جهت تهیه فایل ورد این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

بررسی تنوع ژنتیکی پده (*Populus euphratica* Oliv.) با ارزیابی پروتئین‌های محلول به‌روش SDS-PAGE

محسن کلاگری*[1] و پروین صالحی شانجانی[1]
[1]عضو هیأت علمی مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور
(تاریخ دریافت: ۱۵/ ۱۲ / ۸۸، تاریخ پذیرش: ۲۸ / ۶ / ۸۹)

چکیده

گونه پده (*Populus euphratica* Oliv.) به‌طور طبیعی در مناطق گسترده‌ای از ایران انتشار یافته و بومی مناطق خشک و نیمه‌خشک است. تنوع جغرافیایی و اقلیمی در گستره انتشار این گونه، از جمله عوامل مهم در ایجاد تفاوت‌های مورفولوژیکی و ژنتیکی میان درختان در رویشگاه‌های مختلف به‌شمار می‌آید. به‌منظور تعیین تنوع ژنتیکی موجود بین درختان پایه نر و ماده پده، بررسی پروتئین محلول به‌روش ژل پلی‌اکریل‌آمید الکتروفورز (SDS-PAGE) روی ۴۴ نمونه عصاره برگ متعلق به یازده رویشگاه طبیعی که از نظر محیطی، طول و عرض جغرافیایی و ارتفاع از سطح دریا با یکدیگر اختلاف داشتند انجام شد. باندهای پروتئینی درختان نر و ماده برای پرووانانس‌های مورد بررسی بر روی ژل نمایان و جایگاه هر یک از باندها از طریق تعیین فاصله حرکت نسبی آنها مشخص شد. در مجموع ۲۲ باند مجزا با تحرک متفاوت بر روی ژل ظاهر شد. نتایج حاصل از الگوی باندی پروتئین‌ها نشان داد که درختان نر و ماده دارای تفاوت‌هایی در ظهور بعضی از باندها در فواصل تحرک مختلف هستند به‌طوری‌که پایه‌های نر دارای تعداد باندهای بیشتری نسبت به پایه ماده هستند. همچنین نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تفاوت بین پایه‌های نر و ماده را نشان داده است. گروه‌بندی پرووانانس‌های پده نشان داد که پایه‌های با مبداءهای جغرافیایی شرقی و جنوبی کشور در گروه متفاوت قرار دارند. هچنین پرووانانس با مبداء جلفا در شمال غرب نیز در یک گروه مجزا قرار گرفت. با وجود رابطه همبستگی بین فاصله جغرافیایی و فاصله ژنتیکی میان پرووانانس‌های پده (P=0.07)، این رابطه از نظر آماری معنی‌دار نبوده است.

واژه‌های کلیدی: پده، پروتئین محلول، تنوع ژنتیکی، تنوع جغرافیایی، SDS-PAGE .

*نویسندهٔ مسئول: تلفن: ۰۹۱۲ ۲۹۴۱۹۷۱ Email: calagari@rifr-ac.ir

جهت تهیه فایل ورد این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مقدمه و هدف

گونه پده (*Populus euphratica* Oliv.) به‌طور طبیعی در مناطق وسیعی از آسیا، آفریقا و اروپا گسترش دارد (FAO, 1979). این گونه در مناطقی از ایران به‌طور طبیعی انتشار داشته و بومی مناطق خشک و نیمه‌خشک است. دامنه پراکنش آن در ایران از مناطق گرم مانند استان‌های خوزستان و سیستان تا مناطق سرد نظیر آذربایجان و زنجان است (ثابتی، ۱۳۵۵). از خصوصیات مهم این‌گونه بردباری آن به خشکی و شوری خاک، همچنین به فرسایش بادی در مناطق بیابانی است (Shiji *et al*., 1996). درخت پده در مناطق مورد انتشار از نظر استفاده از چوب برای مصارف روستایی، تأمین علوفه دام، حفظ و تثبیت دیواره کناری رودخانه و نیز زیستگاه حیات وحش اهمیت دارد (کلاگری، ۱۳۷۶). دو پایه بودن این‌گونه به‌همراه اختلاف‌های جغرافیایی و اقلیمی سبب بروز تفاوت‌های مورفولوژیکی و ژنتیکی شده است. تاکنون بررسی پروتئین محلول به روش ژل پلی‌اکریل‌آمید الکتروفورز (SDS-PAGE) به‌منظور شناخت تنوع ژنتیکی جوامع طبیعی، بررسی مقاومت ژنوتیپ‌های مختلف پده نسبت به شوری (Gu *et al*., 2004) و نیز بررسی تعدادی از گونه‌های صنوبر به‌منظور تعیین مقاومت به خشکی برخی از گونه‌ها گزارش شده است (Wang *et al*., 1997).

درحال حاضر بررسی تمایز ژنتیکی با ارزیابی پروتئین‌های محلول به‌روش SDS-PAGE برای گونه‌های زراعی استفاده می‌شود. به‌طوری‌که پروتئین‌های ذخیره بذر ۳۰ واریته گندم از مناطق مختلف اکولوژیکی پاکستان توسط Mohd *et al*. (2007) و ۸۵ کولتیوار گونه *Brassica sp*. توسط Mukhlesur & Hirata (2004) و نیز تنوع ژنتیکی ۱۸ رقم از یونجه‌های چند ساله در ایران توسط فارغی و همکاران (۱۳۸۶) بررسی شده است. در مورد درختان صنوبر نیز تمایز ۱۰ کلن گونه صنوبر *Populus deltoides* با استفاده از الگوی باندهای پروتئین انجام شد (Lone & Tewari, 2006). نتایج آنها گروه‌بندی این ارقام بر اساس الگوهای باند پروتئینی و ارتباط آنها با شرایط جغرافیایی و مورفولوژیکی بوده است. Son *et al*. (1993) برای بررسی تغییرات میان کلن‌های حاصل از کشت سلول و Bai *et al*. (2000) به‌منظور شناسایی و تفکیک هیبریدهای گونه صنوبر به ویژه پده به لحاظ مقاومت به شوری، از باندهای پروتئینی استفاده کردند.

این تحقیق به‌منظور تعیین تنوع ژنتیکی موجود بین درختان پده با مبداءهای جغرافیایی مختلف بر اساس نشانگر پروتئین محلول و نیز بررسی ارتباط ویژگی جغرافیایی با تنوع ژنتیکی، انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های گیاهی از درختان پده متعلق به ۱۱ مبداء جغرافیایی که به لحاظ شرایط اقلیمی و جغرافیایی تفاوت داشتند، انتخاب شد (جدول ۱).

جدول ۱ـ مشخصات جغرافیایی و آب و هوایی پرووانانس‌های پده در مناطق مورد بررسی

ردیف	استان	رویشگاه	ارتفاع از سطح دریا (متر)	طول جغرافیایی (شرقی)	عرض جغرافیایی (شمالی)	میانگین دمای سالانه	میانگین دمای حداقل مطلق	میانگین دمای حداکثر مطلق	میانگین بارندگی سالانه
۱	خراسان	سرخس	۲۶۰	۶۱° ۱۰´	۳۶° ۱۵´	۱۷/۶	-۱۰/۶	۴۳/۹	۲۰۳/۳
۲	گلستان	داشلی‌برون	۵۰	۵۴° ۵۶´	۳۷° ۴۶´	۱۷/۱	-	-	۲۰۱/۹
۳	تهران	خجیر	۱۳۲۰	۵۱° ۴۵´	۳۵° ۳۹´	۱۷/۶	-۶/۹	۴۱	۲۳۱/۹
۴	گیلان	منجیل	۳۵۰	۴۹° ۱۲´	۳۶° ۴۸´	۱۷/۳	-۳/۱	۴۱/۳	۱۹۶/۴
۵	زنجان	ماه‌نشان	۱۸۲۰	۴۷° ۴۳´	۳۶° ۴۶´	۱۴/۶	-۱۵	۴۱/۲	۲۲۳
۶	آذربایجان شرقی	قرخلار	۱۰۷۰	۴۵° ۳۵´	۳۸° ۲۶´	۱۲	-۱۵/۴	۳۹	۳۴۲/۲
۷	آذربایجان شرقی	جلفا	۷۱۰	۴۵° ۴۷´	۳۸° ۵۰´	۱۴/۸	-۱۳/۱	۴۱/۲	۱۷۹/۸
۸	لرستان	ملاوی	۸۵۰	۴۷° ۵۵´	۳۲° ۱۵´	۱۶/۳	-۹	۴۲/۶	۵۲۳/۱
۹	خوزستان	دزفول	۱۴۰	۴۸° ۲۰´	۳۲° ۱۵´	۲۴	-۰/۲	۴۹/۵	۴۴۴/۳
۱۰	خوزستان	گتوند	۸۰	۴۸° ۵۲´	۳۲° ۰۸´	۲۴/۸	۰/۵	۵۱/۴	۲۹۵/۹
۱۱	خوزستان	حمیدیه	۵۵	۴۸° ۲۵´	۳۱° ۳۰´	۲۴/۲	۰/۵	۴۹/۴	۱۹۴/۵

جهت تهیه فایل ورد این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

برای عصاره‌گیری از برگ‌های جوان یک‌ساله چهار پایه (دو پایه نر و دو پایه ماده) درخت پده که از رویشگاه‌های طبیعی به‌صورت قلمه تهیه شده بودند، استفاده شد. مقدار ۰/۵ گرم برگ را داخل هاون ریخته و ۴ میلی‌لیتر محلول عصاره‌گیری (شامل ۵/۶ گرم تریس، ۲/۹۶ گرم گلیسین، pH=۸/۳) بر اساس روش Laemmli (1970) به آن اضافه شد. پس از ده دقیقه سایش عصاره وارد لوله آزمایش شده و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. سپس به‌مدت ۱۵ دقیقه با دور xg ۱۳۰۰۰ سانتریفوژ شد. محلول صاف‌شدهٔ رویی با محلول بافر نمونه (شامل تریس ۰/۲ مولار و SDS ۱۰٪) به نسبت ۱:۱ مخلوط شد و به میکروتیوپ دربدار اپندروف منتقل و در دستگاه بن‌ماری در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۵ دقیقه گرم شد. نمونه تا زمان مصرف در فریزر در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. الکتروفورز به‌روش ژل پلی‌اکریل‌آمید (شامل تریس ۱/۵ مولار، SDS ۱۰٪، اکریل‌آمید ۴۰٪، بیس اکریل آمید ۲٪ و آمونیوم پرسولفات ۱۰٪ و تمد) به‌صورت ژل پائینی (pH=۸/۳) و ژل بالایی یا توده‌کننده (pH=۶/۸) انجام شد (Laemmli, 1970). ژل‌ها پس از انجام الکتروفورز به مدت ۳۰ دقیقه داخل محلول تثبیت (شامل ۲۰ گرم تری‌کلرواستیک‌اسید در ۱۰۰ میلی لیتر آب) قرار داده شد. سپس به‌مدت ۴ ساعت در محلول رنگ‌آمیزی (شامل کماسی‌بلو ۲۵ درصد، متانل ۲۵ درصد و اسید استیک ۱۰ درصد) قرار گرفت. در نهایت برای آشکار شدن باندهای پروتئین، ژل‌ها به‌مدت ۱۲ ساعت در دو مرحله در محلول رنگ‌بر (شامل متانل ۲۵ درصد و اسید استیک ۱۰ درصد) قرار داده شد. دستگاه مولد برق با ولتاژ ۱۸۰ ولت با شدت جریان ۶۰ میلی‌آمپر تنظیم شد. زمان جدا سازی پروتئین حدود ۵ ساعت و میزان حرکت عصاره در ژل ۸ سانتی‌متر بود. اطلاعات حاصل از داده پروتئین ۴۴ پایه درخت نر و ماده از ۱۱ پرووانس جمع‌آوری و پس از تعیین حرکت نسبی هر باند نسبت به وجود (عدد یک) و عدم وجود (عدد صفر) هر باند در فواصل مختلف اقدام شد. تحلیل مؤلفه‌های اصلی با استفاده از داده حاصل از پایه درخت نر و ماده توسط نرم‌افزار MiniTab انجام گرفت. برای تجزیه خوشه‌ای[1]، ابتدا ماتریس فواصل ژنتیکی داده‌ها با نرم‌افزار GeneAlex (Peakal & Smouse, 2006) تعیین، سپس دندروگرام پرووانس‌ها با نرم‌افزار Mega4 (Tamura *et al.*, 2007) ترسیم شد. اندازه‌گیری فاصله ژنتیکی بین افراد به روش نی (Nei & Li, 1979) و تعیین ادغام گروه‌ها به روش UPGMA انجام شد. رابطه همبستگی بین ماتریس فواصل جغرافیایی و ماتریس فاصله ژنتیکی، از طریق آزمون مانتل (Mantel, 1967) با نرم‌افزار GeneAlex به‌دست آمد.

نتایج

اطلاعات حاصل از باند پروتئینی برای درختان نر و ماده در مناطق مختلف بر روی ژل پلی‌اکریل‌آمید نمایان و جایگاه هر باند از طریق تعیین فاصله حرکت نسبی[2] آنها مشخص شد. شکل‌های ۱ و ۲ به‌ترتیب پروفیل باندهای پروتئین محلول پایه‌های ماده و نر را در رویشگاه‌های مورد بررسی نشان می‌دهد. زیموگرام الگوی الکتروفورزی باندهای پروتئین برگ پایه‌های ماده و نر به‌ترتیب در شکل‌های ۳ و ۴ آورده شده است. باند سبک با کمترین وزن ملکولی در فاصله تحرک ۹۲/۴ درصد و باند با وزن ملکولی بیشتر در فاصله حرکت نسبی ۸/۶ درصد قرار گرفت. بقیه باندها در فواصل بین این دو باند قرار گرفتند. در مجموع، ۲۲ باند مجزا، با تحرک متفاوت بر روی ژل ظاهر شدند.

نتایج حاصل از الگوی باندی پروتئین نشان داد که درختان نر و ماده دارای اختلاف‌هایی در ظهور بعضی از باندها در فاصله تحرک مختلف هستند به‌طوری‌که پایه‌های نر در فاصله تحرک ۲۱/۹ درصد با مبداءهای ماه‌نشان، قرخلار و جلفا دارای این باند بوده، درحالیکه درختان ماده فاقد این باند بودند. همچنین پایه‌های نر با مبداءهای قرخلار و جلفا دارای باند با تحرک ۲۸/۶ درصد بوده در صورتی‌که در پایه ماده این باند ظاهر نشده است. برعکس بعضی از باندها در پایه ماده ظاهر شد که در پایه نر وجود نداشت. باندهای با فاصله تحرک ۶۳/۸ و ۶۷/۶ درصد در پایه ماده مبداء ماه‌نشان ظاهر شده درصورتی‌که در پایه نر این دو باند مشاهده نشد. نتایج رسته‌بندی با استفاده از تحلیل مؤلفه‌های اصلی برای پایه‌های نر و ماده با استفاده از حضور و عدم حضور باندهای

1- Cluster Analysis

2- Relation Mobility (RM)

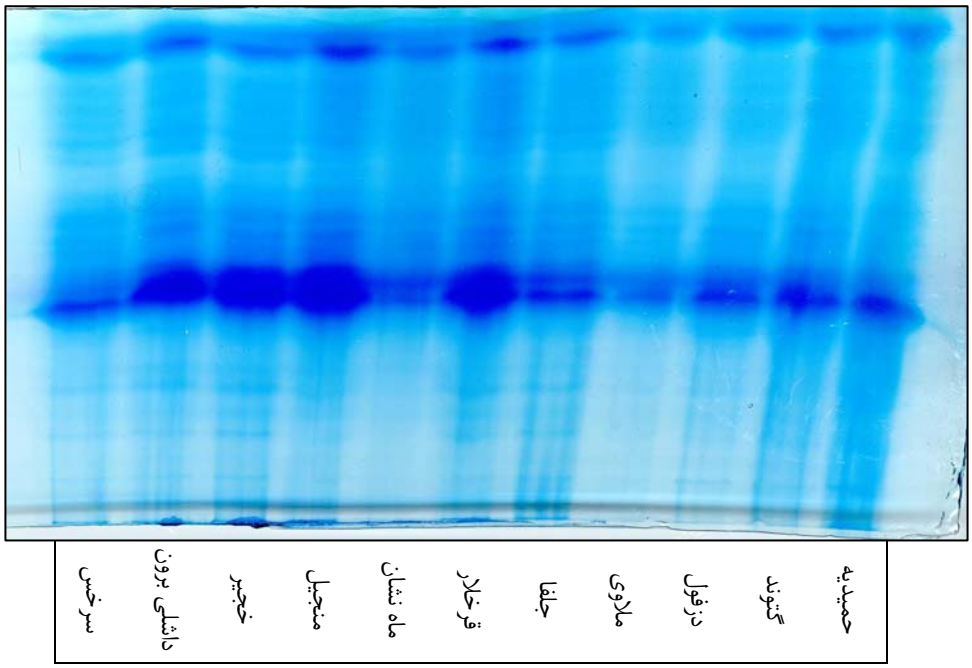
پروتئینی بر روی محور مختصات نشان می‌دهد که درختان پایه نر و ماده در دو گروه متفاوت قرار می‌گیرند (شکل ۵).

علاوه بر اختلاف باندهای پروتئینی در نوع جنسیت، درختان مناطق مختلف نیز از نظر پروتئین‌های محلول با یکدیگر تفاوت‌هایی داشتند. نتایج مقایسه الگوی باندی درختان پده تفاوت‌هایی را با توجه به حضور یا عدم حضور باند نشان داده است. باند با فاصله تحرک ۱۷/۱ درصد به‌جز در درختان پرووانانس جلفا در بقیه پرووانانس‌ها حضور داشته است. همچنین باند با تحرک ۶۷/۶ درصد به‌غیر از پرووانانس‌های سرخس، حمیدیه و منجیل در درختان بقیه رویشگاه‌های مورد بررسی وجود داشته است. از مجموع ۲۲ باند تشکیل‌یافته موجود، ۹ باند با فواصل تحرک مختلف در کلیه درختان نر و ماده حضور داشته و تمایزی را میان درختان پرووانانس‌های مختلف نشان ندادند.

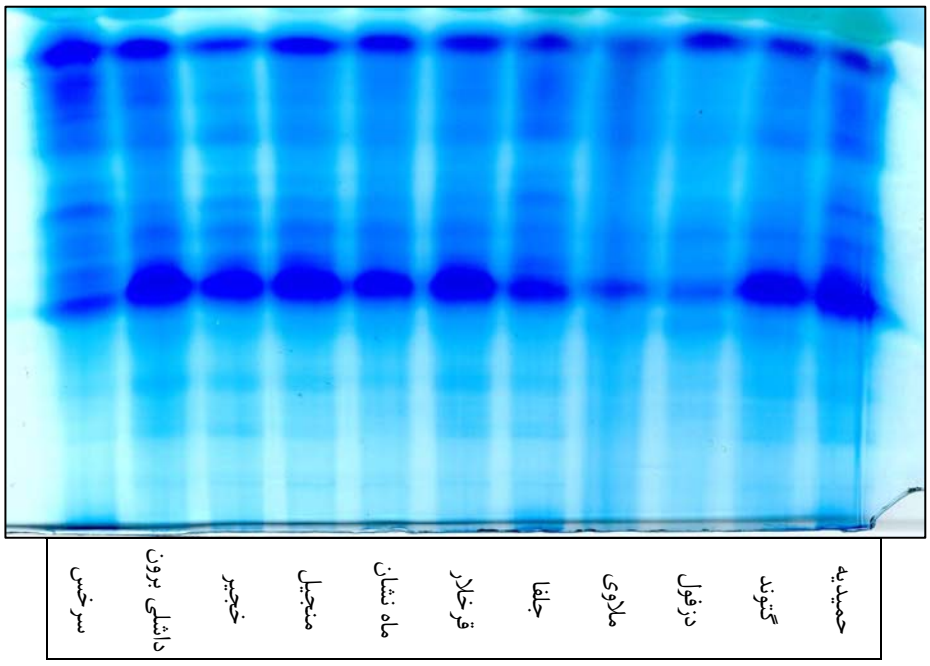
داده حاصل از باندهای پروتئینی درختان نر و ماده پرووانانس‌های پده پس از تعیین حرکت نسبی هر باند و نیز حضور و عدم حضور هر باند در فواصل تحرک مختلف ماتریس داده بر اساس اعداد یک (حضور باند) و صفر (عدم حضور باند) تعیین گردید. سپس بر اساس اعداد کمی هر باند برای درختان رویشگاه‌های مختلف با استفاده از روش تحلیل خوشه‌ای نسبت به گروه‌بندی رویشگاه‌ها به‌صورت دندروگرام اقدام شد.

در دندروگرام حاصل از تحلیل خوشه‌ای، با انتخاب محل برش بر روی محور تشابه، درختان رویشگاه‌های مورد بررسی از یکدیگر متمایز شدند. همانطور که در شکل ۶ دیده می‌شود دندروگرام سه خوشه اصلی را میان درختان رویشگاه‌ها تفکیک می‌کند. خوشه اول شامل رویشگاه جلفا و خوشه دوم شامل رویشگاه‌های سرخس، داشلی برون و خجیر است. خوشه سوم دارای دو خوشه فرعی است. خوشه فرعی اول شامل رویشگاه‌های منجیل و ماه‌نشان و خوشه فرعی دوم نیز شامل رویشگاه‌های قرخلار، ملاوی، دزفول، حمیدیه و گتوند است.

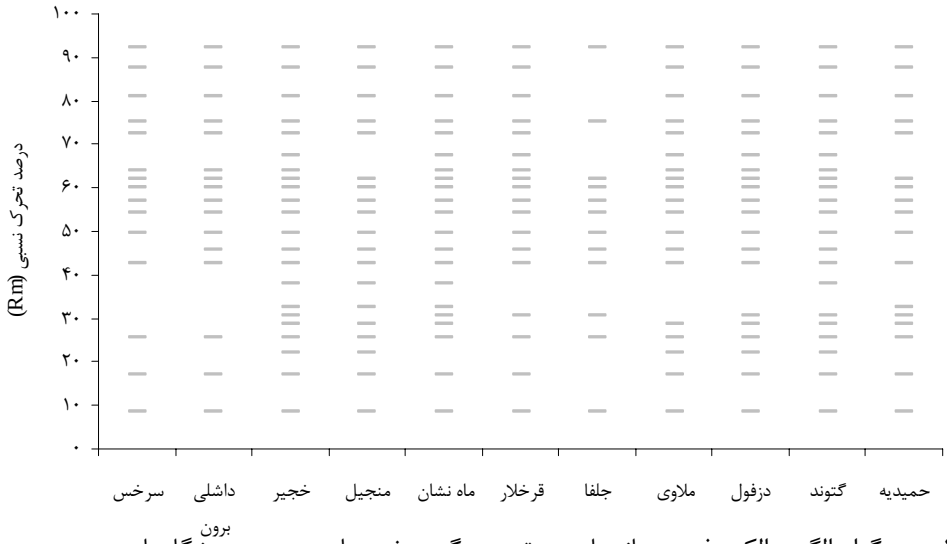
پراکنش ابر نقاط و رگرسیون خطی نشان می‌دهد که بین فاصله ژنتیکی حاصل از داده باندهای پروتئینی و نیز فاصله جغرافیایی حاصل از داده جغرافیایی رویشگاه درختان رابطه مثبتی وجود دارد (شکل ۷). رابطه همبستگی بین ماتریس فاصله جغرافیایی و ماتریس فاصله ژنتیکی با استفاده از آزمون مانتل نشان داد با وجود همبستگی (R=0.30) ولی این همبستگی در سطح ۵ درصد معنی‌دار نبوده و همبستگی بین عوامل ژنتیکی و جغرافیایی نسبتاً پائین است (P=0.07).



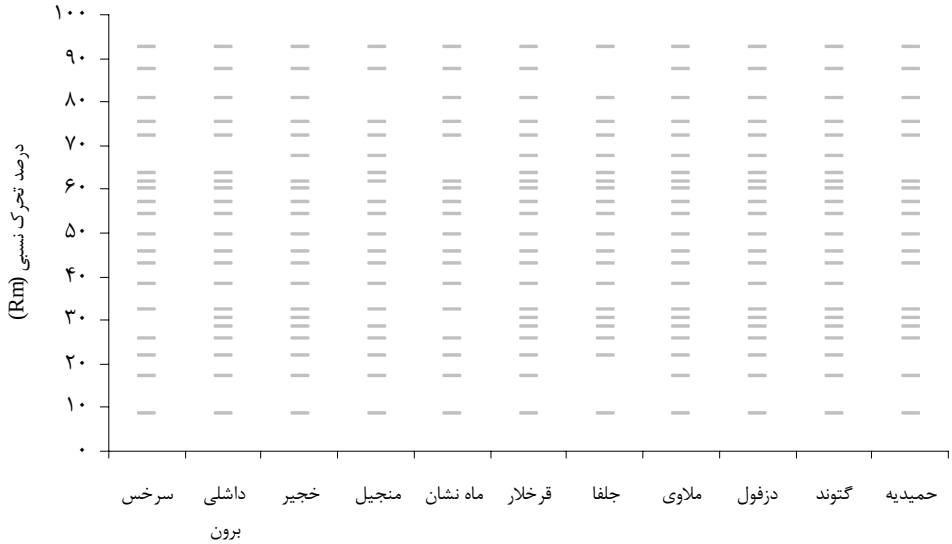
شکل ۱- پروفیل باندهای پروتئین محلول پایه‌های ماده پده در رویشگاه‌های مورد بررسی



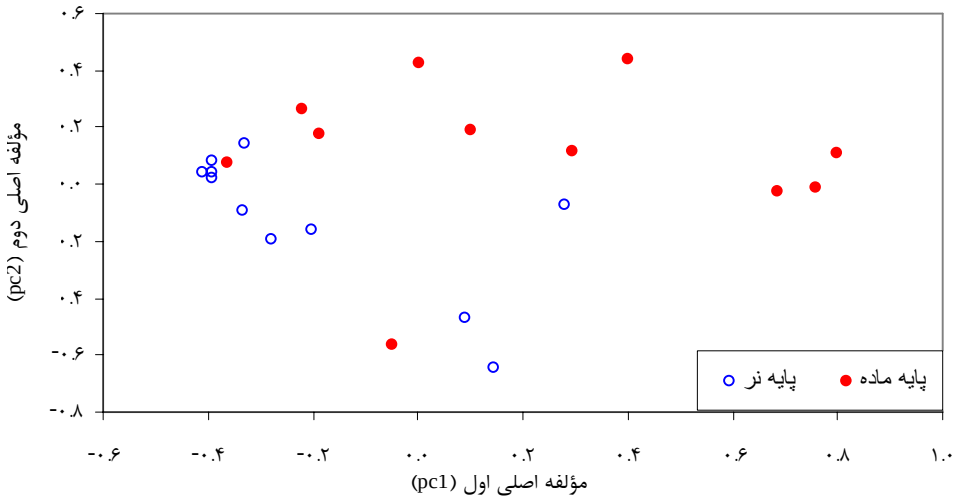
شکل ۲- پروفیل باندهای پروتئین محلول پایه‌های نر پده در رویشگاه‌های مورد بررسی



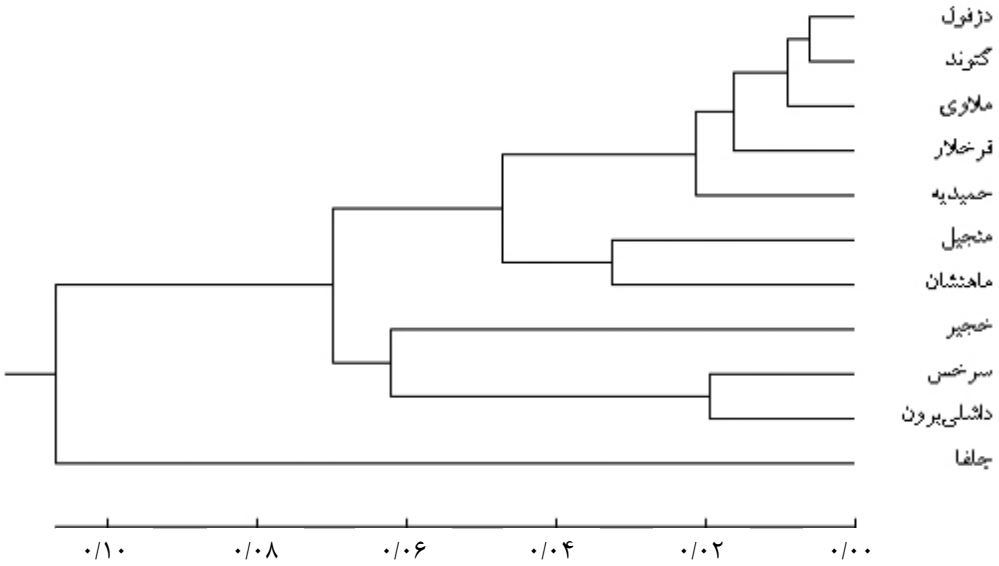
شکل ۳- زیموگرام الگوی الکتروفورزی باندهای پروتئین برگ درخت ماده پده در رویشگاه‌های مورد بررسی



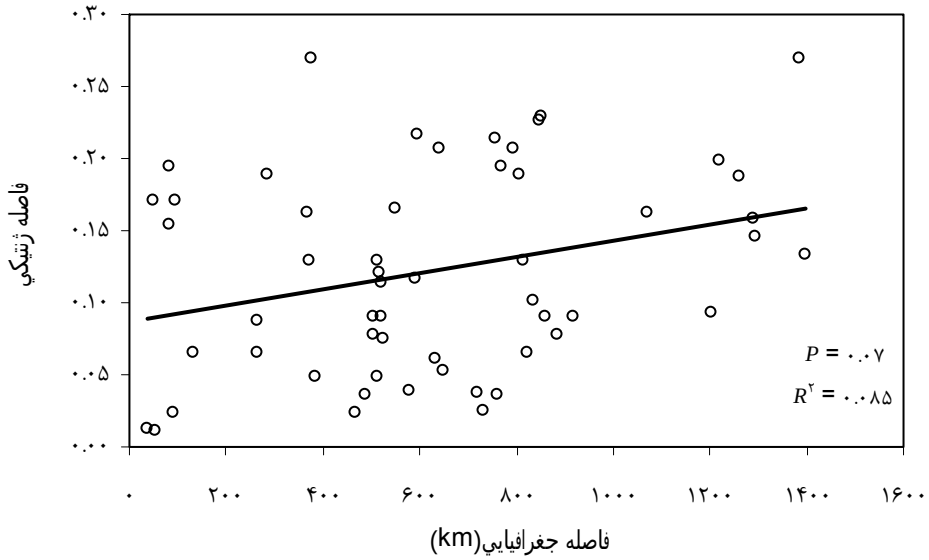
شکل ۴- زیموگرام الگوی الکتروفورزی باندهای پروتئین برگ درخت نر پده در رویشگاه‌های مورد بررسی



شکل ۵- رسته‌بندی حاصل از تحلیل مؤلفه‌های اصلی برای پایه‌های درخت نر و ماده با استفاده از الگوی باندهای پروتئینی



شکل ۶ - دندروگرام حاصل از تحلیل خوشه‌ای باندهای پروتئینی درختان نر و ماده پده در رویشگاه‌های مورد بررسی



شکل ۷- رابطه همبستگی بین فاصله جغرافیایی و فاصله ژنتیکی میان درختان پده با استفاده از آزمون مانتل

بحث

الگوی باندها در درختان نر و ماده تمایزی را میان پرووانانس‌های پده نشان داده است. همان‌طورکه در زیموگرام شکل ۲ و ۴ مشاهده شد، پایه‌های ماده دارای تعداد باند کمتری نسبت به پایه‌های نر در کلیه رویشگاه‌ها بودند. بر عکس، در جنس پسته (*Pistacia sp.*) تعداد باندهای پایه ماده بیشتر از پایه نر بود و دلیل آن ارتباط بین پروتئین‌های جوانه گل با وضعیت خواب جوانه گزارش شده است (Golan-Goldhirch, 1995). اختلاف در حضور و عدم حضور باندهای پروتئینی بین پایه‌های نر و ماده پده در پرووانانس‌های مختلف با نتایج بررسی Golan-Goldhirch & Shachak, 1998 در مورد پایه‌های نر و ماده درخت پسته هم‌سویی نشان می‌دهد.

در بررسی حاضر سه خوشه اصلی برای پرووانانس‌های مختلف به‌چشم می‌خورد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین رویشگاه جلفا با رویشگاه‌های سرخس و داشلی‌برون در نواحی شرقی و نیز درختان با مبداءهای جغرافیایی گتوند و دزفول در ناحیه جنوبی است. تفاوت باندهای پروتئین بین پرووانانس‌های جلفا در شمال غرب با رویشگاه‌های سرخس و داشلی برون در ناحیه شرقی کشور ممکن است به‌دلیل حرکت جریان ژن از نواحی شرقی به‌طرف نواحی غرب و جنوب درگونه پده باشد، به‌طوری‌که نتایج بررسی Shiji *et al.* (1996) نیز دلالت بر مهاجرت این گونه از باریکه طول جغرافیایی در جهت شرق (کشور چین) به غرب (نواحی غرب آسیا) دارد. همچنین نتایج بررسی مورفولوژیکی برگ نیز تفاوت معنی‌دار درختان پده در رویشگاه سرخس را با سایر رویشگاه‌ها نشان داد (Calagari *et al.*, 2006).

با توجه به همبستگی مثبت و خطی نسبتاً کم بین عوامل ژنتیکی و فاصله جغرافیایی میان پرووانانس‌های پده، این رابطه می‌تواند با انتخاب نمونه از فواصل بیشتر جغرافیایی معنی‌دار باشد. بر اساس بررسی Perry & McIntosh (1991) تمایز به‌وسیله مبداء جغرافیایی در تحقق یافتن مراکز ژن می‌تواند مفید باشد. دانه‌های گرده و بذر سبک گونه‌های صنوبر امکان مهاجرت را می‌تواند از یک منطقه به منطقه دیگر با درجه‌بندی مختلف تراکم جمعیتی به‌راحتی فراهم کند و این توزیع جغرافیایی می‌تواند سبب تنوع ژنی درختان شود. هرچند که Brown (1978)، Frankel (1984) و Huh & Huh (2001) اعتقاد دارند که مبداء جغرافیایی بهترین معیار برای انجام آزمایش تغییرات ژنی است ولی بررسی Kumar & Arora (1992) ارتباط بین تنوع ژنتیکی و توزیع جغرافیایی را منطقی نمی‌داند، از این‌رو این مسئله نیاز به بررسی‌های بیشتری دارند.

از آنجایی که درختان پده در رویشگاه‌های مورد بررسی به شرایط محیطی سازگار شده‌اند، می‌توان از نتایج بررسی تنوع میان درختان پده می‌توان در برنامه‌های اصلاحی با هدف جنگل‌کاری در مناطق گرم و خشک استفاده کرد. هم‌چنین حفاظت منابع ژنی این گونه از نقطه نظر قابلیت سازگاری در رویشگاه‌های گرم و خشک با خاک شور و قلیا از اهمیت زیادی برخوردار است.

منابع

ثابتی، حبیب‌اله، ۱۳۵۵. جنگلها، درختان و درختچه‌های ایران، انتشارات مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، ۸۱۰ ص.

فارغی، شراره، محسن فرشادفر و عزت‌اله فرشادفر، ۱۳۸۶. ارزیابی تعدادی از یونجه‌های چند ساله (*Medicago sativa* L.) بر اساس عناصر شیمیایی و ترکیب‌های غذایی و بررسی تنوع ژنتیکی آنها با استفاده از نشانگر (SDS-PAGE)، فصل‌نامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، ۱۵(۳): ۲۱۰-۱۹۶.

کلاگری، محسن، ۱۳۷۶. بررسی جوامع پده در حاشیه رودخانه کارون. پژوهش و سازندگی، انتشارات وزارت جهاد کشاورزی، ۳۵: ۲۵-۲۰.

Bai, G.B., S.S. Wang, X. Shen & J.K. Li, 2000. Identification of distant hybrids between *Populus talassica* and *P. euphratica* and salt resistance research of *P. euphratica* using electrophoretic protein analysis, *Journal of Beijing Forestry University*, 22(3): 5-7.

Brown, A., 1978. Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation. *Theoretical and Applied Genetics*, 52: 145-157.

Calagari, M., A. Modirrahmati & F. Asadi, 2006. Morphological variation in leaf traits of *Populus euphratica* Oliv. natural populations, *International Journal of Agriculture and Biology*, 8(6): 754-758.

FAO, 1979. Poplar and willow in wood production and land use, FAO Forestry Series, 10: 328p.

Frankel, O.H., 1984. Genetic perspectives of germplasm conservation, In: Arber, W., k. Limensee, W.J. Peacock, P. Starlinger, Genetic manipulation: impact on man and society, 161-170, Cambridge University Press, Cambridge.

Golan-Goldhirch, A. 1995. Proteins associated with reproductive male bud development in Pistachio, *Acta Horticulture*, 419: 19-25.

Golan-Goldhirch, A. & A. Shachak, 1998. Immunological cross-reaction between bud and bark proteins of dormant deciduous trees, *Scientia Horticulturae*, 73: 165-173.

Gu, R., Q. Liu, D. Pei & X. Jiang, 2004. Understanding saline and osmotic tolerance of *Populus euphratica* suspended cells, *Plant cell, tissue and organ culture*, 78: 261-265.

Huh, M.K. & H.W. Huh, 2001. Genetic diversity and population structure of wild lentil Tare, *Crop Science*, 41: 1940-1946.

Kumar, L. & P.P. Arora, 1992. Multivariate analyses in chickpea, *Indian Journal Pulses Research*, 5: 1-5.

Laemmli, U.K. 1970. Cleavage of structure proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*, 227: 680-685.

Lone, A.A. & S.K. Tewari, 2006. Protein banding profile study in *Populus deltoids* Bartr. Clones, *Indian Journal of Forestry*, 29(4): 453-455.

Mantel, N., 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach, *Cancer Research*, 27: 209-220.

Mohd, S., K. Ikhtiar, A. Zahir, A. Waqar, A. Taufig & Z. Alam, 2007. Evaluation of different wheat varieties by SDS-PAGE electrophoresis, *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 10(10): 1667-1672.

Mukhlesur, R.M. & Y. Hirata, 2004. Genetic diversity in Brassica species using SDS-PAGE analysis, *Journal of Biological Sciences*, 4(2): 234-238.

Peakal R., and Smouse P.E. 2006: GenAlEx 6: genetic analysis in Excel Population genetic software for teaching and research, *Moleocular Ecology Notes*, 6: 288-295.

Perry, M.C. & M.S. McIntosh, 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: I. Morphological traits, *Crop Science*, 31: 1350-1355.

Nei, M. & W.H. Li, 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases, *Proceedings of the National Academy of Sciences,USA*., 76: 5269-5273.

Shiji, W., C. Binghao & L. Hugun, 1996. Euphrates poplar forest. China Environmental Science Press, 117 pp.

Son, H.S., H.K. Moon, & R.B. Hall, 1993. Somaclonal variation in plants regenerationed from callus culture of hybrid aspen (*Populus alba L. x P. grandidentata* Michx), *Plant Science*, 90(1): 89-94.

Tamura, K., J. Dudley, M. Nei & S. Kumar, 2007. Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0., *Moleculular Biological Evolution*, 24: 1596-1599.

Wang, W., D. Pelah, A. Altman, O. Shoseyov, W.X. Wang & M. Ziv, 1997. Clonal differences in the expression of a water stress related protein (BSPA) in *Populus spp. Acta-Horticulture*, 447: 467-468.

Study of genetic variation in *Populus euphratica* Oliv. by evaluating soluble proteins through SDS-PAGE

M. Calagari[*1] and P. Salehi-Shanjani[1]
[1]Member of Scientific Board of the Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I. R. Iran
(Received: 6 March 2010, Accepted: 19 September 2010)

Abstract
Populus euphratica Oliv. Distribute naturally in vast regions of Iran and is native species in arid and semi arid areas. Geographical and climatical diversity of this species in distributed area in different sites results in the morphological and genetic variation between trees. In order to study genetic diversity between male and female trees, protein evalution (SDS-PAGE) was conducted on 44 leaf extracts samples of 11 natural provenances that were different in environmental factors like elevation, longitude and latitude. Leaf protein bands for male and female in studied provenences was shown on gel and each band position was located by related mobility. In total 22 separated bands were appeared on gel with different mobility. The results of protein bands showed that male and female trees contain different patterns at different distances, whereas male trees had more bands than female trees. Also result of principal components analysis (PCA) showed differences between male and female trees. Grouping of P. euphratica provenances showed that, provenances of east and south classified in different groups. Also provenences of Golfa in North west classified in different group. In spite of the correlation between geographical distance and genetic distance among all provenances ($P=0.07$) this correlation statistically was not significant.

Key words: *Populus euphratica*, Protein, Geographic diversity, Genetic diversity, SDS-PAGE.

[*]Corresponding author Tel: +98 912 2941971 Email: calagari@rifr-ac.ir