

# التوصيف الجزيئي لأصناف نبات الوينكا باستخدام تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة الخاصة بالبلاستيدات

إعداد

أريج بنت عادل صعيدي

إشراف

د. أحمد بن محمد عمارة

د. ثناء بنت خالد خان

## المستخلص

الوينكا هو نبات زينة منتشر على نطاق واسع بسبب ألوان أزهاره البراقة. والأهم من ذلك، أنه نبات طبي يُنتج مركبات صيدلانية خاصة به، بما في ذلك الأدوية الفعالة في علاج الأورام *vincristine* و *vinblastine*. تُظهر أصناف نبات الوينكا اختلافات في الصفات الفسيولوجية والبيوكيميائية بما في ذلك إنتاج كميات مختلفة من هذه المواد المضادة للسرطان. توصيف وتحديد هوية الأصناف يعتمد على خصائص الزهور المورفولوجية مثل ألوان البتلات وأعين الزهور. على أي حال، فإن معظم مبيعات هذا النبات الطبي تتم في المرحلة الخضرية، مما يتسبب في عتبة كبيرة أمام المستهلكين لأنه من المستحيل أن يتم تمييز الأصناف شكليا في هذه المرحلة. لهذا، صُممت هذه الدراسة لتطوير طريقة بديلة تكون أسرع وموثوقة أكثر للتوصيف. تم استخدام تسلسل الجيل القادم عالي الإنتاجية للكشف عن تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة في البلاستيدات الخضراء التي تكون مميزة لكل صنف من أجل التوصيف الجزيئي. تم سلسلة الحمض النووي الكلي لثمانية أصناف من نبات الوينكا باستخدام جهاز Illumina HiSeq 2000. ثم تمت مراصفة التسلسلات الناتجة بشكل منفصل مع الجينوم المرجعي للبلاستيدة الخضراء (KC561139) تلتها دراسة متغيرات أشكال النيوكليوتيدات المفردة. أظهرت النتائج عددا من تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة المميزة للصنف لكل الأصناف الثمانية. بالإضافة، فإنه تم رصد تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة داخل الصنف الواحد، وهذا يؤكد انطباق نظرية *heteroplasmy* في جينوم البلاستيدة الخضراء في هذا النبات. قد يوفر هذا التحقيق رؤى قيمة في استخدام العلامات الجزيئية الناتجة في توصيف المادة الوراثية الخاصة بنبات الوينكا، وبرامج التربية وحماية حقوق الأصناف. أخيرا، فإنه يمكن أيضا إجراء المزيد من الدراسات باستخدام تعدد أشكال النيوكليوتيدات المفردة الخاصة بالميتوكوندريا أو النواة للتوصيف الجزيئي لأصناف نبات الوينكا.

# **Molecular Characterization of *Catharanthus roseus* Varieties Using Chloroplast SNPs**

**By**  
**Areej Adel Saeedi**

**Supervised by**  
**Dr. Ahmed Mohammed Emara**  
**Dr. Thana Khalid Khan**

## **ABSTRACT**

*Catharanthus roseus* is a widespread ornamental plant due to its glamorous flowers colors. More importantly, it is a medicinal plant that produces pharmaceutical compounds including the powerful species-specific antitumor drugs, vinblastine and vincristine. Varieties of *C. roseus* show differences in their physiological and biochemical characteristics including the production of dissimilar amounts of these antitumor drugs. Characterization and identification of varieties depend on flowers morphological characteristics such as petals and flowers eyes colors. However, most of this medicinal plant sales are carried out at the vegetative stage, causing a major obstacle for consumers since it is impossible for varieties to be morphologically characterized at this stage. Therefore, this study was designed to develop alternative faster and more reliable method for characterization. High-throughput next generation sequencing was utilized to detect chloroplast SNPs that are unique to each variety for molecular characterization. Total DNA of eight *C. roseus* varieties was sequenced by using Illumina HiSeq 2000 platform. Resulted sequences for each variety were aligned separately to the chloroplast reference genome (KC561139), followed by examining SNPs variants. The results identified unique SNPs for all eight varieties. In addition, intra-varietal SNPs were detected confirming the applicability of the heteroplasmy theory in chloroplast genome of this species. This investigation might provide valuable insights into the utilization of the resulted molecular markers in germplasm identification, breeding programs and cultivar-right protection. Finally, further studies could also

be conducted using mitochondrial or nuclear SNPs for molecular characterization of *C. roseus* varieties.