التوصيف الجزيئي لأصناف الباذنجان (*Solanum melongena* L.) المحلية السورية باستخدام تقنية ال AFLP

محمود هيثم السيد* ، خالد المحمد **

*قسم هندسة التقانات الحيوية، كلية الهندسة التقنية، جامعة حلب.

**قسم البساتين، كلية الهندسة الزراعية، جامعة حلب.

الملخص:

يعد الباذنجان *Solanum melongena L.* من محاصيل الخضر المهمة عالمياً، ونظراً لوجود عدة أصناف باذنجان محلية في سورية، فإنها تشكل تنوعاً ومدخراً وراثياً متأقلماً مع الظروف السورية نصف الجافة والجافة. فقد هدف البحث إلى تحديد التنوع والقرابة الوراثية لبعض أهم الأصناف المحلية المنتشرة زراعتها في سورية، والتي يمكن بعد دراستها الوراثية وتحديد قرابتها أن تستخدم في عمليات التربية والتهجين بشكل موجه بمساعدة تقنية المؤشرات الجزيئية.

تمت غربلة خمسة أصناف من الباذنجان (الأسود، العنقودي، التادفي، أبو قمع، الحمصي) باستخدام تقنية AFLP . أظهرت النتائج وجود 251 أليلاً متبايناً باستخدام 22 زوجاً من البادئات التوافقية وبمعدل حوالي 11 عصابة دناوية متباينة polymorphism لكل توليفة وتراوحت عدد الأليلات مابين 4-21 أليلاً في كل زوج من البادئات التوافقية المستخدمة.

أظهرت النتائج درجة التشابه بين الأصناف الوراثية الخمسة للباذنجان السوري، حيث وجد أن الصنف الوراثي الحمصي الأقل تشابه بالنسبة للأصناف الوراثية الأربعة الباقية , كما أظهرا الصنفان المحليان التادفي وأبو قمع درجة عالية من التشابه، في حين تشابه الصنفان العنقودي والأسود كثيراً فيما بينهما. كما أظهرت النتائج أن الأصناف الأربعة العنقودي والأسود والتادفي

ورد البحث للمجلة بتاريخ / / 2010

قبل للنشر بتاريخ / / 2010

وأبو قمع متشابهه فيما بينها أكثر من درجة تشابه كل منها مع الصنف الحمصي الذي إنفرد في أليلاته الوراثية بشكل منفصل ومتباين عن الأصناف المحلية الأخرى المدروسة. وبذلك فإن القرابة الوراثية بين الأصناف الخمسة يمكن أن ترتب كالتالي: أسود-عنقودي- أبو قمع- نادفي-حمصي.

يمثل هذا البحث خطوة أولى لدراسة القاعدة الوراثية للباذنجان في سورية باستخدام التقنيات الحيوية.

الكلمات المفتاحية : الباذنجان، أصناف، القرابة الوراثية ، المؤشرات الجزيئية، تقنية AFLP

المقدمة والأبحاث السابقة:

A. الوصف النباتي للباذنجان:

يعد الباذنجان .*Solanum melongena* L من محاصيل الخضر المهمة عالمياً، ينتمي الباذنجان إلى الفصيلة الباذنجانية *Solanaceae* التي تضم أنواعاً مهمة كالبندورة والبطاطا والفليفلة والبيتونيا والداتورا والتبغ (Doganlar, et al., 2002). تعد قارة آسيا الموطن الأصلي لإستئناس الباذنجان ومنطقة الإنتاج الرئيسة في العالم (Frary, et al., 2007). فالهند والصين هي من أهم المراكز الرئيسة لزراعة الباذنجان في العالم ثم يليها تايلاند وماليزيا وأندونسيا والفلبين واليابان (Kashyap, et al., 2003). كما أشار (Frary, et al., 2007) إلى أن سورية وتركيا وإيران هي الموطن الثانوي للباذنجان، ويعتبر الباذنجان من أكثر أنواع الخضر الواسعة الإنتشار عالمياً لأهميته في غذاء الشعوب (Frary, et al., 2007)

إن الباذنجان (*S. melongena*) بأنه نبات حولي محب للدفء وينمو في مجال حراري 22–30 C° ، تلقيحه ذاتي، كما يتميز بتنوع مورفولوجي كبير يتعلق بلون الثمرة، حجمها، شكلها، وطعمها(Frary, et al., 2007). يتم تحديد الاختلاف في ألوان ثمار الباذنجان بشكل أساسي من خلال صباغين ملونين ويتم التحكم بتأثيرهما على المظهر عن طريق أكثر من مورث. هذه الأصبغة هي (الكلوروفيل a ، b والأنتوسيانين anthocyanins) التي توجد بكميات مختلفة وباتحادها مع بعضها ينتج

اللون الدقيق للثمرة. كما يتدرج لون ثمار الباذنجان من الأبيض إلى الأسود مع إمكانية تشكل بقع ملونة ومخططة. أما أوزان ثمار الباذنجان تختلف من عدة غرامات إلى كيلو غرام، كما تتنوع في أطوالها وأشكالها فهناك البيضوي، المستدير، المستطيل، الكمثري، الطويل، المنحني. كما تختلف بالطعم حسب الصنف، وتظهر فيها صفة الطعم المر الناتج عن تراكم كميات مختلفة من الجلوكوسيدات Glycoalkaloids لدرجة قد تصل المرارة فيها لحد يصعب تناولها في الطعام. كما تختلف في وجود الأشواك على الثمرة أو عدم وجودها وكذلك مقاومتها للحشرات والأمراض (Lawande and Chavan, 1998).

B. التنوع الوراثي للباذنجان Eggplant Genetic Diversity :

يتميز الباذنجان *S. melongena* وراثياً باحتوائه على 12 صبغي أي n=12 (2n=24) (Choudhury, 1995). كما أن توزع الباذنجان في منطقة واسعة من العالم ووجود أصول مختلفة منه، تجعل من تصنيفه ودراسة تنوعه الوراثي أمراً صعباً. لذلك فإن استخدام التقانات الحيوية الجزيئية لتصنيف جنس *Solanum* وبشكل خاص نوع الباذنجان لدراسة تنوعه الوراثي أمراً مهماً(Daunay, et al., 2001). لقد تمت دراسة نوعين هامين من الفصيلة الباذنجانية وهما البندورة والبطاطا بشكل جيد من خلال التقانات الحيوية الجزيئية، باستخدام تقنية Expressed sequence Tags (ESTs). كما ينفرد الباذنجان من جنس الباذنجانيات بوجود معلومات جزيئية قليلة مقارنة مع غيره من الفصيلة ذاتها وخاصة إذا علمنا أنه تم البدء منذ عام 2004 بدراسة التسلسل النيوكليوتيدي للبندورة كجينوم مرجعي للباذنجانيات (Mueller, et al., 2005).

إن تطور النوع واختلاف تنوعه الوراثي يتم من خلال الإنتخاب الطبيعي وحدوث الإنجراف الوراثي وتأثير الحشرات والأمراض والذي يؤثر على اختلاف المكون الوراثي بوجود الطفرات، ويزيد فرص بقاء النوع على قيد الحياة. إن الطريقة التقليدية لمعرفة التنوع الوراثي والقرابة الوراثية بين الأجناس والأنواع وحتى ضمن الأصناف يمكن أن تتم بالتوصيف المورفولوجي ولكن مع قدوم وتطور التقانات الحيوية الجزيئية

أصبح من الممكن تحديد التنوع الوراثي والقرابة الوراثية ومدى تطور النوع بدقة عالية لاتدعو للشك حيث أن هذه التقنيات الحيوية لاتتأثر بالبيئة (Sayed, et al., 2002, 2004).

لقد تم تطبيق التقنيات الحيوية وخاصة تقانات المؤشرات الجزيئية في دراسة التنوع الوراثي للباذنجان منذ ثلاثة عقود (Daunay, et al., 2001)، حيث بدأ بدراسة أنماط البروتينات المتغايرة جينياً Allozyme والنظائر الأنزيمية Isozyme بين الأفراد بهدف تحديد التنوع الوراثي، وتمت مقارنة النوع *Solanum melongena* والمعروف بشكل شائع بالباذنجان eggplant مع أشكاله البرية وأنسابه القريبة (Kaur, et al., 2004) . لكن تلك التقانات لم تقدم الكثير لمحدودية عدد الأنماط البروتينية المتغايرة جينياً، كذلك فإن دراسة جينوم الكلوروبلاست ثم DNA البروتوبلاست cpDNA ، لم تكن مشجعة، حيث وجد أن التنوع المورفولوجي ليس مرتبطاً بتنوع cpDNA بشكل تام (Sakata, et al., 1994) .

ومع ظهور تقانات المؤشرات الجزيئية DNA molecular Markers التي تتميز عن المؤشرات المورفولوجية في كونها لاتتأثر بالتغيرات البيئية وبسرعتها وبكمية البيانات الحيوية التي تنتج عنها. وبذلك يمكن الاعتماد عليها في مثل هذه الدراسات في أي مرحلة من مراحل النمو. لقد درس الباذنجان باستخدام تقنية ال RFLP وتم إنشاء خريطة الإرتباط الوراثية له وتحديد بعض مواقع للمورثات الهامة مثل شكل الثمرة ولونها (Isshiki, et al., 2003). وقام (Singh, et al., 2006) باستخدام تقنية RAPD لدراسة خمسة أصناف من الباذنجان لتحديد تنوعها في الهند، حيث تبين أن التنوع الوراثي كان مرتفعاً بين هذه الأصناف. وكذلك تم باستخدام تقنية AFLP تحديد التنوع الوراثي في الباذنجان، حيث وجد أن هذه التقنية ملاءمة لمثل هذه الدراسات، إذ أنها تكشف عن عدد كبير من الأليلات (Furini and Wunder, 2004) كما أثبت أن هذه التقنية ذات فعالية عالية مقارنة مع كل التقنيات المستخدمة قبل ذلك مثل Isozyme, cpDNA, RAPD, RFLP . وتكمن أهمية AFLP في

قدرتها على إشباع الخرائط الوراثية، مما يساعد في تحديد مواقع المورثات، وإيجاد مؤشرات مساعدة لانتخاب الصفات المهمة زراعياً (Sayed, et al., 2002, 2004). كما درس الباذنجان باستخدام تقنية المايكروساتيلات Microsatellites أو مايسمى التوابع البسيطة الترادفية Simple Sequence Repeats (SSR) حيث استخدمت أيضاً في إنشاء وتطوير خريطة الإرتباط الوراثية بمشاركة التقنيات RAPD and AFLP (Sayed et al., 2004). وقد قام (Yeliz, 2007) بدراسة التنوع الوراثي بين الباذنجان التركي وأقاربه البرية ل 20 صنفاً بواسطة تقنية ال SSR و AFLP وأظهرت الدراسة تنوعاً وراثياً عالياً بين تلك الأصناف.

أهمية البحث وأهدافه:

بالرغم من وجود عدة أصناف باذنجان محلية في سورية ترتبط بمناطق زراعتها، والتي تشكل تنوعاً ومدخراً وراثياً متأقلماً مع الظروف السورية الجافة ونصف الجافة من جهة، ولكونها تتميز بمواصفات مهمة من حيث الشكل والحجم والطعم واللون من جهة أخرى. مع كل هذا فإنها لم تدرس وراثياً باستخدام التقنيات الحديثة في تحديد التنوع الوراثي وتحديد القرابة الوراثية بينها بل تمت دراستها فقط من الناحية الشكلية فقط. وبذلك فقد هدف البحث إلى دراسة التالي:

- تحديد التنوع والقرابة الوراثية لبعض أهم الأصناف المحلية المنتشرة زراعتها في سورية، والتي يمكن بعد دراستها الوراثية وتحديد قرابتها أن تستخدم في العملية التربوية بشكل موجه بمساعدة تقنية المؤشرات الجزيئية.
- دراسة مدى فعالية تقنية AFLP في تحديد التنوع الوراثي بين أصناف الباذنجان المدروسة.

مواد وطرائق البحث:

I. المادة النباتية:

تم الحصول على بذور الأصناف الخمسة المستخدمة في الدراسة بعد 6 أجيال من التلقيح الذاتي وبعد وصولها إلى النقاوة الوراثية. زرعت البذورعلى ورق الترشيح في

صواني الإنبات. ووضعت في الحاضنة على درجة الحرارة 25±2 م°، مع توفير الرطوبة اللازمة، وبذلك فقد استخدم في البحث 5 أصناف محلية نقية من الجيل السابع (غازي،2004) وهي موضحة في الجدول رقم (1):

جدول (1). يبين توصيف أصناف الباذنجان المحلية المدروسة

الصفة	عنقودي	أسود بلدي	تادفي	حمصي	أبو قمع
طبيعة النمو	نصف قائم	قائم	قائم	نصف قائم	قائم
ارتفاع النبات	72- 82 سم	85- 95 سم	90- 95 سم	60- 70 سم	100- 120 سم
متوسط عدد الفروع	9	8- 9	12- 14	10- 11	10
طول الثمرة \ سم	12- 12.5	11.5-12	12.5-13	9-10.5	14.5-15.5
وزن الثمرة \غرام	98-100	90-95	115-119	120-128	140-150
قطر الثمرة \ سم	3-3.7	3-3.3	3-3.6	3.8-4.5	3.5-4.4
لون الأزهار	بنفسجي	بنفسجي	أبيض	بنفسجي	بنفسجي
فترة الإثمار \ يوم	85-83	87-82	87-83	83-80	83-80
لون الثمرة	بنفسجي غامق لماع سطحها أملس اجاصية	أسود لماع سطحها أملس أجاصية غير متطاولة	بنفسجي غامق باهتة اسطوانية عريضة مع وجود أشواك على الكأس	بنفسجي لماع موشح بالأبيض سطحها أملس الكأس عديم الأشواك	بنفسجي فاتح لماع سطحها أملس الكأس عديم الأشواك

II. **استخلاص المادة الوراثية:** استخلصت المادة الوراثية DNA المشيجية genomic DNA من كمية 0.3 – 0.4 غرام من الأوراق النباتية المجففة من بادرات بعمر 3 – 4 أسابيع وفق (Saghai-Maroof, et al., 1984) مع بعض التعديلات (Sayed, et al., 2002, 2004).

III. **تقنية AFLP :** استخدمت تقنية ال AFLP وفق (Zabeau and Vos, 1993) مع بعض التعديلات. ويبين الجدول رقم(2) أسماء المؤلفات والبادئات الموجهة المستخدمة .

IV. **التحليل الإحصائي :**

1. **التباين الشكلي للمؤشرات الجزيئية Marker polymorphism :**

لقياس مدى أهمية المعلومات التي تقدمها المؤشرات الجزيئية المستخدمة في التجربة، فقد تم قياس هذه القيمة بالإعتماد على حساب قيمة ال (PIC)

Polymorphism Information Content حيث حسبت لكل مؤشر جزيئي تبعاً للمعادلة التالية:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} f_i^2$$

حيث أن fi هو تكرار الأليل i في الطرز الوراثية أو الأصناف المدروسة، n مجموع الشدف الدناوية DNA الناتجة. تساعد هذه القيم في تحديد مدى قوة التمييز للموقع الجزيئي اعتماداً على عدد الأليلات في كل موقع ومدى قيمة التكرار النسبي للأليلات في المجموعة المدروسة. تتراوح قيمة ال PIC مابين 0-1، فإذا كانت قيمة PIC < 0.5 فيعتبر المؤشر الجزيئي مفيداً جداً، وإذا كانت قيمة ال 0.25 > PIC >0.50 فهو مقبول، وإذا كانت قيمة ال PIC > 0.25 فهو قليل الفائدة. تماثل قيمة ال PIC قيمة التنوع الوراثي genetic diversity index .

2. **تقدير قيمة التنوع الوراثي Gene diversity (GD)** أو مايسمى تخالف اللواقح المتوقع (H_E) Expected Heterozygosity: حيث حسبت لكل مؤشر جزيئي تبعاً للمعادلة التي وضعت من قبل (Nei and Li, 1979, Nei, 1987)

$$H_E = 1 - \sum p_i^2$$

حيث أن P هو تكرار الأليل i في الطرز الوراثية أو الأصناف المدروسة وتتراوح قيمة ال H_E مابين 0-1، 0 (عدم وجود تخالف لواقح)، 1 (وجود تخالف لواقح أي وجود عدد كبير من الأليلات المتكررة).

الجدول (2) يبين التسلسل الآزوتي للمُولفات adaptors والبادئات الموجّهة directed primers المستخدمة في ما قبل التضخيم pre-amplification والبادئات المستخدمة في التضخيم النهائي مع تسلسلها الآزوتي.

Primer		Sequence
EcoRI	Forward adapter	5' CTCgTAgACTgCgTACC
EcoRI	Reverse adapter	5' AATTggTACgCAgTC
MseI	Forward adapter	5' GACgATgAgTCCTgAg
MseI	Reverse adapter	5' TACTCAggACTCAT
E01	Preamplification	5'gACTgCgTACCAATTCA
M02	Preamplification	5'gATgAgTCCTgAgTAAC
e35	Main amplification	5'gACTgCgTACCAATTCACA
e42	Main amplification	5'gACTgCgTACCAATTCAgT
m47	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACAA
m48	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACAC
m50	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACAT
m54	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACCT
m55	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACgA
m58	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACgT
m59	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACTA
m60	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACTC
m61	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACTg
m62	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAACTT
m68	Main amplification	5'gATgAgTCCTgAgTAAgCC

3. تقدير التشابه الوراثي Estimates of Genetic Similarity

تم تنميط البيانات المتحصل عليها بتقنية AFLP في مصفوفة ثنائية على أساس وجود أو غياب شدفة ال DNA وأعطي الرقم (1) لوجود الشدفة و (0) لغيابها وذلك لكل طراز وراثي على حدة، وسجلت في مصفوفة بيانات ثنائية العد. حسبت قيمة التشابه الوراثي بين كل طرازين وراثيين i و j في كل موقع وراثي لكل مؤشر جزيئي محدد، وذلك تبعاً للمعادلة التالية حسب (Nei and Li, 1979, Nei, 1987)

$$GS_{ij} = 2 N_{ij} / (N_i + N_j)$$

حيث أن Nij عدد الشدف المشتركة بين الطرازين الوراثيين i و j ، و Ni، Nj مجموع الشدف في الطرازين الوراثيين i و j على التوالي وذلك لكل المواقع الكروموزومية المدروسة بتقنية ال AFLP . وهكذا تعكس قيمة GSij نسبة الشدف المشتركة بين صنفين أو طرازين وراثيين، وتتراوح قيمتها مابين 0 (

حيث لايوجد شدف مشتركة) و 1 (حيث أن الشدف متشابهة أو متماثلة بين الطرازين).

4. التحليل العنقودي Cluster Analyses :

تم قلب بيانات مصفوفات التشابه المتحصل عليها بتقنية AFLP إلى قياسات البعد الوراثي d باستخدام المعادلة التالية:

$$D=1-GS$$

حيث استخدمت للحصول على الشكل العنقودي dendrogram بطريقة المجموعات الزوجية غير المزانة (UPGMA)

Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages

تم إظهار المخطط العنقودي بواسطة برنامج TreeView X .

النتائج والمناقشة:

أظهرت نتائج غربلة الأصناف الخمسة من الباذنجان باستخدام مؤشرات جزيئية من AFLP . وجود 251 أليلاً متبايناً باستخدام 22 زوجاً من البادئات التوافقية وبمعدل 11 عصابة دناوية متباينة polymorphism لكل توليفة، وتراوحت عدد الأليلات مابين 4−21 أليلاً في كل زوج من البادئات التوافقية المستخدمة (جدول 3). إذ أنه تميزت توافقية البادئات *Eco*RI-ACA/*Mse*I-CAC بالكشف عن أكبر عدد من الأليلات وصل إلى 21 أليل والتوافقية *Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CAT بالكشف عن أقل عدد من الأليلات وصل إلى 4 أليلات فقط.

تم تنميط النتائج على أساس وجود أو غياب عصابة ال DNA التي تدل على وجود الأليل أو غيابه. أظهرت النتائج أن قيمة متوسط تكرار الأليل الرئيسي لكل موقع مورثي كانت 0.74 ، وتراوح المدى من 0.8- 0.6 لكل المؤشرات الجزيئية المدروسة. كما كان متوسط البعد الوراثي لكل المؤشرات الجزيئية المدروسة 0.37، وتراوح المدى مابين 0.25-0.48 . أما قيمة ال PIC فكان متوسطها 0.30 وتراوح مداها مابين 0.25-0.36 أي أنها مقبولة (Nei and Li, 1979, Nei, 1987).

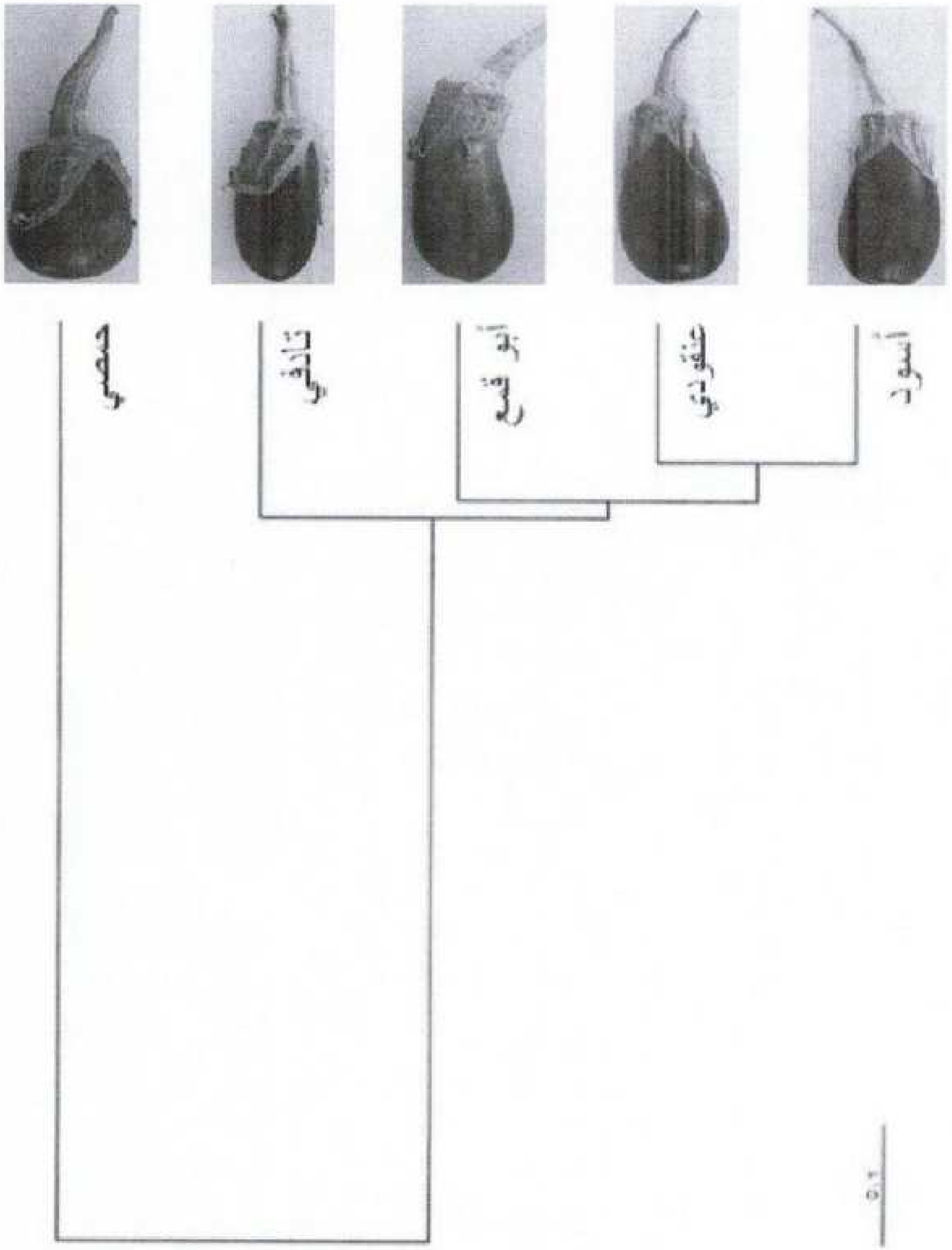
كما أظهرت النتائج في الشكل رقم (1) درجة التشابه بين الأصناف الوراثية الخمسة للباذنجان السوري، حيث وجد أن الصنف الوراثي الحمصي هو الأقل تشابه بالنسبة للأصناف الوراثية الأربعة الباقية , كما أظهرا الصنفان المحليان التادفي وأبو قمع درجة عالية من التشابه، في حين تشابه الصنفان العنقودي والأسود كثيراً فيما بينهما.

جدول (3). يبين توليفات البادئات المستخدمة مع نهايات تسلسلها النيوكليوتيدي، عدد وحجم الشدف (العصابات الدناوية) التي عكست تبايناً لكل توليفة من البادئات.

توليفة البادئات	عدد الشدف المتباينة	حجم الأليلات (زوج نيكليوتيدي)
*Eco*RI-ACA/*Mse*I-CAC	21	335,330,278,275,230,295,293,185,181,170,139,133,114,111,108,99,94,92,88,83,81
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CTC	20	400,365,335,325,300,290,286,263,211,207,185,165,160,148,133,124,122,120,116,95
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CTG	19	310,278,222,209,206,199,165,162,160,146,143,129,127,120,116,102,99,91,88
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-GCC	18	600,340,330,300,286,275,265,210,200,190,179,170,160,155,148,142,139,103,
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CTA	17	350,334,318,254,238,216,213,189,184,179,154,146,132,112,105,99,92
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CCT	15	396, 373,350, 318, 307, 294, 262, 230,224,222,201,197,162,133,126,
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CCT	15	350,270,222,220,211,108,200,189,185,170,160,150,147,130,95
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CAA	13	320, 318, 315, 308, 254, 209, 200, 194, 192, 173, 146, 126, 100
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CAA	13	310,230,200,193,184,179,161,157,154,142,118,100,92
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CGT	12	334,318,286,235,211,197,185,130,123,106,100,85
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CAT	11	235, 210, 205,184,172,169,155,153,134,116,101
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CGT	9	218, 172, 158, 154, 138, 133, 115, 105, 90
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CTT	9	246, 235, 211, 198, 179, 158, 149, 123, 89
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CGT	9	320,280, 175,172, 170, 168,148,142,130
*Eco*RI-ACA/ *Mse*I-CGA	8	244,222,216,184,173,156,125,95
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CTT	7	320, 286,270, 188, 179, 172, 148,
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CGA	7	270, 230, 176, 174, 146, 143, 123
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CAC	7	238,206,136,109,94,80,75
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-AGC	6	361, 302, 270, 240, 157, 142
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CTG	6	202, 195, 185,173, 145, 137
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CTA	5	190,155,144,139,120,
*Eco*RI-AGT/ *Mse*I-CAT	4	215,206,168,120
Total	251	251
Mean	11.4	

كما أظهرت النتائج أن الأصناف الأربعة العنقودي والأسود والنادفي وأبو قمع متشابهه فيما بينها أكثر من درجة تشابه كل منها مع الصنف الحمصي الذي إنفرد في آليلاته الوراثية بشكل منفصل ومتباين عن الأصناف المحلية الأخرى المدروسة (الشكل 1).

ولإظهار التنوع الوراثي بين الأصناف الخمسة المدروسة من الباذنجان السوري، فقد تم استخدام تقنية AFLP والتي أكدت في هذا البحث أنها أداة جزيئية فعالة للكشف عن التنوع الوراثي في عائلة الباذنجانيات كما أنها كانت كذلك في الأنواع النباتية الأخرى (Sayed, et al., 2002, 2004; Furini and Wunder, 2004). وكما هو معروف أن التنوع الوراثي المحتمل بين الأصناف منخفضاً ولكن بالعكس فإنه عند تطبيق هذه التقنية AFLP تم الكشف عن التنوع والتباين بين أصناف الباذنجان المحلية المدروسة.



الشكل (1). يبين المخطط العنقودي لبيان التشابهات dendrogram ، مقدار التشابه بين الطرز الوراثية الخمسة للباذنجان السوري. حيث يظهر أن الصنف الوراثي الحمصي هو الأقل تشابه بالنسبة للأصناف الوراثية الأربعة الباقية , كما أن الصنفان المحليان التادفي وأبو قمع يظهران درجة عالية من التشابه، في حين أن الصنفان العنقودي والأسود يتشابهان كثيراً فيما بينهما.

كما أظهرت النتائج عند حساب المسافة الوراثية المعتمدة على التكرار لأليلات كل صنف من الأصناف المدروسة أن القرابة الوراثية بينهما قد حافظت على الترتيب المذكور في التحليل العنقودي (جدول 4)

جدول (4). يبين المسافة الوراثية المعتمدة على التكرارات للأصناف الخمسة من الباذنجان السوري،(كلما صغرت القيمة كلما دلت على قرب المسافة الوراثية بين الصنفين).

الصنف	عنقودي	أسود	تادفي	حمصي	أبو قمع
عنقودي	0.0000				
أسود	0.2271	0.0000			
تادفي	0.3105	0.3493	0.0000		
حمصي	1.5181	1.7413	1.4311	0.0000	
أبو قمع	0.2943	0.2890	0.2997	1.3511	0.0000

ووجد أن أقل مسافة وراثية بين صنفين كانت بين الأسود والعنقودي 0.23 ، ثم بين الصنفين الأسود وأبو قمع 0.29 ، وبين أبو قمع والتادفي 0.30 ، وبين العنقودي والتادفي 0.31 ، وبين الأسود والتادفي 0.35 ، و 1.43 بين الحمصي والتادفي و 1.52 بين الحمصي والعنقودي ، و 1.74 بين الحمصي والأسود، والتي مثلت أبعد مسافة وراثية بين صنفين، أي أن القرابة الوراثية بين الأصناف الخمسة يمكن أن ترتب كالتالي: أسود-عنقودي- أبو قمع- تادفي-حمصي (الشكل 1 والجدول4).

إن قيمة البعد الوراثي المذكورة بين طرازين وراثيين أو صنفين يساعد في تحديد الفجوة الوراثية للعلاقة الزمنية بين الصنفين في الطبيعة، وبالتالي تشير القيم الصغيرة للمسافة الوراثية إلى زيادة القرابة الوراثية، بينما تشير القيم الكبيرة إلى البعد الوراثي الذي قد يكون قد ساعد في فصل وعزل الأصناف عن بعضها بممارسة الضغوط الوراثية من الطفرات والإنجراف الوراثي الذي يؤدي إلى اختلاف نسبة تكرارات الأليلات، وهذا يتوافق مع ماذكره (Nei and Li, 1979, Nei, 1987) .

إن دراسة وتحديد التنوع والقرابة الوراثية لأهم أصناف الباذنجان السوري باستخدام تقنية AFLP أظهرت التالي:

- درجة التشابه العالية بين الصنفين تادفي وأبو قمع.
- درجة التشابه العالية بين الصنفين عنقودي وأسود.
- الأصناف الأربعة المذكورة (تادفي، أبو قمع، عنقودي، أسود) متشابهة فيم بينها أكثر من درجة تشابه كل منها مع الصنف حمصي.
- تحديد تسلسل القرابة الوراثية للأصناف الخمسة كالتالي(أسود-عنقودي-أبو قمع- تادفي-حمصي).

يمثل هذا البحث خطوة أولى لدراسة القاعدة الوراثية للباذنجان في سورية باستخدام التقنيات الحيوية. هذه القاعدة الوراثية ستساعد مربي الباذنجانيات في إجراء تهجينات معتمدة على البعد الوراثي والهدف المطلوب للعملية التربوية، كما سيوفر قاعدة بيانات وراثية للبحث عن مؤشرات جزيئية مساعدة لعملية الإنتخاب ضد الأمراض الفطرية والحشرية والظروف البيئية الجافة وشبه الجافة في سورية.

المراجع العربية:

غازي حسان،2004- **دراسة أهم أصناف الباذنجان المحلية وتحسينها وراثياً**، رسالة ماجستير، جامعة حلب، كلية الزراعة ،100 صفحة.

المراجع الأجنبية:

CHOUDHURY, B., 1995- **Eggplant (Evolution in Crop Plants).** Edited by Smartt, J., and Simmonds, N.W., pp.464-465.

DAUNAY, M.C., LESTER, R.N., GEBHARDT, C.H., HENNART, J.W., JAHN, M.; FRARY, A.; DOGANLAR, S., 2001- **Genetic Resources of Eggplant *(Solanum melongena L.)* and Allied Species**: A New Challenge for Molecular Geneticists and Eggplant Breeders (*Solanaceae V* edited by Van Den Berg, R.G., Barendse, G.W. and Mariani, Nijmegen University Press, Nijmegen, The Netherlands), pp. 251–274 .

DOGANLAR, S.; FRARY, A.; DAUNAY, C.; LESTER, N.; TANSKLEY, S., 2002- **A Comparative Genetic Linkage Map of Eggplant *(Solanum melongena)* and its Implication for Genome Evolution in the *Solanaceae***, *Genetics*, Vol.161, pp.1697-1711.

FRARY, A.; DOGANLAR, S.; DAUNAY, M.C., 2007- **Eggplant, Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants**, Vol.5, pp.231-257.

FURINI, A.; WUNDER, J., 2004- **Analysis of eggplant (*Solanum melongena*)-related germplasm: morphological and AFLP data contribute to phylogenetic interpretations and germplasm utilization**, *Theor Appl Genet*, Vol.108, pp.197- 208.

ISSHIKI, S.; SUZUKI, S.; YAMASHITA, K., 2003- **RFLP analysis of mitochondrial DNA in eggplant and related *Solanum* species**, *Genetic Resources and Crop Evolution*, Vol.50, pp.133-137.

KASHYAP, V.; KUMAR, S.V.; COLLONNIER, C.; FUSARI, F.; HAICOUR, R.; ROTINO, G.L.; SIHACHAKR, D.; RAJAM, M.V., 2003- **Biotechnology of eggplant**, Scientia Horticulturae, Vol.97, pp.1-25.

KAUR, M.; SINGH, S.; KARIHALOO, J.L., 2004- **Diversity of Enzyme Electrophoretic Patterns in the Eggplant Complex**, *J. Plant Biochemistry & Biotechnology*, Vol.13, pp.69-72.

LAWANDE, K.E.; CHAVAN, J.K., 1998- **Eggplant *(Brinjal)* (Handbook of Vegetable Science and Technology**. edited by Salunkhe, D.K., Kadam, S.S.), pp.225-243

MUELLER, L.A.; SOLOW, T.H.; TAYLOR, N.; SKWARECKI, B.; BUELS, R.; BINNS, J.; LIN, C.; WRIGHT, M.H.; AHRENS, R.; WANG, Y.; HERBST, E.V.; KEYDER, E.R.; MENDA, N.; ZAMIR, D.; TANKSLEY, S.D., 2005-**The SOL Genomics Network. A Comparative Resource for *Solanaceae* Biology and Beyond**, Plant Physiology, Vol.138, pp. 1310-1317.

NEI, M.; LI, W.H., 1979- **Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease.** Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79: 5269-5273

NEI, M., 1987- **Molecular evolutionary genetics.** Columbia University press, NY.

SAGHAI-MAROOF, M.A.; SOLIMAN, K.M.; JORGENSON, R.A.; ALLARD, R.W., 1984- **Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics.** Proc Natl Acad Sci USA 81:8014-8018.

SAKATA, Y., LESTER, R.N., 1994- **Chloroplast DNA diversity in eggplant (*Solanum melongena*) and its related species S. *incanum* and S. *marginatum*,** *Euphytica*, Vol.80, pp.1-4.

SAYED, H.; BACKES, G.; KAYYAL, H.; YAHYAOUI, A.; CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; JAHOOR, A.; BAUM, M., 2004- **New molecular markers linked to qualitative and quantitative**

powdery mildew and scald resistance genes in barley for dry areas, Euphytica, 135:225-228

SAYED, H.; KAYYAL, H.; RAMSEY, L.; CECCARELLI, S.; BAUM, M., 2002- **Segregation distortion in doubled haploid lines of barley (*Hordeum vulgare* L.) detected by simple sequence repeat (SSR).** Euphytica, 225:265-272

SINGH, A.K.; SINGH, M.; SINGH, A.K.; SINGH, R.; KUMAR, S.; KALLOO, G., 2006- **Genetic Diversity within the genus *Solanum* (*Solanaceae*) as revealed by RAPD markers,** Current Science, Vol.90, No.5, pp.711-716.

WEIR, B.S., 1996- **Genetic data analysis II**, Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.

YELIZ, T., 2007- **Determination of genetic diversity between Eggplant and its wild relatives.** M.Sc. thesis. 76 pages.

ZABEAU, M.; VOS, P., 1993- **Selective restriction fragments amplification: a general method for DNA fingerprinting.** European Patent Application number: 92402629.7, publication number 0 534 858 A1.

Genetic Characterization for local Syrian variates of eggplants (*Solanum melongena* L.) revealed by AFLP molecular markers

Haitham Sayed[1] , Khaled Almohamad[2]

[1] Faculty of Technological Engineering, Biotechnology Department, P.O. Box 12233, Aleppo University, Aleppo, Syria.
[2] Faculty of Agriculture, Horticulture Department, Aleppo University, Aleppo, Syria.

Abstract

Eggplant (*Solanum melongena* L.) is considered to be a global important product. Significance, given the existence of several genotypes of eggplant in Syria, they are present versatile and genetic potential adaptable to the Syrian environments especially in the semi-dry areas. Therefore, the objective of this research is to determine the genetic diversity and relationship to some of the most widespread local varieties grown in Syria, so that to be studied later in order to identify the genetic relationship which can be used in breeding programs with help of DNA marker assisted selection.

Five varieties of eggplants (Black, Onkudi, Tadvi, Abu Koumeh, Homsi) has been riddled by AFLP technique. The results showed the presence of 251 polymorphic alleles revealed with 22 pairs of primers and compliance rate of about 11 different DNA bands for each combination of primers and the number of alleles range between 4-21 alleles in each pair of primers used.

The results showed the degree of similarity between the five eggplant varieties. It has been found that Homsi variety is the least similar to the genotypes of genetic remaining four, and they have shown that the two genotypes Tadvi and Abu Koumeh are of a high degree of similarity, while the two genotypes Black and Onkudi are often similar to each other. The results also showed that the degree of similarity among the four varieties Onkudi, Black, Abu Koumeh and Tadvi, is higher than the degree of similarity with Homsi, which is separately unique in its alleles more than the other four local varieties. The genetic relationship between the five variates can be arranged as follows: Black - Onkudi - Abu Koumeh - Tadvi - Homsi. This research represents the first step to study the genetic base of eggplant in Syria using biotechnology.

Key words: Eggplants, Genetic diversity, DNA molecular markers, AFLP

Received / /2010
Accepted / /2010