المستخلص

التوصيف الجزيئي لأصناف نبات الشعير باستخدام تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة الخاصة بالعضيات

إعداد
بشائر بنت عصام أبوبكر العطاس

إشراف:
أ.د .أحمد بن بهي الدين
د .هاني بن محمد علي

هدفت الدراسة الحالية إلى الكشف عن تعدد الأشكال النوكليوتيدية الفردية (SNPs) في جينوم الميتوكوندريا والبلاستيد الناتج عن طريق next-generation sequencing لتوصيف أنماط جينية محددة من الشعير واختبار نظرية heteroplasmy. تضمّنت الدراسة تحليل سبعة أصناف من الشعير المنزرع (VG) (*Hordium vulgare* subsp. *vulgare*) وصنف واحد بري هو (*H. vulgare* subsp. *Spontaneum*) (SP). وتم عمل تسلسل جينوم الميتوكوندريا والبلاستيد في الثمانية طرز الجينية من الشعير باستخدام Illumina HiSeq 2000 platform والذي أنتج ما يقارب ٤٨٠ مليون قراءة مكونة من ١٠٠ نيوكليوتيدة لكل منها عبر الأنماط الجينية. وتمت محاذاة كل نمط وراثي بشكل منفصل مع جينومين الشعير المرجعيين المنشورين للبلاستيد و الميتوكوندريا ، وبعد ذلك تم تحديد SNPs. وأشارت النتائج إلى كفاءة استخدام SNPs كعلامة جزيئية في التمييز بين الأنماط الوراثية لأصناف الشعير. كما تم تحديد SNPs محددة للميتوكوندريا في ستة أصناف من أصل ثمانية، في حين وجدت أربعة فقط في البلاستيد. وكان صنف Giza١٣١ هو النمط الوراثي الوحيد الذي لا يوجد له أي SNPs مميزة سواء في البلاستيد او الميتوكوندريا، في حين أظهر الصنف Giza130 أكبر عدد من SNPs في الميتوكوندريا (٧) و في البلاستيد (٥). وأشارت شجرة تطور السلالات الناتجة من SNPs كلا الجينومين إلى وجود علاقة وثيقة بين صنفي Giza١٢٤ & Giza١٣٠ ، إلا أن SNPs في المايتوكندريا أشارت إلى تمييز أفضل بين الأنماط الجينية. ومن المثير للاهتمام عدم تميز الصنف البري SP بين الأنماط الجينية. وأثبتت الدراسة صحة نظرية التباين السيتوبلازمي heteroplasmy في جينومي الميتوكوندريا والبلاستيد.

Abstract

Molecular Characterization of Barley Cultivars Using Organelle SNPs

By
Bashaer Esame Abubaker Al-attas

Supervised By:

Prof. Ahmed Bahieldin

Dr. Hani Mohammed Ali

The present study aimed at detecting single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the mitochondrial and plastid genome sequences generated via next-generation sequencing for the characterization of selected barley genotypes and test the theory of heteroplasmy. The analysis involved seven cultivated barley (*Hordium vulgare* subsp. *vulgare*) (VG) and one wild (*H. vulgare* subsp. *spontaneum*) (SP) genotypes. The mitochondrial and plastid genomes of the eight barley genotypes were sequenced using Illumina HiSeq 2000 platform of which around 480 million paired-end reads of 100 nt each were generated across genotypes. Sequences of each genotype were separately aligned to the published barley plastid and mitochondrial reference genomes, and SNPs were detected. The results indicated the efficiency of using SNPs as a molecular marker in distinguishing among barley genotypes. Specific mitochondrial SNPs were determined in six out of the eight genotypes, while only four for plastid SNPs. Giza131 was the only genotype with no specific mitochondrial or plastid SNPs, while Giza130 showed the largest number of specific mitochondrial (7) and plastid (5) SNPs. Phylogenetic trees generated from SNPs of the two genomes indicated the close relationship between Giza129 and Giza 130, however, the mitochondrial SNPs indicated a better discrimination among genotypes. Interestingly, SP was not clearly discriminated among genotypes. The study validated the heteroplasmy theory in mitochondrial and plastid genomes.