌های ژنوم E^b آنها مساوی ۱۴ باشد، امکان جایگزینی هیچ کروموزومی از ژنوم E^b با کروموزوم‌های ژنوم D وجود ندارد. نتایج این تحقیق نشان داد که از روش‌های سیتوژنتیک مولکولی مانند دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل می‌توان در فرآیند گزینش ترکیبات و تنوع کروموزومی و تشخیص تعداد کروموزوم‌های بیگانه E^b در توده‌های گیاهی آمفی‌پلوئید ناقص حاصل از تلاقی‌های خارج از گونه گیاهان زراعی مانند ژنوتیپ‌های ثانویه تربیتی‌پایم

با ترکیبات متفاوت کروموزوم‌های A , B , D و E^b استفاده کرد و ژنوتیپ‌هایی متفاوت در نسل‌های در حال تفرق مانند F_2 با تعداد متفاوتی از کروموزوم‌های E^b شناسایی نمود. بدین ترتیب امکان گزینش ژنوتیپ‌های ثانویه مطلوب به ویژه ژنوتیپ‌های احتمالی تربیتی‌پایم ثانویه با ساختار کروموزومی [$E^b E^b$] ($7''AA(7'')BB(6'')DD(1'')$) که تنها $5E^b$ آن باقی مانده و بقیه کروموزوم‌های $1E^b$ تا $4E^b$ ، $6E^b$ و $7E^b$ با کروموزوم‌های همگروه خود از ژنوم D جابجا شده باشند، وجود دارد.

اگرچه در این تحقیق کاربرد روش دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل (GISH)، امکان تعیین تعداد کروموزوم‌های E^b در ژنوتیپ‌های احتمالی تربیتی‌پایم ثانویه به عنوان یک ابزار گزینش در به‌نژادی کروموزومی را فراهم نمود، اما تشخیص نوع خاص کروموزوم‌های حاوی صفات ویژه مانند کروموزوم $5E^b$ حاوی صفات تحمل به تنش شوری نیازمند استفاده توأم از نشانگرهای سیتوژنتیک مولکولی مانند دورگ‌گیری دی.ان.ای ژنومی در محل (GISH) و نشانگرهای مولکولی دی.ان.ای می‌باشد. بدین ترتیب دقت تشخیص ژنوتیپ‌های برتر کروموزومی بین گونه‌ای یا جنسی افزایش یافته و به‌نژادگران خواهند توانست گزینش ژنوتیپ‌ها را تا دستیابی به یک رقم اصلاح شده با دقت بیشتری انجام دهند.

تشکر و قدر دانی

نویسندگان از دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان در تامین بخشی از امکانات و بویژه مرکز بین‌المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی ماهان برای تامین بخش عمده‌ای از هزینه تحقیق و از آقای دکتر آندریاس بورنر مسئول بانک ژن مرکز تحقیقات ژنتیک و بیوتکنولوژی گیاهی آلمان (IPK) برای ارسال نمونه بذر گونه سودوجینریا استیپی فولیا تشکر و قدردانی می‌نمایند.

References

- Chen, Q., R. L. Conner, A. Laroche and J. B. Thomas. 1998.** Genome analysis of *Thinopyrum intermedium* and *Thinopyrum ponticum* using genomic in situ hybridization. *Genome*, 41: 580-586.
- Colmer, T. D., T. J. Flowers and R. Munns. 2006.** Use of wild relative to improve salt tolerance in wheat. *J. Exp. Bot.* 57(5): 1059-1078.
- Dellaporta, S. L., J. Wood and J. B. Hicks. 1983.** A plant DNA miniprep: Version II. *Plant. Mol. Biol. Rep.* 1:19-21.
- Fedak, G. and F. Han. 2005.** Characterization of derivatives from wheat- *thinopyrum* wide crosses. *Cytogen. Genome Res.* 109: 360-367.
- Flowers, T. J. and S. A. Flowers. 2005.** Why does salinity pose such a difficult problem for breeders?. *Agric. Water Manage.* 78: 15-24.
- Forster, B. P., T. E. Miller and C. N. Law. 1988.** salt tolerance of two wheat-*Agropyron junceum* disomic addition lines. *Genome*, 30: 559-564.
- Heslop-Harrison, J. S. 1992.** Molecular cytogenetics, cytology and genomic comparisons in the Triticeae. *Hereditas*, 116: 93-99.
- FAO. 2010.** [www.http://faostat.fao.org/statistics](http://faostat.fao.org/statistics).
- Jiang, J., B. Friebe and B. S. Gill. 1994.** Recent advances in alien gene transfer in wheat. *Euphytica*, 73 : 199-212.
- Khanamani Falahati Pour, S. 2007.** The assessment of tritipyrum and their progenies chromosome constitution by classical cytology and in situ hybridization, MS.c. thesis in biotechnology. Shahid Bahonar University. (In Persian).
- King, I. P., C. N. Law, K. A. Cant, S. E. Orford, S. M. Reader and T. E. Miller. 1997.** Tritipyrum, a potential new salt-tolerant cereal. *Plant Breed.* 116: 127-132.
- Liu, S. and H. Wang. 2002.** Breeding and molecular cytogenetic identification of wheat-*Thinopyrum intermedium* addition lines resistant to powdery mildew. *Chinese Sci. Bull.* 47: 1892-1896.
- Liu, Z., D. Li and X. Zhang. 2007.** Genetic relationships among five basic genomes St, A, B and D in Triticeae revealed by genomic southern and in situ hybridization. *J. Integ. Plant Biol.* 49: 1080-1086.
- Mirzaghaderi, G., G. Karimzadeh, H. SHahsavand Hassani and M. Jalali-Javaran. 2010.** Cytogenetic analysis of hybrids derived from wheat and tritipyrum using conventional staining and genomic in situ hybridization. *Biologia Plantarum*, 54: 252-258.
- Mujeeb-Kazi, A. and J. L. Diaz de leon. 2002.** Conventional and alien genetic diversity for salt tolerant wheats: focus on current status and new germplasm development. In: Ahmad R., K. A. Malik (Eds.) *Prospects for Saline Agriculture*. Vol :37 Pordrecht: Kluwer Academic Publishers. 69-82.
- Schwarzacher, T. and P. Heslop-Harrison. 2000.** *Practical In Situ Hybridization*. BIOS Scientific Publishers Ltd., 203 page.
- Shahsavand Hassani, H. and P. D. S. Caligari. 2005.** The primary study of production the secondary

tritipyrum and evaluation by its chromosomal constitution by fluorescent in situ hybridization. The 4th National Congress of Biotechnology, The International Center for Science, High Technology and Environmental Science, Jan. 29-30, Kerman-Mahan, Iran. (In Persian).

Shahsavand Hassani, H., P. D. Caligari and T. Miller. 2003. The chromosomal assessment of salt tolerant substituted tritipyrum using genomic fluorescent in situ hybridization. Iran. J. Biotech. 1: 169-178.

Shahsavand Hassani, H., M. Rezaei And S. Razeghi. 2008. The study of protein and quantitative of primary and combined tritipyrum lines under salt stress in hydroponic. The 2th National Congress of Cellular & Molecular Biology, The International Center for Science, High Technology and Environmental Science, Jan. 29-30, Kerman-Mahan, Iran. (In Persian).

Tuna, A., C. Kaya, D. Higgs, B. Murillo-Amador, S. Aydenmir and A. Girgis. 2008. Silicon improves salinity tolerance in wheat plants. Environ. Exp. Bot. 62: 10-16.

William, M. D. H. M. and A. Mujeeb-kuzi. 1995. Biochemical and molecular diagnostics to *Thinopyrum bessarabicum* chromosomes in *Triticum aestivum* gerplasm. Theor. Appl. Genet. 90: 952-956.

Zhang, J., X. Li, R. Wang, A. Cortestu and A. Mujeeb-Kazi. 2002. Molecular cytogenetic characterization of E^b genome chromosome in *Thinopyrum bessarabicum* disomic line of bread wheat. Int. J. Plant. Sci. 163: 167-174.

Characterization of E^b genome chromosomes in F₃ progenies of new potential secondary Tritipyrum introgressed genotypes by genomic DNA in situ hybridization technique

Pour Feridouni, Z.¹, H. Shahsavand Hassani², A. Baghi Zadeh³

ABSTRACT

Pour Feridouni, Z., H. Shahsavand Hassani, A. Baghi Zadeh. 2012. Characterization of E^b genome chromosomes in F₃ progenies of new potential secondary Tritipyrum introgressed genotypes by genomic DNA in situ hybridization technique. **Iranian Journal of Crop Sciences. 13(4): 730-742. (In Persian).**

Primary Tritipyrum is a new synthetic allohexaploid amphiploid cereal which has been developed by crossing the durum wheat (*Triticum durum*, AABB, 2n=4x=28) and wild brackish grass (*Thinopyrum bessarabicum*, E^bE^b, 2n=2x=14). Although primary Tritipyrum lines are tolerant to salt stress but have few undesirable agronomic traits such as brittle rachis and late maturity. To overcome these problems, the new potential secondary introgressed Tritipyrum genotypes were developed from crossing the primary Tritipyrum (St/b) or combined primary Tritipyrum (Ka/b)(Cr/b) lines [AABBE^bE^b, 2n=6x=42] and bread wheat (*Triticum aestivum*: AABBDD, 2n=6x=42) cv. Omid and cv. Navid in which the various D chromosomes of bread wheat will probably be substituted with different E^b chromosomes of Tritipyrums. Identification of E^b chromosomes in chromosomal mitotic preparations of new potential secondary Tritipyrum genotypes including F₃ progenies of (Omid × St/b) and [Navid × (Ka/b)(Cr/b)] by genomic DNA in situ hybridization (GISH) technique, using indirect labeling for genomic S^t DNA with Biotin-11-dutp as probe, was carried out. Results showed that using S^t genomic DNA instead of genomic DNA of E^b genome as probe made less S^t cross hybridization with A, B, D chromosomes and high differentiation between E^b chromosomes with A, B and D genomes chromosomes. This indicated that in spite of high genetic similarity between E^b and S^t (*Pseudoroegneria stipifolia*, S^tS^t, 2n=2x=14) genomes, the St genomic probe is recommended for identification of E^b chromosome, because genetic similarity of S^t genome with A, B and D genomes is less than E^b genome with these three genomes of bread wheat. A range of 1-6 E^b chromosomes in mitotic chromosomal spreads of [Omid × St/b] and [Navid × (Ka/b)(Cr/b)] F₃ progenies were detectable which indicated that producing new potential secondary Tritipyrum introgressed genotypes (NPSTIGs) with specific substituted E^b chromosomes with D chromosome was feasible. Therefore, GISH can be used as a powerful selection tool in chromosome engineering of intergeneric hybridization progenies of primary Tritipyrum lines and bread wheat cultivars combinations for selecting the favourable 42 chromosomal constitution genotypes of E^b, A, B and D as a new substituted or recombinant chromosome(s) lines.

Keywords: Tritipyrum, *Thinopyrum bessarabicum*, Genomic in situ hybridization (GISH) and *Pseudoroegneria stipifolia*.

Received: October, 2010 Accepted: May, 2011

1- M.Sc. Graduated student, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

2-Associate Prof., Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran (Corresponding author)

(Email: hossein212001@yahoo.com)

3- Assistant Prof., International Center for Sciences and Advance Technologies and Environmental Sciences of Kerman, Kerman, Iran