ژنتیک نوین
دوره پانزدهم ، شماره ٤، زمستان ۱۳۹۹
صفحه ۳۲٦ - ۳۱۷

تنوع ژنتیکی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW_{GS}) *Aegilops triuncialis L.* مناطق شمالی ایران

Genetic variation of high molecular weight glutenin subunits (HMW_{GS}) in *Aegilops triuncialis L.* accessions collected from northern regions of Iran

هادی شیرزاد*[۱]، جعفر احمدی[۱]، محمد جعفرآقایی[۲]، بهزاد سرخی[۳]

۱- به‌ترتیب کارشناسی‌ارشد، استاد، گروه ژنتیک و به نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه بین المللی امام خمینی (ره)، قزوین، ایران

۲- دانشیار، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، البرز، ایران

۳- استادیار، بخش ژنتیک و بانک ژن ملی گیاهی ایران، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، البرز، ایران

Shirzad H*[1], Ahmadi J[1], JafarAghaei M[2], Sorkhi B[3]

1- MSc Plant Breeding, Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, College of Agriculture, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran
2- Associate Professor, Horticulture Research Institute, Alborz, Iran
3- Assistant Professor, Department of Genetics Research and National Genetic Gene Bank of Iran, Seed and Plant Improvement Research Institute, Alborz, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: h.shirzad@edu.ikiu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۷/۱۵ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۹/۱۸)

چکیده

تنوع ژنتیکی پایه و اساس اصلاح گیاهان محسوب می‌شود که گزینش و بهبود گیاهان با صفات و خصوصیات مطلوب را ممکن می‌سازد. جنس آژیلوپس (*Aegilops* spp) یکی از خویشاوندان وحشی گندم نان است و پراکنش وسیعی در خاورمیانه و غرب آسیا دارد که ایران بخش وسیعی از این منطقه را در بر می‌گیرد. در این تحقیق ۷۵ توده از جمعیت‌های گونه آژیلوپس ترنسیالیس (*Aegilops triuncialis*) که در بانک ژن گیاهی ملی ایران نگهداری می‌شوند، از نظر تنوع زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) با استفاده از روش SDS-PAGE مورد ارزیابی قرار گرفتند که در مجموع ۱۰ باند پروتئینی در قالب ۲۰ الگوی مختلف در میان نمونه‌ها مشاهده شد. بیشترین فراوانی باندی مربوط به باندهای h و i با فراوانی ۰/۹۳ و کمترین فراوانی مربوط به باند k با فراوانی ۰/۰۲٦ بود که تنها در استان‌های قزوین و گلستان مشاهده شد. بالاترین مقدار تنوع ژنتیکی تصحیح‌شده مربوط به استان مرکزی و برابر ۰/٤ و کمترین تنوع ژنتیکی تصحیح‌شده مربوط به استان کردستان برابر ۰/۱۳ بود. ماتریس فاصله ژنتیکی استان‌ها بر اساس شاخص نی نشان داد که بیشترین فاصله ژنتیکی را نمونه‌های دو استان گلستان و خراسان شمالی از استان آذربایجان غربی داشتند و کمترین فاصله ژنتیکی بین استان خراسان رضوی و سمنان و همچنین بین استان خراسان شمالی و مازندران مشاهده شد. تجزیه خوشه‌ای زیر واحدهای HMW-GS با استفاده از روش UPGMA، استان‌های مورد بررسی را به سه گروه تقسیم کرد و مشخص شد که رابطه منطقی مشخصی بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی وجود دارد.

واژه‌های کلیدی

آژیلوپس
تنوع آللی
زیر واحدهای گلوتنین
HMW-GS

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

مقدمه

تنوع ژنتیکی اساس موفقیت در بهبود خواص غذایی غلات است و می‌توان با روش‌های گوناگونی همچون بررسی مورفولوژیکی صفات و نشانگرهای مولکولی به سادگی آن‌ها را شناسایی کرد (Fufa et al. 2005; Metakovsky 1991). اهمیت تنوع ژنتیکی در اصلاح گیاهان در مطالعات بسیاری گزارش شده و ارزیابی نمونه‌های موجود در کلکسیون‌ها اطلاعات مفیدی را بر روی صفات گیاهی آشکار کرده است که می‌توانند در مطالعات الگوهای تنوع ژنتیکی به‌کار آیند (Powell et al. 1996). آژیلوپس‌ها به‌عنوان مهم‌ترین خویشاوندان وحشی گندم شامل تعدادی از گیاهان یک‌ساله وحشی هستند که بیشتر در اقلیم مدیترانه‌ای گسترش دارند و به‌دلیل رابطه خویشاوندی نزدیک با گندم زراعی به‌طور وسیعی مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. استفاده از گونه‌های این جنس از لحاظ وجود یک مجموعه ژرم پلاسم با تنوع بسیار وسیع، و همچنین به‌دلیل داشتن ویژگی‌هایی در ارتباط با سازگاری بلند مدت اهمیت بسزایی در برنامه‌های اصلاحی گندم دارند (Bushuk and Zillman 1978). گونه *Ae. triuncialis* تتراپلوئید (2n=4X=28) با فرمول ژنی UUCC می‌باشد که از تلاقی بین گونه‌های *Ae. umbellulata* (با فرمول ژنومی UU) و *Ae. caudata* (با فرمول ژنومی CC) به‌وجود آمده است (Zhang et al. 1998). این‌گونه دارای ژن‌های مقاومت به سِست غلات می‌باشد (Romero et al. 1998). همچنین ژن مقاومت به زنگ برگ از این گونه به ژنوم D گندم انتقال یافته است (Aghaei-sarbarzeh et al. 2002). گونه *Ae. triuncialis* گیاهی یک‌ساله و پائیزه با چندین ساقه جانبی، سنبله‌های تقریباً استوانه‌ای شکل که به‌صورت تکی از هم جدا شده است (Van slageren 1994). تعیین تنوع ژنتیکی، اولین و اساسی‌ترین گام در جهت مطالعات به‌نژادی می‌باشد. چرا که به‌واسطه آن می‌توان ارقام را در گروه‌های مختلف طبقه‌بندی و در مواقع لازم از آن‌ها استفاده کرد (Mohammadi et al. 2006). برخی از تفاوت‌های موجود در DNA بین دو موجود، ممکن است به‌صورت پروتئین‌های با اندازه‌های مختلف ظاهر شود که از طریق شیمیایی قابل ثبت و مطالعه می‌شود (Abd-mishani et al. 1988). پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر در خویشاوندان وحشی گندم دارای تنوع ژنتیکی وسیعی می‌باشند. اجزای این پروتئین‌های ذخیره‌ای ارتباط مستقیمی با خواص تکنولوژیکی و تغذیه‌ای گندم زراعی داشته و می‌توانند به‌عنوان نشانگرهای ژنتیکی کارآمد در این رابطه به‌کار روند. ویژگی مهم آن‌ها سطح تنوع قابل‌تشخیص ژنتیکی بالا و عدم تغییرات چشمگیر آن‌ها در اثر شرایط محیطی است. الگوهای الکتروفورزی آن‌ها معیار خوبی برای شناسایی جوامع مختلف گیاهی و ارقام می‌باشند؛ بنابراین می‌توان از پروتئین‌های ذخیره‌ای به‌عنوان معیاری دقیق برای تخمین تنوع ژنتیکی و یا سایر مطالعات استفاده نمود (Campbell 1987). عوامل محیطی هر چند بر مقدار پروتئین‌های ذخیره‌ای تأثیر می‌گذارند، ولی بر حضور آن‌ها در بذور رسیده بی‌تأثیر و یا کم اثر می‌باشند. به‌علت هم بارز بودن بروز ژن‌های کنترل‌کننده این پروتئین‌ها، الگوهای الکتروفورزی آن‌ها معیار خوبی برای شناسایی جوامع گیاهی و ارقام می‌باشند. از جمله مهم‌ترین کاربردهای پروتئین‌های ذخیره‌ای در اصلاح نباتات، می‌توان به استفاده از رابطه موجود بین بعضی از آلل‌های کنترل‌کننده آن‌ها با کیفیت مطلوب فرآورده‌های مختلف و یا ویژگی‌های خاصی از گیاه اشاره نمود. مثلاً بعضی از گلوتنین‌های گندم ارزش نانوایی بهتری به نان می‌دهند و برخی نیز موجب مقاومت به بیماری و آفت می‌شوند. بنابراین اهمیت این پروتئین‌ها در برنامه‌های اصلاحی قابل توجه است (Blackman 1987; Silvela 1993) گلوتن گندم ترکیب پیچیده‌ای از پروتئین‌ها (گلوتنین و گلیادین) همراه با ۵۰ مؤلفه تفکیک شده به‌وسیله تکنیک‌های الکتروفورز است (Shewry and Halford 2002). هشتاد درصد گلوتن را پروتئین، هشت درصد آن را چربی و بقیه آن را مواد معدنی و کربوهیدرات‌ها تشکیل می‌دهند. از بین این اجزاء پروتئین‌ها هستند که عامل ایجاد خاصیت منحصربه‌فرد چسبندگی و کشسانی گلوتن به شمار می‌روند (Hoseney 1986; Wall 1979). زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) و پائین (LMW-GS) نقش اصلی را در خصوصیات کشسانی آرد گندم نان دارند (Masci et al. 1998). تنوع واریته‌ها از نظر الگوی الکتروفورز برای زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا بسیار زیاد است (Lawrence et al. 1988). مطالعات ژنتیکی نشان داده است که از کل کروموزوم‌های گندم، گروه همیولوگ (1A, 1B, 1D) نقش

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

مهمی را در ارزش نانوایی آن دارند و برای ارتقای کیفیت، تنها افزایش درصد پروتئین دانه کافی نیست بلکه کیفیت و نوع پروتئین نیز مهم است. با توجه به موارد فوق، نمی‌توان کیفیت هر رقم گندم را بر حسب یک خصوصیت بیان نمود، بلکه چندین ویژگی از قبیل خواص شیمیایی، خواص آسیاب کردن، ویژگی‌های پخت و خواص فیزیکی خمیر در کیفیت نانوایی مؤثر بوده و حائز اهمیت می‌باشند (Mansur 1990). سایر محققین با استفاده از آزمایش‌های مختلف، رابطه گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا را با کیفیت نانوایی اثبات کرده‌اند (Brunori et al. 1984; Lawrence et al. 1988). در برخی از این تحقیقات به اثرات متقابل بین ژنومی و یا زیر واحدهای گلوتنین و درصد پروتئین اشاره شده است. موفقیت الکتروفورز پروتئین‌ها در شناسایی و تشخیص ارقام به این خاطر است که پروتئین‌های تفکیک شده توسط آن اولین محصول فعالیت ژن‌ها هستند (Payne 1987). بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی کیفیت گندم، از پروتئین‌های ذخیره بذر به‌عنوان یک شاخص کلیدی و ارزشمند استفاده می‌شود. وجود تنوع آللی در هر مکان ژنی منجر به ایجاد روش نام‌گذاری برای تشخیص آلل‌های مختلف در مکان‌های ژنی گلیادین‌ها و گلوتنین‌ها شده است (Payne and Lawrence, 1983; Metakovsky et al. 1984; Ruiz and Carrillo 1993). مزیت الکتروفورز با ژل پلی اکریل آمید در حضور SDS در آن است که با استفاده از یک دانه گندم و بدون نیاز به تخریب ژرم پلاسم آن و تنها با نیمه حاوی آندوسپرم دانه می‌توان پروتئین‌های آن را بر اساس وزن مولکولی جدا نمود و همین برتری باعث گستردگی استفاده از این روش برای تفکیک پروتئین‌های ذخیره‌ای شده است. هدف از این تحقیق و تحقیقات مشابه (Shahnejat-bushehri et al. 2006, 2011; Naghavi 2013) دستیابی به‌میزان تنوع ژنتیکی و آللی موجود در توده‌های *Ae. triuncialis* از نظر زیر واحدهای پروتئینی بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد بررسی در این پژوهش، شامل ۷۵ نمونه از توده‌های بومی گونه *Ae. triuncialis* بود که توسط بانک ژن ملی گیاهی ایران از ۱۳ استان نیمه شمالی ایران جمع‌آوری شده بودند.

جدول ۱- استان‌های مورد بررسی و تعداد توده‌های مورد آزمایش از هر استان

استان محل جمع‌آوری	تعداد نمونه
البرز	۵
تهران	۳
آذربایجان شرقی	۳
آذربایجان غربی	۵
گیلان	۴
گلستان	۶
کردستان	۳
قزوین	۷
سمنان	۶
زنجان	۶
خراسان رضوی	۱۲
خراسان شمالی	۵
مازندران	۵
مرکزی	۵
جمع کل	۷۵

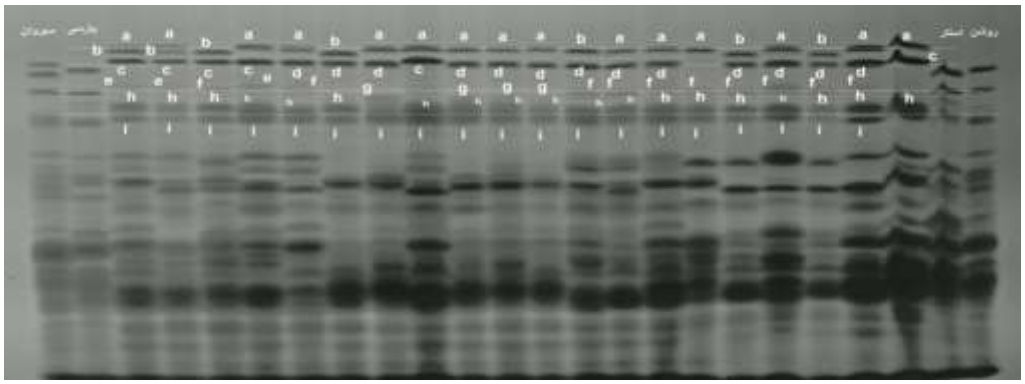
۷۵ این تحقیق در آزمایشگاه بیوتکنولوژی گیاهی بانک ژن گیاهی موسسه تحقیقات و تولید نهال و بذر ایران اجرا شد. جدول ۱ تعداد توده‌های مورد بررسی و محل جمع‌آوری آن‌ها را نشان می‌دهد. توده جمع‌آوری شده از نظر پروتئین‌های ذخیره‌ای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-Gs) مورد بررسی قرار گرفتند. همچنین در این تحقیق چهار رقم شاهد روشن، استار، پارسی و سیروان برای افزایش دقت در شناسایی باندهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا مورد استفاده قرار گرفتند. برای تعیین این نوع گلوتنین‌ها در توده‌های مورد ارزیابی، پروتئین بذر با استفاده از SDS و مرکاپتواتانول استخراج و از الکتروفورز تک‌بعدی SDS-PAGE به روش لایملی با اعمال تغییرات اندکی در حجم مواد استفاده شد (Fullington et al. 1983). باندهای مشاهده شده در تمامی نمونه‌ها در مقایسه با باندهای شاهد به‌ترتیب نام‌گذاری شدند. الگوهای باندی مشابه در نمونه‌ها تعیین و نمونه‌های با الگوی یکسان در یک گروه قرار گرفتند. در مرحله بعد ماتریس صفر (عدم مشاهده باند) و یک (مشاهده باند) ایجاد شد. پس از امتیازدهی به باندها، تنوع ژنتیکی توده‌ها، جریان ژنی بین توده‌ها، هتروزیگوسیتی، فاصله ژنتیکی و شباهت ژنتیکی میان توده‌ها و روابط بین توده‌ها بررسی شد. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای GenAlex و Pop Gen انجام شد. همچنین

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

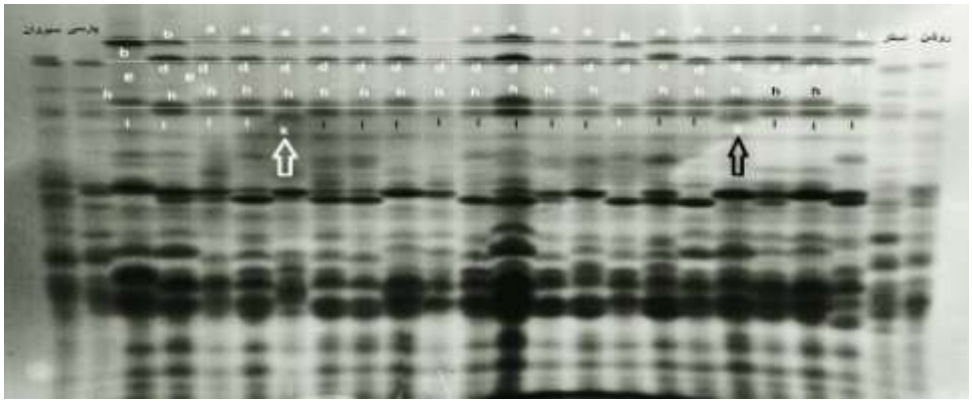
با استفاده از روش تجزیه کلاستر گروه‌بندی و روابط بین توده‌ها بررسی شدند.

نتایج و بحث

شکل ۱ الکتروفورگرام مربوط به تعدادی از توده‌های مورد مطالعه به‌همراه نام‌گذاری باندهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا را نشان می‌دهد. همان‌طور که در شکل مشاهده می‌شود، نوارهای HMW-GS به‌راحتی و بدون هیچ مشکلی تشخیص داده شدند. به‌طورکلی برای توده‌های *Ae. triuncialis* مورد مطالعه ۱۰ آلل a، b، c، d، e، f، g، h، i و k شناسایی شد که بیشترین فراوانی را آلل های h و i با ۰/۹۳ به‌خود اختصاص دادند و کمترین فراوانی مربوط به آلل k با ۰/۰۲٦ بود که تنها در دو توده از استان‌های قزوین و گلستان مشاهده شد (شکل ۲ و ۳). بیشترین تنوع ژنتیکی کل مربوط به آلل‌های c و d برابر ۰/۵ و کمترین تنوع ژنتیکی کل برابر ۰/۰۵ و مربوط به آلل k بود. بیشترین شاخص شانون نیز مربوط به دو آلل c و d برابر ۰/۷ درصد و کمترین شاخص شانون برای آلل k برابر ۰/۱ درصد بود. بالاترین میزان تمایز جمعیت‌ها مربوط به آلل‌های a و b برابر ۰/٤ بود و بیشترین جریان ژنی مربوط به آلل i با مقدار ٤/۰۵ بود (جدول ۲). در مطالعه‌ای بر روی ۷۷ رقم گندم *Triticum aestivum* که با روش SDS-PAGE در پاکستان انجام شد، هشت آلل مشاهده شد و میانگین تمایز جمعیت‌ها، تنوع درون جمعیتی و تنوع کل به‌ترتیب برابر ۰/۷۳، ۰/۱ و ۰/۳۹ بود (Masood et al. 2004). در مطالعه‌ای دیگر بررسی بر روی ۱۱۱ رقم زراعی گندم نان به‌وسیله سدیم دودسیل سولفات انجام شد.



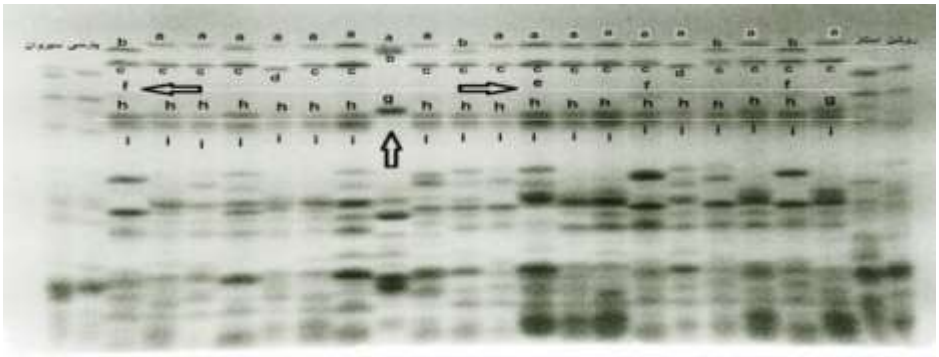
شکل ۱- الکتروفورگرام تعدادی از توده‌های مورد مطالعه برای باندهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا به‌همراه چهار رقم شاهد روشن، استار، پارسی و سیروان



شکل ۲- شناسایی باند k بر روی ژل SDS-PAGE

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]



شکل ۳- شناسایی باندهای e، f و g بر روی ژل SDS-PAGE

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی درون جمعیتی بین آلل‌های شناسایی‌شده

پارامتر	باند										
	a	b	c	d	e	f	g	h	i	K	میانگین
Band freq.	۰/۷۲	۰/۳۰	۰/۳۷	۰/۵۸	۰/۱۰	۰/۲۱	۰/۰۸	۰/۹۳	۰/۹۳	۰/۰۲	۰/٤۲
Na تعداد آلل واقعی	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۲
Ne تعداد آلل مؤثر	۱/۷	۱/۷	۱/۹	۱/۹	۱/۲	۱/۵	۱/۲	۱/۱	۱/۱	۱	۱/٤
I شاخص شانون	۰/٦	۰/٦	۰/۷	۰/۷	۰/۳	۰/۵	۰/۳	۰/۲	۰/۲	۰/۱	۰/٤
Ht تنوع کل	۰/٤	۰/٤	۰/۵	۰/۵	۰/۲	۰/۳	۰/۱	۰/۱	۰/۱	۰/۰۵	۰/۳
Hs تنوع درون جمعیتی	۰/۲٦	۰/۲٦	۰/٤۱	۰/٤۱	۰/۱٤	۰/۲۷	۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۱	۰/۰٤	۰/۲۱
Gst تمایز جمعیت‌ها	۰/٤۰	۰/٤۰	۰/۱۱	۰/۱۵	۰/۲۰	۰/۲۰	۰/۲۰	۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۱۳	۰/۲۲
Nm جریان ژنی	۰/۸۲	۰/۷۵	۳/۹	۲/۷	۲/۰۸	۲/۰۹	۲/۰٤	۳/۵٤	٤/۰۵	۳/۲	۱/۷

در این آزمایش ۱٦ آلل مشاهده شد و میانگین تنوع کل، تنوع درون جمعیتی و تمایز جمعیت‌ها به‌ترتیب برابر ۰/۰٤، ۰/۱۹ و ۰/۲۳ بود (Yong et al. 2007). این تحقیق نشان داد میانگین فراوانی باندها در ۱۳ استان مورد مطالعه تقریباً با یکدیگر مساوی و برابر ۰/٤ بود، اما برخی از باندها مانند باند k فقط در دو استان و یا باند g که فقط در پنج استان مشاهده شد. باندهای a، d، h و i در تمام استان‌ها شناسایی شد و فراوانی بین ۰/۲ تا ۱ داشتند. استان‌های قزوین، گلستان و خراسان رضوی، تنها استان‌هایی بودند که از میان ۱۰ آلل شناسایی شده در این آزمایش، ۹ باند و آلل در آن‌ها مشاهده شد (جدول ۳). با توجه به اینکه آلل‌های a، d، h و i جزو زیر واحدهای سنگین پروتئینی محسوب می‌شوند می‌توان از این گونه، در جهت بالا بردن کیفیت ارزش نانوایی گندم نان استفاده کرد. در مواردی خاص بعضی ژن‌های گلوتنین با وزن مولکولی بالای موجود در *Ae. tauschii* تأثیر معنی‌داری در خواص نانوایی گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی داشتند (Tilly et al. 2000). بررسی ترکیبات HMW-GS نشان داده است که تنوع آللی گسترده‌تری در لوکوس Glu-D1 در *Ae. tauschii* وجود دارد به‌طوری که در گندم نان یافت نشده است (Dvorak et al. 1998). بیشترین مقدار تنوع ژنتیکی تصحیح شده مربوط به استان مرکزی برابر ۰/٤ بود و کمترین این مقدار، مربوط به استان کردستان برابر ۰/۱۳ بود.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

شاخص شانون برای استان‌های قزوین، گلستان و مرکزی به‌ترتیب برابر ۰/۴۲، ۰/٤ و ۰/٤۵ درصد و از بقیه بالاتر بود و کمترین میزان شاخص شانون نیز مربوط به استان کردستان بود. استان قزوین بالاترین میزان پلی‌مورفیسمی باندها را با میزان ۹۰ درصد به‌خود اختصاص داد و کمترین درصد پلی‌مورفیک به استان کردستان با مقدار ۲۰ درصد مربوط بود (جدول ٤). در تحقیقی که جهت بررسی تنوع آللی زیرواحدهای گلوتنین بذر با استفاده از الکتروفورز صورت گرفت، تنوع قابل ملاحظه‌ای در الگوی باندهی پروتئین‌های ذخیره‌ای *Ae. triuncialis* مشاهده شد (Masood et al. 2000). در مطالعه‌ای دیگر تنوع پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر برای ۲۳ جمعیت از گیاه *Ae. triuncialis* به‌روش الکتروفورز SDS-PAGE مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج این آزمایش میانگین درصد پلی‌مورفیسم برای تمام توده‌ها را برابر ۷۵/۵ درصد نشان داد که نشان‌دهنده تنوع بالای توده‌ها بود (Ghavi-Bazoo et al. 2011). فقدان برخی زیرواحدها در SDS-PAGE احتمالاً به‌دلیل حذف یا عدم تظاهر ژن‌های کدکننده آن‌ها می‌باشد. برخی نیز دلیل عدم تظاهر این زیرواحدها را جهش خاموش‌کننده (Switch off) ذکر نموده‌اند (Payne et al. 1981). همچنین در این بررسی تعداد ۲۰ الگوی باندی شناسایی شد که بیشترین فراوانی الگوی باندی مربوط به الگوهایی شماره ١٤ و ٦ به‌ترتیب با فراوانی ۲۲/٦ و ۱۷/۳ درصد بود. همچنین الگوهای شماره ١٤ و ٦ هرکدام، در نه استان مشاهده شدند که خود، توجیهی برای فراوانی بالای این دو الگو است. آلل h و i بیشترین فراوانی را در میان الگوها داشتند، به‌طوری‌که از ۲۰ الگوی شناسایی‌شده ١٦ الگو آلل h و ۱۷ الگو آلل i را در خود داشتند. در مقابل، آلل k کمترین فراوانی را در میان الگوها داشت به‌طوری‌که فقط الگوی شماره ۱۷ دارای آلل k بود. بر اساس این تحقیق الگوهای شماره ٤، ۷، ۱۲، ۱۵، ۱۸ و ۲۰ در *Ae. triuncialis* منحصر به‌فرد بودند (جدول ۵).

جدول ۳- فراوانی باندهای شناسایی‌شده در استان‌های مورد مطالعه

استان	باند											میانگین
	a	b	c	d	e	f	g	h	i	k		
آذربایجان غربی	۰/۲	۰/۸	۰/۲	۰/٦	۰/٤	۰/٤	۰	۱	۱	۰		۰/٤٦٤
آذربایجان شرقی	۰/٦٦۷	۰/۳۳۳	۰/۵	۰/۵	۰	۰/۱٦۷	۰	۱	۰/۸۳۳	۰		۰/٤
قزوین	۰/٤۲۹	۰/۵۷۱	۰/۱٤۳	۰/۸۵۷	۰/۱٤۳	۰/۱٤۳	۰	۰/۸۵۷	۰/۸۵۷	۰/۱٤۳		۰/٤۱٤
گیلان	۱	۰	۰/۵	۰/۵	۰	۰/۵	۰	۱	۱	۰		۰/٤۵۰
گلستان	۱	۰	۰/۵	۰/۳۳۳	۰/۱٦۷	۰/۱٦۷	۰/۱٦۷	۰/۸۳۳	۰/۸۳۳	۰/۱٦۷		۰/٤۱۷
خراسان رضوی	۰/۸۳۳	۰/۱٦۷	۰/۳۳۳	۰/٦٦۷	۰/۰۸۳	۰/۲۵۰	۰/۰۸۳	۱	۰/۹۱۷	۰		۰/٤۳۳
خراسان شمالی	۱	۰	۰/٤	۰/٦	۰	۰	۰/٤	۱	۱	۰		۰/٤٤۰
کردستان	۰/۳۳۳	۰/٦٦۷	۰	۱	۰	۰	۰	۱	۱	۰		۰/٤
مرکزی	۰/٦	۰/٦	۰/٦	۰/۲	۰	۰/٦	۰/۲	۰/۸	۰/۸	۰		۰/٤٤۰
مازندران	۱	۰	۰/٤	۰/٦	۰	۰	۰/۲	۰/۸	۱	۰		۰/٤
سمنان	۱	۰	۰/۳۳۳	۰/٦٦۷	۰/۱٦۷	۰/۱٦۷	۰	۱	۱	۰		۰/٤۳۳
تهران	۰/٤	۰/٦	۰/٤	۰/٦	۰	۰/۲	۰	۰/۸	۱	۰		۰/٤
زنجان	۰/٦٦۷	۰/۵	۰/۵	۰/۵	۰/۳۳۳	۰/۱٦۷	۰	۱	۱	۰		۰/٤٦۷

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

جدول ٤- پارامترهای ژنتیکی درون جمعیتی توده‌های *Ae. triuncialis* بین استان‌های مورد مطالعه

استان	پارامتر	تعداد آلل واقعی Na	تعداد آلل مؤثر Ne	تنوع تصحیح‌شده Uh	شاخص شانون I	درصد پلی مورفیسم
تهران	Mean	١/٣	١/٤٦	٠/٣٢	٠/٣٧	٦٠٪
آذربایجان غربی	Mean	١/٤	١/٤١	٠/٣٠	٠/٣٥	٦٠٪
آذربایجان شرقی	Mean	١/٣	١/٤٣	٠/٢٩	٠/٣٥	٦٠٪
قزوین	Mean	١/٨	١/٤١	٠/٣١	٠/٤٢	٩٠٪
گلستان	Mean	١/٧	١/٤١	٠/٣١	٠/٤٠	٨٠٪
گیلان	Mean	٠/٩	١/٣٠	٠/٢٠	٠/٢١	٣٠٪
کردستان	Mean	٠/٧	١/١٦	٠/١٣	٠/١٣	٢٠٪
خراسان شمالی	Mean	٠/٩	١/٢٧	٠/١٨	٠/٢٠	٣٠٪
خراسان رضوی	Mean	١/٧	١/٣٥	٠/٢٥	٠/٣٦	٨٠٪
سمنان	Mean	١/١	١/٠٥	٠/١٧	٠/٢٢	٤٠٪
زنجان	Mean	١/٤	١/٥٠	٠/٣٢	٠/٣٨	٦٠٪
مازندران	Mean	١	١/٢٧	٠/٢٠	٠/٢٣	٤٠٪
مرکزی	Mean	١/٦	١/٥٥	٠/٤٠	٠/٤٥	٨٠٪

جدول ٥- فراوانی الگوها و شناسایی باندهای آن‌ها در بررسی ٧٥ توده *Ae. triuncialis*

باند	الگوها																				
	١	٢	٣	٤	٥	٦	٧	٨	٩	١٠	١١	١٢	١٣	١٤	١٥	١٦	١٧	١٨	١٩	٢٠
a	+	+		+	+	+	+		+		+	+		+	+		+			
b			+					+		+	+		+		+	+			+	+
c	+					+			+	+	+	+	+			+				
d		+	+		+		+	+						+		+	+	+	+	
e									+		+								+	+
f		+	+	+						+										
g					+		+					+			+					
h	+	+	+	+	+	+		+	+	+	+		+	+			+	+	+	+
i		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		+		+	+	+
k																	+			
فراوانی (درصد)	٢/٦	٩/٣	٥/٣	١/٣	٤	١٧/٣	١/٣	٥/٣	٢/٦	٥/٣	٢/٦	١/٣	٥/٣	٢٢/٦	١/٣	٢/٦	٢/٦	١/٣	٤	١/٣

بیشترین تنوع الگوها در توده‌های استان خراسان رضوی با ٨ نوع الگو و بعد از آن در توده‌های استان‌های قزوین و گلستان هرکدام با ٦ نوع الگو وجود داشت.

می‌توان نتیجه گرفت رابطه‌ی مستقیمی میان شاخص شانون، تنوع ژنتیکی و تعداد الگوهای مختلف در هر استان، با درصد پلی مورفیسم وجود دارد به‌طوری‌که هرچقدر این مقادیر بالاتر باشند، درصد چندشکلی آن استان بالاتر خواهد بود و این پارامتر نشان از تنوع بالای آن جمعیت در استان می‌دهد (جدول ٦). فاصله ژنتیکی بر اساس شاخص نی نشان داد که به‌طورکلی بیشترین فاصله ژنتیکی را دو استان گلستان و خراسان شمالی از استان

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

آذربایجان غربی داشتند و بیشترین شباهت بین استان خراسان رضوی و سمنان و همچنین استان خراسان شمالی و مازندران وجود داشت که می‌توان گفت احتمالاً اختلاط بذرها و نزدیکی این مناطق به یکدیگر این شباهت‌ها را به‌وجود آورده است (جدول ۷). دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای استان‌های مبدأ توده‌ها از نقطه نظر ضریب همسانی ژنتیکی در شکل ٤ دیده می‌شود. به این ترتیب، ۱۳ استان مورد تحقیق، به سه گروه تفکیک شدند. به‌طورکلی گروه‌های یک، دو و سه به‌ترتیب ٤۲/٦، ٦/٦ و ۵۰/٦ درصد از توده‌ها را شامل شدند.

جدول ٦- تعداد الگوی متنوع مشاهده‌شده در هر استان و تعداد هر الگوی شناسایی‌شده در تمام استان‌ها

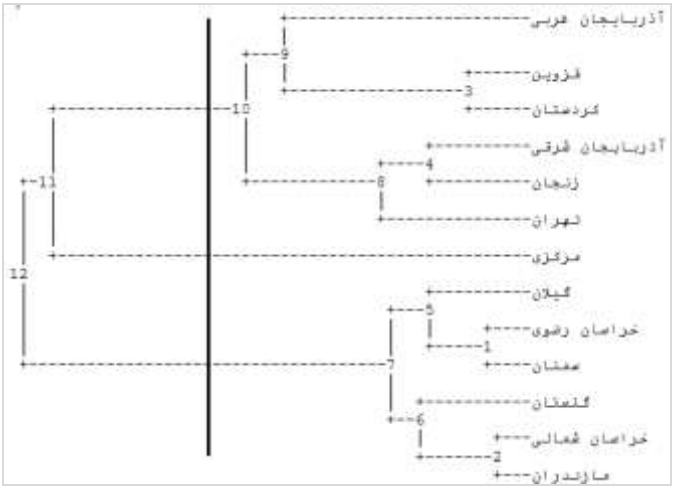
تعداد الگو	الگو																				استان
	۲۰	۱۹	۱۸	۱۷	۱٦	۱۵	۱٤	۱۳	۱۲	۱۱	۱۰	۹	۸	۷	٦	۵	٤	۳	۲	۱	
۵	*	*						*										*	*		آذربایجان غربی
۳								*											*	*	آذربایجان شرقی
٦		*		*	*		*	*										*			قزوین
٤							*				*				*				*		گیلان
٦				*			*		*			*			*		*				گلستان
۸			*				*			*					*	*		*	*	*	خراسان رضوی
۳							*								*	*					خراسان شمالی
۲							*						*								کردستان
٤						*					*				*			*			مرکزی
۳							*							*	*						مازندران
٤							*					*			*				*		سمنان
۵					*			*					*		*				*		تهران
۵		*					*			*	*				*						زنجان
تعداد مشاهده هر الگو در استان‌ها	۱	۳	۱	۲	۲	۱	۹	٤	۱	۲	۳	۲	۲	۱	۹	۲	٤	٤	٤	۲	

جدول ۷- فاصله ژنتیکی توده‌های استان‌ها بر اساس شاخص نی

	آذربایجان غربی	آذربایجان شرقی	قزوین	گیلان	گلستان	خراسان رضوی	خراسان شمالی	کردستان	مرکزی	مازندران	سمنان	تهران	زنجان
آذربایجان غربی	۰												
آذربایجان شرقی	۰/۱۰۸	۰											
قزوین	۰/۰۵۰	۰/۰۵۹	۰										
گیلان	۰/۲۱۲	۰/۰٤٤	۰/۱٤۹	۰									
گلستان	۰/۲۵۰	۰/۰٤۹	۰/۱۵۹	۰/۰۳۳	۰								
خراسان رضوی	۰/۱۳٤	۰/۰۱۸	۰/۰٦۳	۰/۰۲۳	۰/۰۳۷	۰							
خراسان شمالی	۰/۲۵۰	۰/۰۵٦	۰/۱۳۸	۰/۰۵۱	۰/۰۳۲	۰/۰۲۸	۰						
کردستان	۰/۰٦٤	۰/۰۹۳	۰/۰۱۳	۰/۲۰۵	۰/۲۳۲	۰/۰۹۷	۰/۱٦۷	۰					
مرکزی	۰/۱۲۲	۰/۰٦۲	۰/۱٤٦	۰/۰۹۷	۰/۱۱۷	۰/۱۰٦	۰/۱٦۳	۰/۲۰٦	۰				
مازندران	۰/۲٤۰	۰/۰٤۷	۰/۱۲۰	۰/۰٤۲	۰/۰۲۲	۰/۰۲۳	۰/۰۰۹	۰/۱۵۸	۰/۱۵۳	۰			
سمنان	۰/۱۹۰	۰/۰٤۰	۰/۱۰۱	۰/۰۲۳	۰/۰۲۹	۰/۰۰۹	۰/۰۲٦	۰/۱٤۱	۰/۱۵٤	۰/۰۱۷	۰		
تهران	۰/۰٤۹	۰/۰۳۱	۰/۰۲۷	۰/۱۱۳	۰/۱۳۱	۰/۰٦۰	۰/۱۲۵	۰/۰٤۵	۰/۰٦۸	۰/۱۰٤	۰/۱۰۲	۰	
زنجان	۰/۰٦٤	۰/۰۲۲	۰/۰۵۸	۰/۰۷۳	۰/۰۷٤	۰/۰۳۷	۰/۰۸٦	۰/۰۹۳	۰/۰۷۷	۰/۰۷۷	۰/۰۵٤	۰/۰۳٤	۰

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]



شکل ٤- دندروگرام تعیین فاصله بین استان‌ها بر اساس تنوع آللی زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا

یادآور می‌شود که مطالعه رابطه تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی از آن نظر حائز اهمیت است که در صورت وجود چنین رابطه‌ای، استفاده از تنوع می‌تواند به سودمندی برنامه‌های اصلاحی کمک کند و همچنین استراتژی جمع‌آوری و نمونه‌برداری بانک ژن را مشخص نماید. به‌عنوان مثال اگر همبستگی معنی‌داری بین تنوع ژنتیکی یک گونه و ارتفاع برقرار باشد، استراتژی بانک ژن می‌تواند بر جمع‌آوری نمونه از مناطق مختلف الارتفاع استوار گردد. اگرچه گونه *Ae. triuncialis* ژنوم مشترکی با گندم هگزاپلوئید ندارد، اما می‌توان با انجام آزمایش‌های تخمین کیفیت پروتئین آرد همچون آزمون رسوب SDS، اندازه‌گیری حجم رسوب زلنی و میزان گلوتن آرد و همچنین شناسایی دقیق ژن‌های کدکننده‌ی این باندها، کمکی در جهت پیشبرد اهداف اصلاحی گندم نان انجام داد.

سپاسگزاری

بدین‌وسیله از بخش ژنتیک و بانک ژن ملی گیاهی ایران و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج به خاطر در اختیار گذاردن بذر و تجهیزات آزمایشگاهی تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع

Abd-mishani S and Shahnejat-Bushehri AA (1998) Supplemental plant breeding, Vol. II: Plant Biotechnology, Tehran University Press, Tehran, Iran (In Farsi).

Aghaee-Sarbarzeh M, Ferrahi S, Singh H, Singh B, Friebe BS, Gill H and Dhaliwal S (2002) PhI-induced transfer of leaf and stripe rust-resistance genes from Aegilops triuncialis and Ae. geniculata to bread wheat. Euphytica 127: 377-382.

Blackman JA and Payne P (1987) Grain quality".In: F.G.H. Lupton (ed), Wheat breeding. Chapman and Hall, London 455-458.

Brunori A, Galterio G, Zannettino C, Pogna NE (1984) Bread-Making Quality Indices in Triticum aestivum Progenies. Implications in Breeding for Better Bread Wheat. Plant breeding 102: 222-231.

Bushuck, W and Zillman RR (1987) Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature. Canadian Journal of Plant Science 58: 505-515.

Campbell WP, Wrigley CW, Cressey PJ and Slack CR 1987 Statistical correlations between quality attributes and grain-protein composition for 71 hexaploid wheats used as breeding parents. Cereal Chemistry Journal 64: 293-222.

Dvorak J, Luo MC, Yang ZI and Zhang HB (1998) The stracture of Aegilops tauschii genpool and the evalotion of hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics 97: 657-670.

Fufa H, Baenziger PS, Beecher I, Dweikat V, Graybosch RA, Eskridge KM (2005) Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars. Euphytica 145: 133-146.

Fullington JG, cole EW and Kasarda DD (1983) Auantitative SDS-PAGE of total proteins from different wheat varieties, Effects of protem content. Cereal Chemistry Journal 60: 65-70.

Ghavi-Bazoo F, Asghari-Zakaria R, Jahabshak-gadeh-kahriz S (2011) Study of diversity of low molecular weight LMW-GS glutenin subunits in Aegilops triuncialis wild wheat by SDS-PAGE. The First National Conference on Economic Jihad in Agriculture and Natural Resources.

Hoseney, RC (1986) Principles of cereal and technology. Minnesota, USA. 327.

Lawrence GJ, MacRitchie F, Wrigley CW (1988) Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunits controlled by the Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1. Journal of Cereal Science 7: 109-112.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]

Mansur LM, Qualset CD, Kasadra DD, Morris R (1990) Effect of Cheyenne chromosomes on milling and baking quality in chinese spring wheat in relation to glutenin and gliadin storage proteins. Crop Science 30: 593-602.
Masci S, D'Ovidio R, Lafiandra D and Kasarda DD (1998) Characterization of a low- molecular- weight subunits gene from bread wheat and the corresponding protein that represents a major subunit of the glutenin polymer. Plant Physiology 118: 1147-1158.
Masood SM, Asghar M and Anvar R (2004) Genetic diversity in wheat landraces from Pakistan based on polymorphism for HMW subunits. Pakistan Journal of Botany 36: 835-834.
Masood SM, Okuno K, and Anwar R (2000) Inter and intra-specific variation in SDS-PAGE electrophoregrams of total seed protein in wheat, barley, and their wild species. Pakistan Journal of Biological Sciences 12: 2223-2225.
Metakovsky EV, Novoselskaya YA, Kopus MM, Sobko TA and Sozino AA (1984) Blocks of gliadin components in winter wheat detected by one dimensional polyacrylamide gel electrophoresis. Theoretical and Applied Genetics 67: 559-568.
Metakovsky EV (1991) Gliadin allele identification in common wheat. Catalogue if gliadin alleles in common wheat. Genetics and Breeding 45: 325-344.
Mohammadi A, Majidi A, Bihamta MR, Heidari-sharifabad H (2006) Assessment of drought stress on the morphological characteristics of wheat crop. Journal of Research in Agriculture and Horticulture 73: 184-192.
Naghavi MR (2013) Characterization of low-molecular-weight-glutenin subunit genes from the Dgeniome of Triticum aestivum. Aegilops crassa, Ae.cylindrical and Ae.Tauschii. Biochemical Systematics and Ecology 50: 23-29.
Payne PI, Corfield KG, Holt LM and Blackman JA (1981) Correlations between inheritance of certain high molecular weight subunits of glutenin and bread making quality in progenies of six crosses of bread wheat. Journal of The Science of Food and Agriculture 32: 51-60.
Payne PI (1987) Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. Annual Review of Plant Physiology 38: 141-153.
Payne PI and Lawerence GJ (1983) Catalogue of alleles for the complex gene loci Glu A1, Glub1, and Glu-D1 which code for high–molecular- weight subunit of glutenin in hexaploid subunit of glutenin in some Japanese hexaploid wheats. Cereal Science 1: 3-8.
Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A (1996) The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding 2: 225-238.
Romero MD, Montes MJ, Sin E, Lopez-Braña I, Duce A, Martín-Sanchez JA, Andrés MF, Delibes A (1998) A cereal cyst nematode (Heterodera avenae Woll.) resistance gene transferred from Aegilops triuncialis to hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics 96: 1135-1140.
Ruiz M and Carrillo JM (1993) Linkage relationship between prolamin genes on chromosomes 1A and 1B in durum wheat. Theoretical and Applied Genetics 87: 353-360.
Shahnejat Bushehri AA, Gomarian M and Yazdi-Samadi B (2006) The high molecular weight glutenin subunit composition in old and modern bread wheats cultivated in Iran. Australian Journal of Agricultural Research 57: 1109-1114.
Shahnejat Bushehri AA, Salavati A, Yazdi-Samadi B, Hassani ME and Shahnejat Bushehri S (2011) Analysis of monomeric storage proteins "Gliadins" in Iranian bread wheats. Cereal Research Communications 39:100-108.
Shewry PR, Halford NG 2002 Cereal seed storage proteins: Structures, properties and role in grain utilization. Journal of Experimental Botany 53: 947-958.
Silvela L, Ayuso MC (1993) Genetic and environmental contributions to bread wheat flour quality using the SDS sedimentation test as an index. Theoretical and Applied Genetics 86: 889-894.
Tilly M, Bean SR, Seib PA, Sears RG and Lookhart GL (2000) PCR amplifcation and DNA seaquencing of high molecular weight glutenin sununits 43 and 44 from Triticum tauschii accessions TA2450 Zn wheat gluten. Edited by Shewry PR and Tatham AS. The Royal Society of Chemistry, UK 105-108.
Van Slageren MW (1994) Wild wheats: a monograph of Agilops L. and Amblyopyrum (Jaub. and Spach.) Eig.(poaceae). Wageninge Agricultural University, International Certer for Agricultural Research in the Dry Areas, Veenman Drukkers, Wagening 512.
Wall JS (1979) The role of wheat proteins in determining baking quality. in: Lidman DL and RG. Wynjones, (eds.) Recent advances in the biochemistry of cereals. Academic Press, London 275-311.
Yong L, Zhi-Yong X, Yong-Gang H, Shewry R, Guang-Yuan H (2007) Genetic diversity of HMW glutenin subunit in Chinese common wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces from Hubei province. Genetic Resources and Crop Evolution 54: 865-874.
Zhang H, Jiang J, Gale MD and Devose KM (1998) Relationships between the chromosomes of Ae.umbellulata and wheat. Theoretical and Applied Genetics 96: 69-75.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.4.1]