البصمة الوراثية لبعض أصناف الشعير البلدي بالمملكة العربية السعودية

نوره محمد عوين العبود

المشرف على الرسالة

أ.د. عادل السيد التراس

المستخلص

يعتمد تحسين الصفات الوراثية لأي نوع من المحاصيل على وجود ، طبيعة ومدى التنوع الجيني المتاح . الدراسة الحالية أجريت على ستة عينات من الشعير جمعت من مناطق مختلفة بالمملكة العربية السعودية (الطائف ، حائل ، القصيم ، عسير ، الباحة ، جازان) بغية اختبار مدى قدرة العينات تحت الدراسة على تحمل مستويات مختلفة من الإجهاد الملحي ، ومن ثم تحديد البصمة الوراثية على مستوى البروتين ، وكذلك على مستوى الحامض النووي DNA ، وكذلك دراسة التباين وعلاقة القرابة الوراثية بين العينات باستخدام تقنية RAPD-PCR .

أشارت النتائج إلى وجود علاقة طردية بين صغر وتقزم المجموع الخضري للعينات تحت الدراسة وزيادة تركيز الملح وهذا ربما يرجع إلى خلل في عملية التمثيل الغذائي نتيجة الإجهاد الملحي . أيضاً نقص عالي المعنوية في الوزن الرطب للبادرات المعاملة ، وظهر هذا النقص بشكل واضح في البادرات المعاملة بتركيز ١٢٠٠٠ جزء في المليون ، حيث سُجلت أعلى نسبة انخفاض في الوزن الرطب في عينة حائل ، القصيم ، جازان ، عسير ، الباحة والطائف ، على التوالي . الإجهاد الملحي أحدث نقصاً معنوياً في الوزن الجاف لبادرات جميع العينات زاد بزيادة تركيز الملح وكانت عينة جازان الأقل تأثراً ، حيث سجلت أقل نسبة انخفاض في كلا التركيزين ، وربما يرجع هذا النقص إلى تثبيط انقسام الخلية النباتية نتيجة الإجهاد الملحي.

بالرغم من تفاوت المحتوى الكلي للأحماض الأمينية في أوراق بادرات العينات موضع الدراسة إلا أنها اتفقت جميعها على أن حمض الأسبارتيك كان الأكثر وفره وحمض البرولين الأقل وفره في قائمة الأحماض الأمينية التي سُجلت في تلك العينات ، أيضاً اتفقت عينات الدراسة على أن مجموعة الأحماض الأمينية المتعادلة الأكبر من حيث مجموع محتوى أحماضها ، تلتها الحامضية ، القاعدية ومن ثم العطرية ، وأدى الإجهاد الملحي إلى تراكم الأحماض الأمينية في أوراق جميع العينات تحت الدراسة والتي يمكن أن تكون ذات قيمة وقائية ، وسُجل أعلى تراكم للأحماض الأمينية تحت تأثير الإجهاد الملحي في عينة جازان عند تركيز ٤٠٠٠ جزء في المليون ، وفي عينة القصيم عند تركيز ١٢٠٠٠ جزء في المليون ، وهذه الزيادة في محتوى الأحماض الأمينية ربما ترتبط مع تحمل النبات للملوحة.

لم يُظهر التفريد الكهربي لبروتينات العينات موضع الدراسة فروق واضحة في أنماط الحزم التي تم الحصول عليها ، حيث تماثلت العينات تحت الدراسة في عدد من الحزم الأساسية عند وزن ٥٥ ، ٢٧، ٢٣ و ١٦ كيلو دالتون ، إلا أن الإجهاد الملحي استحث ظهور عدد من الحزم الجديدة من المحتمل أن تكون تابعة لبروتينات الصدمة الحرارية (HSPs) التي تنشط تحت ظروف الإجهاد، هذا التغير في أنماط حزم البروتين هو نتاج تغيرات في التعبير الجيني نتيجة الإجهاد الملحي .

باستخدام ثمانية بوادئ RAPD-PCR ، أمكن الحصول على ٩١ حزمة وراثية تمثل مصادر التباين بين العينات تحت الدراسة ، وأظهر البادئان OP-N1 و OP-H1 قدرة عالية على كشف نسبة عالية من التباين بين العينات موضع الدراسة ، وبلغ متوسط نسبة التباين التي تم الحصول عليها بواسطة البادئات الثمانية ٩٢،٨٦٪ . التحليل العنقودي استناداً إلى تحليل بيانات RAPD-PCR قسم أصناف الشعير تحت الدراسة إلى مجموعتين ، وعُثر على أعلى درجة من التماثل الوراثي بين صنفي الباحة وجازان ٦٥،٣٪ ، أيضاً درجة مماثلة من التقارب الوراثي (٦٥،١٪) وجدت بين صنفي عسير والطائف ، بينما كان صنفي الباحة والطائف أبعد الأصناف عن بعضهما وراثياً .

Genetic Fingerprinting of Some Native Barley in Kingdom of Saudi Arabia

Nora Mohammed Owain Al Aboud

Supervised By

Prof.Dr. Adel El-Sayed El-Tarras

Abstract

Genetic improvement of any crop species depends upon the existence, nature and extent of the genetic variability available for manipulation .This study was conducted on six samples of barley (*Hordeum vulgare*) collected from different regions of Saudi Arabia (Taif, Hail, Qassim, Asir, Al Baha and Jazan) in order to test the ability of these samples to tolerate different levels of salt stress, and then to determine the fingerprint at the level of protein, as well as at the level of DNA, and to study the variation and the genetic relationship between samples using the technique of RAPD-PCR .

Results indicated that the presence of a direct correlation between the small and dwarf shoot of the samples and increasing salt concentration which is probably due to a metabolic defect as a result of salt stress . It also showed significant decrease of the fresh weight of the treated seedlings, this reduction was evident in the seedlings treated with concentration of 12000 ppm . The highest rate of decrease in wet weight were recorded in the sample from Hail, Qasim, Jizan, Asir, Al Baha and Taif, respectively. Salt stress caused significant decrease in seedlings dry weight of all samples that increase by increasing salt concentration. Jazan sample was the least affected, where it recorded the lowest decline in both concentrations, this decline is probably due to inhibition of plant cell division as a result of salt stress .

Despite the disparity of the total content of amino acids in the leaves of the studied samples seedlings, but they all showed that Aspartic acid was the most abundant acid. On the other hand, proline was the least among the list of amino acids recorded in the samples. Moreover, the studied samples agreed that the group of neutral amino acids constituted the largest in terms of total acid content followed by acidic, basic, and then aromatic group. Salt stress leads to accumulation of amino acids in the leaves of the samples, which could be of preventive value. The highest rate of amino acids accumulation under the influence of stress salt was seen in the sample from Jazan at a concentration of 4000 parts per million, and in Qassim sample at a concentration of 12000 ppm. Increase in the content of amino acids may be associated with plant tolerance to salinity .

Gel electrophoresis of protein samples did not show clear differences in the patterns of protein bands that have been obtained, the number of basic bands were the same in all samples at the weight of 55, 27, 23 and 16 kDa. However, salt stress induced the emergence of a number of new bands that is likely belong to heat shock proteins (HSPs), which are activated under stress conditions. Changes in pattern of protein bands is the result of changes in gene expression caused by salt stress .

By using eight RAPD-PCR primers, we were able to obtain 91 genetic bands that represent the sources of variation between the study samples. The two primers OP-N1 and OP-H1 showed a higher ability to detect a high rate of variation between the studied samples .The average variation rate obtained by the eight primers was 92.86%. Cluster analysis based RAPD-PCR data analysis divided barley varieties in the studied samples into two groups . We found the highest degree of genetic similarity between samples from Al Baha and Jazan (65.3%) , also similar degree of genetic convergence (65.1%) was found beteween samples from Asir and Taif, while samples from Al Baha and Taif were the most divergent from each other genetically .