جامعة الموصل

كلية التربية للعلوم الصرفة

مقارنة مظهرية وجزيئية لبعض الجينات المسؤولة عن تكوين حبوب اللقاح في نباتات رشاد اذان الفار والطماطة والفاصوليا

موسى الكاظم حسين علي

رسالة ماجستير

علوم الحياة

بإشراف

الاستاذ المساعد

الدكتور غزوان قاسم حسن

١٤٤٤ هـ

٢٠٢٢م

المستخلص

ركزت الدراسة الحالية على أهمية قطبية السبور الدقيق polarity Microspore وانقسام الخلايا غير المتماثل في السبور الدقيق Microspore لتطوير حبوب اللقاح، وكذلك التشخيص الجزيئي لبعض الجينات المرتبطة بهذه العملية.

تهدف هذه الرسالة إلى دراسة تطور حبوب اللقاح في *A. thaliana* و *P. vulgaris* و *S. lycopersicum* وإجراء بعض التحليلات الجزيئية للجينات ذات الصلة مثل إجراء تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR)، ومحاذاة التسلسل، وتحليل النشوء والتطور. تم فحص ودراسة مراحل تطور حبوب اللقاح لمراحل النمو المختلفة في كل من النباتات الثلاثة. ابتداءا من السبور الدقيق غير القطبي Unpolarized (UMS) microspore ، ثم السبور الدقيق القطبي Polarized microspore (PMS) ، حبوب اللقاح ثنائية الخلية المبكرة Early bicellular(EBC) ، حبوب اللقاح ثنائية الخلية المتوسطة Mid (MBC) bicellular، حبوب اللقاح ثنائية الخلايا المتأخرة Late bicellular (LBC) ، حبوب اللقاح ثلاثية الخلية المبكرة Early tricellular (ETC)،حبوب اللقاح ثلاثية الخلايا المتوسطة Mid bicellular (MBC)، حبوب اللقاح ثلاثية الخلية المتأخرة Late tricellular (LTC) وحبوب اللقاح الناضجة Mature (MP) pollen. أظهرت النتائج أن حبوب اللقاح في *A. thaliana* لها شكل بيضاوي إلى كروي، في حين أن حبوب اللقاح في *P. vulgaris* لها شكل كروي إلى شكل ثلاثي الأوجه وشكل حبوب اللقاح في *S. lycopersicum* بيضوية. تم تأكيد التشخيص الجزيئي لجينات أذان ألفار *DUO1*و *HTR10*و *GEX2* وكذلك Orthologs *DUO1*_PV و *HTR10*_PV و *GEX2*_PV في *P. vulgaris* وأيضاً Orthologs *DUO1*_SLو *HTR10*_SL و *S. lycopersicum GEX2*_SL بواسطة تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل. أظهرت تسلسلات *DUO1* و *HTR10* و *GEX2* في نبات *Arabidopsis* تماثلًا بنسبة 100٪، 100٪ و 89٪ مع التسلسلات المودعة في GenBank، في حين تسلسل جين *DUO1*_PVو *HTR10* _ PV و *GEX2*_PV في نبات *P. vulgaris* أظهر تطابقاً بنسبة 82 ٪ و 99 ٪ و 98 ٪ مع التسلسلات المودعة في GenBank (. في حين أن تسلسل جين *DUO1*_SL و *HTR10_SL* و *GEX2* _SL في نبات *S. lycopersicum* أظهر تطابقاً بنسبة 85%و99% و98.52% مع التسلسلات المودعة في GenBank. تم انجاز التطابق التسلسلي Sequence alignments والعلاقة التطورية للتطور Phylogenetic Evolutionary relationship للتسلسلات

الحالية بواسطة برنامج MEGA X_10.2.6. بشكل عام، أظهرت النتائج تشابها بين التسلسلات الحالية مع بعض التسلسلات الموجودة في GenBank للنباتات المدروسة، وهناك أيضاً علاقة وراثية بينهما.

ABSTRACT

Arabidopsis thaliana is widely used as a model plant in different biological experiments. The tomato plant *Solanum lycopersicum* is one of the most important agricultural crops in the world, as its cultivation is adapted to different environmental condition. *Phaseolus vulgaris* is an annual plant grown for its dry seeds and pods all over the world.

The haploid microspore undergoes asymmetric cell division to produce two different sizes of cells, a smaller generative cell and larger vegetative cell. The generative cell undergoes further cell division to give rise two functional sperm cells required for double fertilization in plants.

DUO1, *HTR10* and *GEX2* are transcription factors that have been shown to be restricted only to the pollen generative cells and sperm cells, which help to complete gametophyte development. This paper aimed to study pollen grain development in *A. thaliana, P. vulgaris* and *S. lycopersicum* and performing some molecular analysis for the relevant genes such as a polymerase chain reaction (PCR) assay, sequence alignments and phylogenetic analysis. Here, a series of wild type pollen was screened for their developmental stages in both *A. thaliana and P. vulgaris* and *S. lycopersicum* at unpolarized microspore (UMS), polarized microspore (PMS), early bicellular (EBC), mid bicellular (MBC), late bicellular (LBC), early tricellular (ETC), late tricellular (LTC) and mature pollen (MP). The results also showed that the pollen grains in *A. thaliana* have an oval to spherical shape, while the pollen grains in *P. vulgaris* have a spherical to triangular and tricolporate in shape, and the pollen grains in *S. lycopersicum* have oval shape.

The molecular detection of *Arabidopsis DUO1*, *HTR10* and *GEX2* genes and their orthologs *DUO1*_PV, *HTR10*_PV and *GEX2*_PV in *P. vulgaris* and orthologs *DUO1*_SL و *HTR10*_SL و *GEX2*_SL in *S. lycopersicum,* were confirmed by a polymerase chain reaction technique. The *Arabidopsis DUO1*, *HTR10* and *GEX2* sequences showed a homology of 100%, 100% and 89% with deposited sequences in GenBank (Accessions: NM_115910.2, NM_101844.2, and AB743888.1) respectively, while the *P. vulgaris* gene sequences showed a homology of 82%, 99% and 98% with deposited sequences in GenBank (Accessions: CP039352.1, XM_007150332.1, and XM_007138871.1) respectively. While the *DUO1*, *HTR10* and *GEX2 S. lycopersicum* gene sequences showed a homology of 85%, 99% and 98.52% with deposited

sequences in GenBank (Accessions: HG9755133..1, XM_019215441.2 and XM_010323123.3) respectively.

Multiple sequence alignments and phylogenetic evolutionary relationship were accomplished for current sequences by MEGA X_10.2.6 software. In general, the results showed a similarity to some extent between the current sequences with some deposited sequences in GenBank, and there is also a genetic relationship between them. The current study was focused on the importance of microspore polarity and asymmetric cell division of microspore for pollen development, as well as the molecular confirmation of some genes associated with this process.

University of Mosul
College of Education
For Pure Science

Phenotypic and Molecular Comparison of Some Genes Responsible for The Formation of Pollen in *Arabidopsis thaliana* , *Solanum Lycopersicum* and *Phaseolus vulgaris*

Mousa-Alkadhim Hussein Ali

M.Sc Thesis

Biology

Supervised by

Assist. Prof.

Dr. Ghazwan Qasim Hasan

2022 A. D. 1444 A. H