ژنتیک نوین
دوره سوم،شماره۱،بهار ۱۳۸۷
صفحه۳۸-۲۹

بررسی تنوع ژنتیکی نمونه های Aegilops crassa ایران با استفاده از مارکرهای SSR

مجتبی رنجبر [۱] ، محمد رضا نقوی [۱] ، عباسعلی زالی [۱] ، محمد جعفرآقایی [۲]
سید مصطفی پیرسیدی [۳] ، محسن مردی [۳]
۱-به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، دانشیار و استادگروه زراعت و اصلاح نباتات،
۲-استادیار موسسه تحقیقات نهال و بذر، بخش ژنتیک
۳-به ترتیب کارشناس ارشد و استادیار پژو هشکده بیوتکنولوژی کشاورزی، کرج
نویسنده مسئول مکاتبات،پست الکترونیک: ranjbarm57@yahoo.com

چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۷۰ نمونه *Aegilops crassa* ، ۶۳ نمونه تتراپلوئید و۷ نمونه هگزاپلوئید، از ۲۱ جفت توالیهای ساده تکرارِی ریزماهواره استفاده شد که ۲۰ جفت از پرایمرها چند شکلی مناسبی نشان دادند. در مجموع ۱۴۰ آلل برای تمامی لوکوس ها مشخص گردید که در دامنه بین ۲ تا ۱۰ الل و با میانگین۷ الل برای هر لوکوس قرار داشتند. محتوای اطلاعات چند شکلی (PIC)[۱] از ۰/۱۶ برای مکان ژنی Xgwm190، تا ۰/۴۴ برای مکان ژنی Xgwm161 متفاوت بود. همچنین شاخص نشانگر (MI)[۲] از ۰/۶۴ برای مکان ژنیXgwm190 تا ۳/۲ برای مکان ژنی Xgwm642، متفاوت بود. میانگین شباهت ژنتیکی محاسبه شده بر اساس اطلاعات نشانگرهای ریزماهواره برابر ۰/۳۳ بود و از ۰/۰۳۶ (بین دو ژنوتیپ از کردستان و ایلام) تا ۰/۹۲ (بین دو ژنوتیپ از کردستان و آذربایجان غربی) متفاوت بود. روشهای گروه بندی کلاستر و تجزیه به مختصات اصلی[۳] (PCO) نتوانست به طور کامل نمونه های تتراپلوئید و هگزاپلوئید را از هم تفکیک نماید، همچنین هیچگونه ارتباط جغرافیایی و مولکولی بین نمونه های مورد بررسی مشاهده نگردید که نشان دهنده تفاوت ژنتیکی این نمونه ها می باشد. نتایج این تحقیق نشان داد که SSR برای مدیریت منبع ژنتیکی نمونه های *Ae. crassa* مناسب می باشند.

واژه های کلیدی

ریزماهواره ها، *Ae. crassa* ، تنوع ژنتیکی، تجزیه خوشه ای

مقدمه

آژیلوپس ها شامل ۲۱ گونه می باشند که در ۶ زیرجنس طبقه بندی می شوند و بعضی از آنها به علت داشتن ژنوم D و اهمیت آن در کیفیت نان می توانند با واریته های گندم تلاقی داده

[1]. Polymorphic Information Content (PIC)
[2]. Marker Index(MI)
[3] . Principle Coordinate Analysis

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

شوند (۶، ۲۲). گونه های جنس آژیلوپس در شمال غربی و مرکز آسیا و ایران و سرتاسر دریای مدیترانه پراکنده شده اند (۹). مرکز اولیه جنس آژیلوپس طبق بررسی های مختلف (۱۱، ۲۲، ۲۴) در هلال حاصلخیز بوده است، زیرا مقدار زیادی از گونه های آژیلوپس نسبت به مناطق دیگر در این منطقه یافت می شوند. این جنس دارای پتانسیل بالایی در اصلاح گونه های گندم برای مقاومت در مقابل تنشهای زنده و غیر زنده می باشد (۲۵).در ایران نیز تقریبا ۱۷ گونه از آژیلوپس ها شناسایی شده اند، که از جمله آنها می توان به گونه *Ae. crassa* اشاره نمود که دارای دو سیتوتیپ تتراپلوئید و هگزاپلوئید با ژنوم (۲n=۴x=۲۸, DDXX) و (D_2 2n=6x=42, DDXXD) می باشد و عموما از نظر ساختار مورفولوژیکی غیر قابل تفکیک می باشند.

این گونه دارای تنوع مورفولوژیکی بسیار وسیع برای تمامی صفات مشخصه از قبیل اندازه، شکل، ساختمان و رنگ سنبله و سنبلچه، اندازه، شکل و محل اتصال ریشک است (۱۱). همچنین تجزیه جفت شدن کروموزوم‌های میوزی در هیبریدهای بین سیتوتیپ‌های تتراپلوئید و هگزاپلوئید *Ae. crassa* بیانگر آن است که فرم هگزاپلوئید از هیبریداسیون بین فرم تتراپلوئید *Ae. crassa* و *Ae. tauschii* (ژنوم DD) حاصل گردیده است(۴،۲۶). اما در حال حاضر منشا سیتوتیپ تتراپلوئید *Ae. crassa* را نمی‌توان با دقت تعیین کرد. بنظر می‌رسد ژنوم D گونه *Ae. crassa* از ژنوم *Ae. tauschii* مشتق گردیده و سپس در طی گونه‌زایی مشمول تغییرات اساسی گردیده است (۲). پراکنش گونه *Ae. crassa* شامل مناطق ترکیه، لبنان، فلسطین، سوریه، عراق، ایران، افغانستان وجنوب ترکمنستان گزارش گردیده است (۱۱،۲۲) . بررسی تنوع ژنتیکی جنس ها و گونه های مختلف اطلاعات مفیدی را در استفاده از آنها در برنامه های اصلاحی و ردیابی تکامل آنها فراهم آورد. برای بررسی تنوع ژنتیکی می توان از مارکر های مورفولوژیکی، پروتئینی و مارکرهای DNA استفاده نمود. مارکرهای DNA نسبت به مارکر های مورفولوژیکی و پروتئینی کاربردی تر و دارای مزایای بیشتری می باشند. از جمله مارکرهای DNA، مارکرهای ریز ماهواره ها می باشند که به علت دارا بودن خاصیت چند آللی، وراثت هم بارز، فراوانی نسبی و پوشش وسیع ژنومی و همچنین سهولت آشکار سازی و تشخیص کاربرد فراوانی دارند (۲۰،۱۷). تا کنون مطالعات مختلف در بررسی تنوع ژنتیکی بعضی از گونه های آژیلوپس انجام گرفته است، ولی تا کنون هیچگونه تحقیقی در بررسی تنوع ژنتیکی *Ae. crassa* صورت نگرفته است. به عنوان مثال Kochieva و همکاران(۲۰۰۴) تنوع ژنتیکی ۷۴ توده از گونه های *Ae. crassa*، *Ae. juvenalis* ، *Ae. vavilovii*، *Ae. cylindrica* *Ae. tauschii*، را بوسیله مارکر RAPD مورد ارزیابی قرار دادند و بالاترین تنوع داخل گونه ای را در *Ae. tauschii* و کمترین تنوع داخل گونه ای را در گو نه های *Ae. vavilovii* و *Ae.crassa* گزارش نمودند(۸). Lelley و همکاران (۲۰۰۰) به منظور مطالعه فیلوژنی بین *Ae. tauschii* و گندم نان، از هر کدام از این دو گونه ۶۰ نمونه را با استفاده از ۱۴ آغازگر ریزماهواره گندم مور بررسی قرار دادند. آنها بطور متوسط ۶/۵ و ۴ الل را در هر مکان ژنی به ترتیب برای *Ae. tauschii* و گندم شناسایی نمودند (۱۲). Kazutoshi و همکاران (۱۹۹۸) تنوع ژنتیکی بین ۱۱۲ توده از *Ae .taushii* ، *Ae. cylindrica* (ژنوم CCDD)، *Ae. crassa* (ژنو مDDMM)، *Ae. biuncialis* (ژنوم UUMM) و *Ae. trincialis* (ژنوم UUCC) جمع آوری شده از آسیای مرکزی و شمال منطقه قفقاز را بوسیله مارکرRAPD مورد بررسی قرار دادند و در نهایت در این تحقیق ۲۰۲ باند قابل نمره دهی مشاهده نمودند و گونه های آژیلوپس به طورکلی به دوگروه اصلی که یکی شامل گونه های با ژنوم D و دیگری شامل گونه های با ژنوم U تقسیم شدند. (۹). رنجبر وهمکاران (۲۰۰۷) تنوع مورفولوژیکی ۱۲۲ نمونه از *Ae. crassa* بومی ایران را با استفاده از ۱۴ صفت کمی مورد ارزیابی قراردادند و دریافتند که ارتباطی بین تنوع ژنتیکی و منشائ جغرافیایی آنها وجود ندارد (۱۶). همچنین این پژوهشگران با مطالعه سیتوژنتیکی و فلوسیتومتری ۷۰ نمونه*Ae. crassa* بومی ایران ۷ نمونه هگزاپلوئید و ۶۳ نمونه تتراپلوئید را شناسایی کردند (۱). اگرچه یک پراکنش وسیعی از آژیلوپس کراسا در ایران

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

گزارش شده است (۶) اما اطلاعات کمی درباره این گونه در ایران وجود دارد. هدف از این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی نمونه های *Ae. crassa* جمع آوری شده از تعدادی از مناطق ایران با استفاده از نشانگر مولکولی ریزماهواره می باشد.

مواد و روشها

مواد گیاهی

در این تحقیق از ۷۰ نمونه *Ae. crassa* که از ۱۵ استان شامل همدان، ایلام، زنجان، آذربایجان غربی، قزوین، فارس، چهارمحال وبختیاری، کرمانشاه، خراسان رضوی، لرستان، آذربایجان شرقی، خراسان شمالی، مرکزی، کردستان و خوزستان که توسط بانک ژن گیاهی ملی ایران، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذرکرج جمع آوری شده بود، استفاده گردید (جدول ۱) (شکل۱) . بر اساس مطالعه سیتوژنتیکی انجام شده قبلا مشخص شده بود که ۶۳ نمونه تتراپلوئید و۷ نمونه هگزاپلوئید می باشند (۱).

تجزیه مولکولی

تعداد ۲۱ جفت نشانگر ریزماهواره در این بررسی استفاده شد که جداسازی این مارکرهای SSR قبلا به وسیله Roder وهمکاران (۱۷) شرح داده شده است. استخراج DNA از نمونه های برگی و با استفاده از روش سقایی معروف و همکاران (۱۹) با اندکی تغییر انجام گرفت. واکنش زنجیره ای پلیمراز در حجم ۱۵ میکرولیتر شامل۲ میکرولیتر DNA ژنومی(غلظت ۶۰-۵۰ نانوگرم)، ۱/۵ میکرولیتر بافر 10X، ۱ میکرولیتر 1mM dNTPs ، ۱ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای رو به جلو[1] و رو به عقب[2] (غلظت ۱۰ پیکومول) ، ۰/۵ واحد آنزیم Taqپلی مراز، ۱/۲ میکرولیتر از کلریدمنیزیم ۱۵ میلی مولار و در نهایت با ۷/۲ میکرولیتر آب دوبار تقطیر انجام شد. چرخه حرارتی شامل یک مرحله واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه به مدت ۵ دقیقه، ۳۷ سیکل حرارتی که ۱۲ چرخه اول سیکل حرارتی به صورت Touch Down برنامه ریزی شده بود، به این صورت که دمای اتصال آغازگر به رشته الگو۱۰ درجه سانتیگراد بالاتر از دمای اتصال واقعی در نظر گرفته شد و در هر چرخه دور اول با کاهش ۰/۸ دما، به دمای اتصال واقعی رسید. در ۲۵ چرخه بعد دمای اتصال ثابت (بسته به دمای اتصال آغازگر) و با زمان ۳۰ ثانیه انجام شد، در هر چرخه نیز، زمان و دمای واسرشت سازی به ترتیب ۳۰ ثانیه و ۹۴ درجه در نظر گرفته شد. همچنین زمان و دمای بسط رشته نیز به ترتیب ۱ دقیقه و ۷۲ درجه بود. محصولات تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل پلی اکریلامید ۶ درصد واسرشته ساز تفکیک و رنگ آمیزی به روش نیترات نقره (۳) انجام گرفت.

نمردهی بر اساس وجود باند (۱) و عدم وجود باند (۰) صورت گرفت. میزان اطلاعات چندشکل (PIC) با استفاده از فرمول $PIC = 1- \sum_{i=1}^{n} p_i^2$ محاسبه گردید. بطوریکه Pi فراوانی آللi ام و n تعداد آلل ها می‌باشد. همچنین میزان شاخص نشانگر(MI) با استفاده از فرمول $MI = PIC \times \beta$ × Nمحاسبه گردید، بطوریکه N تعداد کل باند و β نسبت تعداد باند چند شکل به تعداد کل باند می باشد. سپس به کمک نرم افزار NTSYSpc 2.02 ماتریس تشابه با استفاده از روش دایس[3] تهیه و سپس دندروگرام با الگوریتم PGMA [4] ترسیم گردید. همچنین با استفاده از روش تجزیه به مختصات اصلی (PCO) گروه بندی نمونه ها در یک پلات دو بعدی بررسی شد.

[1]. Forward
[2]. Reverse

[3]. Dice
[4]. Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average

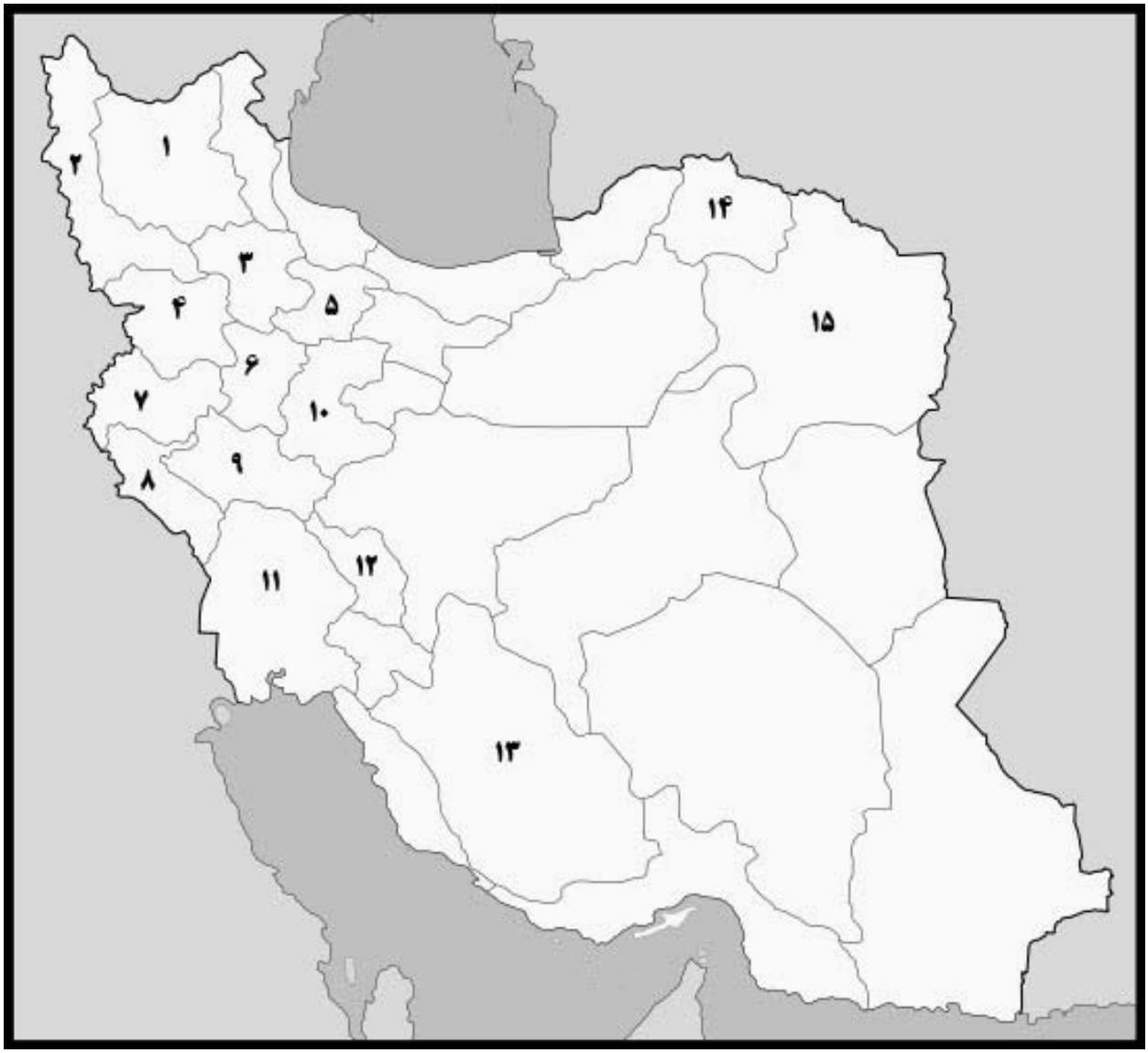
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

جدول ۱- اطلاعات محل جمع آوری و سطح پلوئیدی نمونه هایِ *Ae. crassa* مورد مطالعه

نام شهر	استان	سطح پلوئیدی	شماره	نام شهر	استان	سطح پلوئیدی	شماره
سقز	آذربایجان غربی	٤X	٣٦	همدان	همدان	٤X	١
بجنورد	خراسان شمالی	٤X	٣٧	دهلران	ایلام	٤X	٢
اسلام اباد غرب	کرمانشاه	٦X	٣٨	ارومیه	آذربایجان غربی	٤X	٣
شیروان	ایلام	٦X	٣٩	خدابنده	زنجان	٤X	٤
شیروان	ایلام	٤X	٤٠	ارومیه	آذربایجان غربی	٤X	٥
شیروان	ایلام	٤X	٤١	میاندواب	آذربایجان غربی	٤X	٦
جهرم	فارس	٤X	٤٢	قزوین	قزوین	٤X	٧
کرمانشاه	کرمانشاه	٤X	٤٣	شیراز	فارس	٤X	٨
مهاباد	آذربایجان غربی	٤X	٤٤	دهلران	ایلام	٤X	٩
میاندواب	آذربایجان غربی	٤X	٤٥	شیراز	فارس	٤X	١٠
ماه نشان	زنجان	٤X	٤٦	لردگان	چهارمهال	٤X	١١
کرمانشاه	کرمانشاه	٤X	٤٧	پاوه	کرمانشاه	٤X	١٢
کرمانشاه	کرمانشاه	٤X	٤٨	ارومیه	آذربایجان غربی	٤X	١٣
قزوین	قزوین	٤X	٤٩	مشهد	خراسان رضوی	٦X	١٤
سقز	کردستان	٤X	٥٠	ممسنی	فارس	٤X	١٥
مهاباد	آذربایجان غربی	٤X	٥١	درود	لرستان	٤X	١٦
شبستر	آذربایجان شرقی	٤X	٥٢	سلماس	آذربایجان غربی	٤X	١٧
دهلران	ایلام	٤ X	٥٣	شیروان	ایلام	٤X	١٨
مشهد	خراسان رضوی	٦X	٥٤	قزوین	قزوین	٤X	١٩
ارومیه	آذربایجان غربی	٤X	٥٥	سقز	کردستان	٤X	٢٠
اشتیاق	مرکزی	٤X	٥٦	اردل	چهارمهال	٤X	٢١
ممسنی	فارس	٤X	٥٧	مهران	ایلام	٤X	٢٢
بجنورد	خراسان شمالی	٤X	٥٨	نقده	آذربایجان غربی	٤X	٢٣
-	کرمانشاه	٤X	٥٩	دهلران	ایلام	٤X	٢٤
مشهد	خراسان رضوی	٦X	٦٠	شوش	خوزستان	٤X	٢٥
تفرش	مرکزی	٤X	٦١	زنجان	زنجان	٤X	٢٦
بجنورد	خراسان شمالی	٤X	٦٢	خدابنده	زنجان	٤X	٢٧
مهاباد	آذربایجان غربی	٤X	٦٣	بیجار	کردستان	٤X	٢٨
مشهد	خراسان رضوی	٦X	٦٤	مشهد	خراسان رضوی	٦X	٢٩
سنندج	کردستان	٤X	٦٥	همدان	همدان	٤X	٣٠
کرمانشاه	کرمانشاه	٤X	٦٦	سنقر	کرمانشاه	٤X	٣١
خرم اباد	لرستان	٤X	٦٧	کرمانشاه	کرمانشاه	٤X	٣٢
نامشخص	نامشخص	٤X	٦٨	سیاح	فارس	٤X	٣٣
نامشخص	نامشخص	٤X	٦٩	اسلام ابادغرب	کرمانشاه	٤X	٣٤
-	آذربایجان غربی	٤X	٧٠	همدان	همدان	٤X	٣٥

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]



شکل۱-پراکنش *Aegilops crassa* مورد بررسی در ایران

۱-آذربایجان شرقی ۲- آذربایجان غربی ۳-زنجان ۴-کردستان ۵- قزوین ۶-همدان ۷-کرمانشاه ۸-ایلام

۹-لرستان ۱۰-مرکزی ۱۱-خوزستان ۱۲-چهارمهال وبختیاری ۱۳- فارس ۱۴- خراسان شمالی ۱۵-خراسان رضوی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

نتایج و بحث

از میان ۲۱ جفت نشانگر ریزماهواره مورد استفاده، تعداد ۲۰ جفت نشانگر چند شکلی نشان داده اند و امتیازدهی شدند. از این تعداد جفت نشانگر چند شکل، در مجموع ۱۴۰ آلل چند شکل حاصل شده است، بطوریکه تعداد آلل برای هر آغازگر از ۲ تا ۱۰ و با میانگین تعداد آلل ۷ برای هر آغازگر مشاهده شد (جدول ۲). بیشترین تعداد آلل ها مربوط به آغازگرهایGWM484، GWM106 ، GWM33 با ۱۰ آلل چندشکل و کمترین آنها مربوط به آغازگر GWM161 با ۲ آلل چندشکل بود. در شکل(۲) الگوی باندی تعدادی از نمونه های مورد بررسی را در جفت نشانگر Xgwm469 نشان داده شده است. از آنجائیکه میانگین تعداد آلل هر نشانگر ریزماهواره، مناسب بودن هر مکان ژنی را برای تخمین تنوع ژنتیکی نشان می دهد (۱۷)، بنابراین آغازگرهایی که تعداد آلل زیادی نشان داده اند برای بررسی تنوع ژنتیکی مناسب تشخیص داده می شوند. همچنین تعداد زیاد آلل مشاهده شده بیانگر تنوع بالای نمونه های *Ae. crassa* بومی ایران نسبت به تحقیقات قبلی*Ae. crassa* کشورهای دیگر می باشد(۸). البته این تعداد آلل نسبت به آلل های دیگر گونه های آژیلوپس در برخی موارد کمتر می باشد. بطوریکه میانگین تعداد آلل مشاهده شده در این تحقیق نسبت به میانگین تعداد آلل مشاهده شده در تحقیق قبلی روی گونه *Ae. tauschii* کمتر می باشد (۱۵). با استفاده از فراوانی آللی، آماره PIC وMI برای هر نشانگر، به طور جداگانه محاسبه گردید که نتایج در جدول ۲ آمده است. نشانگرGWM161 بیشترین مقدار PIC (۰/۴۴) و نشانگرGWM642 بابیشترینMI (۳/۲) و نشانگر 190 GWM کمترینPIC (۰/۱۶) و MI (۰/۶۴) را نشان دادند. تفاوت MI نسبت به PIC این است که در MI تعداد کل باند ها در نظر گرفته می شود ولی در PIC تعداد باندهای چندشکل در نظر گرفته می شود. بنابراین با توجه به نتایج بدست آمده، می توان گفت که نشانگرGWM161 با بیشترین PIC توانسته است بهتر از بقیه نشانگرهای استفاده شده، فاصله ژنتیکی نمونه ها را مشخص کند. بنابراین می تواند به عنوان نشانگری که در تشخیص تنوع ژنتیکی کمک کند مورد استفاده قرار گیرد.

شباهت ژنتیکی محاسبه شده بر اساس اطلاعات نشانگرهای ریزماهواره از۰/۰۳۶ (بین دو ژنوتیپ از کردستان و ایلام) تا ۰/۹۲ (بین دو ژنوتیپ از کردستان و آذربایجان غربی) متفاوت بود. میانگین شباهت ژنتیکی نیز ۰/۳۳۸بدست آمد. این مقدار تشابه تا حدی زیادی با مطالعات دیگر آژیلوپس ها بر اساس مارکر های مولکولی همخوانی داشت (۱۵،۱۸).

با استفاده از تشابه بدست آمده بین نمونه ها گروهبندی آنها با استفاده از الگوریتم UPGMA انجام گرفت. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر (شکل ۳) نمونه ها را در ۴ گروه عمده تقسیم بندی نمود. بطوریکه در گروه اول ۲۶ نمونه (۲۴ نمونه تترا و ۱ نمونه هگزاپلوئید)، در گروه دوم ۲۱ نمونه (۱۹ نمونه تترا و ۲ نمونه هگزاپلوئید)، در گروه سوم یک نمونه (هگزاپلوئید) و در گروه چهارم ۲۲ نمونه (۱۹ نمونه تترا و ۳ نمونه هگزاپلوئید) قرار داشتند. نتایج گروهبندی تجزیه کلاستر تا حد زیادی عدم ارتباط بین تنوع مولکولی و تنوع جغرافیایی را نشان می دهد. بطوریکه نمونه های جمع آوری شده در یک استان یا شهر در بسیاری از موارد در گروهها یا زیر گروههای جداگانه قرار گرفته اند که بیانگر تفاوت ژنتیکی بالای این نمونه ها می‌باشد. از طرف دیگر بسیاری از نمونه هایی که در یک گروه قرار گرفته بودند از مناطق جغرافیایی متفاوت بودند که این مورد می تواند به دلیل تشابه شرایط میکروکلیمایی و یا تبادل فیزیکی مواد بین این مناطق باشد.

آنالیزهای UPGMA (شکل ۳) وPCO (شکل ۴) تا حد زیادی با همدیگر همخوانی داشتند و نشان دادند که تنوع خوبی بین نمونه های *Ae. crassa* بومی ایران وجود دارد. پراکنش نمونه ها در دو بعد تجزیه به مختصات اصلی در مجموع ۲۲/۵ درصد تغییرات را توجیه نمود که ۱۴/۵ درصد توسط بعد اول و ۸ درصد توسط بعد دوم توجیه می گردید (شکل ۴). این دو تجزیه نتوانست به خوبی نمونه های

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

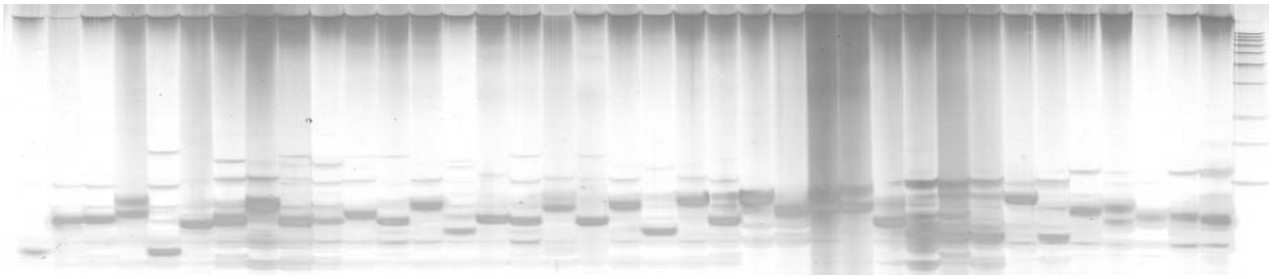
تتراپلوئید و هگزاپلوئید را از هم تفکیک کنند. دلیل عدم تفکیک دو سطح پلوئیدی را می توان به محدود شدن آغازگر های استفاده شده به ژنوم DD مشترک بین دو سطح پلوئیدی(۷، ۱۰) و یا تبادل بخش های کوچکی از زنوم های مشترک بین دو سطح پلوئیدی نسبت داد.

در مجموع نتایج این تحقیق نشان داد که نمونه های مورد بررسی از تنوع بسیار بالایی برخوردار می باشند و بنابراین از مارکر های SSR می توان برای مدیریت منبع ژنتیکی نمونه های *Ae. crassa* بومی ایران استفاده نمود همچنین نتایج این تحقیق اطلاعات مفیدی را برای استفاده از این منابع ژنتیکی در جهت انتقال ژنهای مفید به گندم های زراعی در اختیار اصلاح کنندگان قرار می دهد. چنانکه اهمیت مطالعه این گونه در انتقال ژنهای مقاوم به خشکی به گندم نان مشخص شده است، همچنین نرعقیمی سیتوپلاسمی در هیبرید بین برخی جمعیتهای *Ae. crassa* و گندم هگزاپلوئید مشاهده گردیده است و استفاده از سیتوپلاسم این گونه در تولید بذر هیبرید گندم پیشنهاد شده است (۱۴،۲۱).

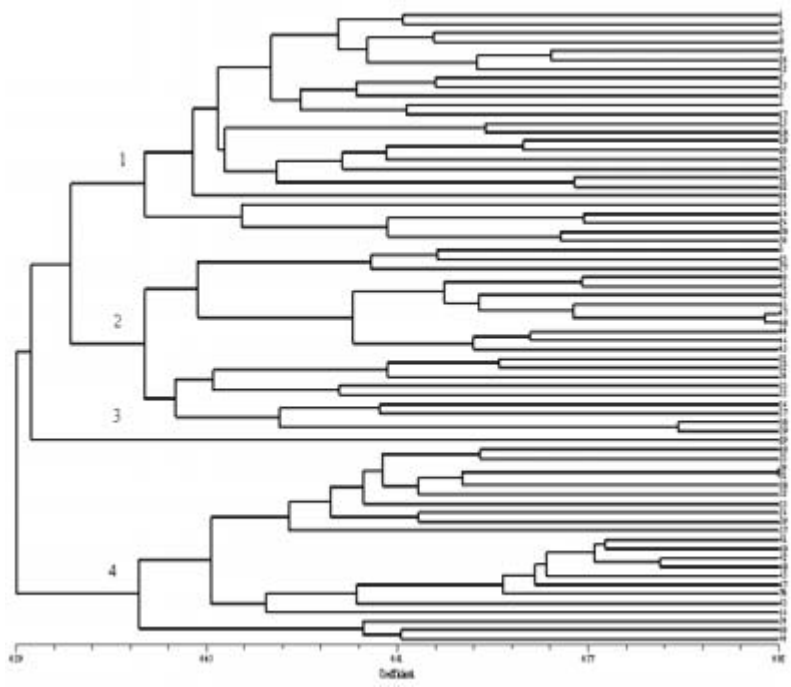
جدول ۲- مشخصات پرایمر های مورد استفاده به همراه میزان اطلاعات چند شکلی (PIC) و شاخص نشانگر (MI) آنها

کد	مکان ژنی	توالی نشانگر 3' → 5'	موتیف	دمای اتصال	تعداد الل	PIC	MI
۱	Xgwm33-1D	RF:CAC TGC ACA CCT AAC TAC G C LF:GGA GTC ACA CTT GTT TGT GCA	(GA)۱۹	٦۰	۱۰	۰/۲	۲/۰۲
۲	Xgwm44-7D	RF:ACT GGC ATC CAC TGA GCT G LF:GTT GAG CTT TTC AGT TCG GC	(GA)۲۸	٦۰	٥	۰/۲٦	۱/۳
۳	Xgwm55-6D	RF:TCA TGG ATG CAT CAC ATC CT LF:GCA TCT GGT ACA CTA GCT GCC	TC)۳(T)۳(CT)۱۷	٦۰	۷	۰/۳٥	۲/۴٥
٤	Xgwm102-2D	RF:TGT TGG TGG CTT GAC TAT TG LF:TCT CCC ATC CAA CGC CTC	(CT)۱٥	٦۰	۸	۰/۲٦	۲/۰۸
٥	Xgwm106-1D	RF:AAT AAG GAC ACA ATT GGG ATG G LF:CTG TTC TTG CGT GGC ATT AA	(GA)۲۴	٦۰	۱۰	۰/۲٥	۲/٥
٦	Xgwm161-3D	RF:TGT GAA TTA CTT GGA CGT GG LF:GAT CGA GTG ATG GCA GAT GG	(CT)۱٥	٦۰	۲	۰/٤٤	۰/۸۸
۷	Xgwm190-5D	RF:GTG CCA CGT GGT ACC TTT G LF:GTG CTT GCT GAG CTA TGA GTC	(CT)۲۲	٦۰	٤	۰/۱٦	۰/٦٤
۸	Xgwm194-4D	RF:CGA CGC AGA ACT TAA ACA AG LF:GAT CTG CTC TAC TCT CCT CC	(CT)۳۲imp	٥۰	۷	۰/۲۹	۲/۰۳
۹	Xgwm271-5D	RF:AGC TGC TAG CTT TTG GGA CA LF:CAA GAT CGT GGA GCC AGC	(CT)٤imp(GA)۱۰	٦۰	5	۰/۲٦	۱/۳
۱۰	Xgwm292-5D	RF:CCA CCG AGC CGA TAA TGT AC LF:TCA CCG TGG TCA CCG AC	(CT)۳۸	٦۰	9	۰/۲٤	۲/۱٦
۱۱	Xgwm295-7D	RF:GAC GGC TGC GAC GTA GAG LF:GTG AAG CAG ACC CAC AAC AC	(GA)۲٥	٦۰	۸	۰/۳٦	۲/۸۸
۱۲	Xgwm325-6D	RF:TTT TTA CGC GTC AAC GAC G LF:TTT CTT CTG TCG TTC TCT TCC C	(CT)۱٦	٦۰	۷	۰/۳۱	۲/۱۷
۱۳	Xgwm341-3D	RF:CCG ACA TCT CAT GGA TCC AC LF:TTC AGT GGT AGC GGT CGA G	(CT)۲٦	٥٥	۸	۰/۲۸	۲/۲٤
۱٤	Xgwm350-7D	RF:GCA TGG ATA GGA CGC CC LF:ACC TCA TCC ACA TGT TCT ACG	(GT)۱٤	٥٥	٦	۰/۳	۱/۸
۱٥	Xgwm383-3D	RF:GAC ATC AAT AAC CGT GGA TGG LF:ACG CCA GTT GAT CCG TAA AC	(GT)۲۷	٦۰	۷	۰/۲۳	۱/٦۱
۱٦	Xgwm458-1D	RF:TTC GCA ATG TTG ATT TGG C LF:AAT GGC AAT TGG AAG ACA TAG C	(CA)۱۳	٦۰	۳	۰/۲۸	۰/۸٤
۱۷	Xgwm469-6D	RF:CGA TAA CCA CTC ATC CAC ACC LF:CAA CTC AGT GCT CAC ACA ACG	(CT)۱۹(CA)۱۰	٦۰	۸	۰/۳	۲/٤
۱۸	Xgwm484-2D	RF:AGT TCC GGT CAT GGC TAG G LF:ACA TCG CTC TTC ACA AAC CC	(CT)۲۹	٥٥	۱۰	۰/۲۱	۲/۱
۱۹	Xgwm539-2D	RF:GAG GCT TGT GCC CTC TGT AG LF:CTG CTC TAA GAT TCA TGC AAC C	(GA)۲۷	٦۰	۸	۰/۳۱	۲/٤۸
۲۰	Xgwm642-1D	RF:CAT GAA AGG CAA GTT CGT CA LF:ACG GCG AGA AGG TGC TC	(GT)۱٤	٦۰	۸	۰/٤	۳/۲

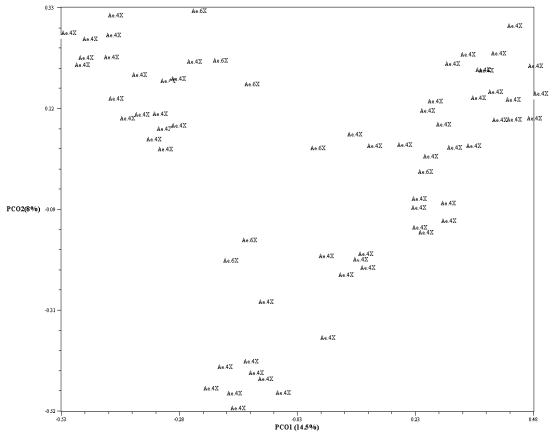
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]



شکل۲- الگوی باندی تعدادی از نمونه های مورد بررسی در جفت نشانگر Xgwm469. چاهک اول از سمت راست بیانگر سایز مارکر می باشد.



شکل۳- گروهبندی نمونه های مختلف *Ae.crass*a با استفاده از روش دایس و الگوریتم UPGMA . شماره اعداد در سمت راست دندروگرام معادل نمونه های مشخص شده در جدول ۱ می باشند.



شکل ۴- نحوه پراکنش سطوح پلوئیدی مختلف *Ae. crassa* ایران در پلات دو بعدی تجزیه به مختصات اصلی (PCO)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

منابع

۱- رنجبر م، نقوی م، زالی ع، آقایی م، و ظریفی ع (۱۳۸۶) مطالعه سیتوتیپ های آژیلوپس کراسای بومی ایران، دومین همایش ملی زیست شناسی سلولی و مولکولی

2-Badaeva E D, Amosova A V, Muravenko O V, Samatadze T E, Chikida N N, Zelenin A V, Friebe B, Gill B S (2002) Genome differentiation in *Aegilops*. 3. Evolution of the D-genome cluster, plant Syst. Evol. 231: 163-190.

3-Bassam B,. Caetano-Anolles J G, Gressho P M (1991) Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Anal. Biochem. 19: 680-683.

4-Dubkovsky J, Dvorak J (1995) Genome origin of *Triticum cylindricum*, *Triticum triunciale*, and *Triticum ventricosum* (Poaceae) inferred from variation in repeated nucleotide sequences: A methodological study. Amer. J. Bot. 81: 1327-1335.

5-Dudnikov A, Kawahara T (2006) *Aegilops tauschii*: genetic variation in Iran. Genetic Resources and Crop Evolution 53: 579-86.

6-Eig A (1929) Monographisch-Kritische Uebersicht der Gattung Aegilops. Report .spec.nov.reg.veg. Beih.55:1-228.

7-Fribe B, Badaeva ED, Zoshchuk SA, Gill BS (1998) Molecular cytogenetic analysis of tetraploid and hexaploid *Aegilops crassa*. Chromosome Research 6: 629-637.

8- Goryunova SV, Kochieva EZ, Chikida NN, Pukhalskyi VA (2004) Phylogenetic relationships and intraspecific variation of D-genome Aegilops L. as revealed by RAPD analysis. Russian Journal of Genetics 5: 515-523.

9-Kazutoshi O, Kaoru E, Bayarsukh N, Hisashi Y (1998) Genetic diversity of central Asian and north Caucasian Aegilops species as revealed by RAPD markers. Genetic Resources and Crop Evolution 4: 389-394.

10-Kihara H, Yamashita KY Manaka, Sakamoto S (1958) Geographical distribution of 4x and 6x froms of *Aegilops crassa*. Wheat Information Service 5:11-12.

11-Kimber G & Feldman M (1987) Wild wheat, an introduction. College of Agriculture University of Missouri, Columbia. 142 pp.

12-Lelley T, Stachel M, Grausgruber, H, Vollmann J (2000) Analysis of relationships between *Aegilops tauschii* and the D genome of wheat utilizing microsatellites, Genome 43: 661–668.

13-Lubbers EL, Gill KS, Cox TS, Gill BS (1991) Variation of molecular markers among geographically diverse accessions of *Ae. tauschii* genome. 34:345-361.

14-Murai K, Tsunewaki K (1993) Photoperiod-sensitive cytoplasmic male sterility in wheat with *Ae. crassa* cytoplasm. Euphytica 67: 41-48.

15-Naghavi MR, Mardi M, Pirseyedi SM, Kazemi M, Potki P, Ghaffari MR (2007) Comparison of genetic variation among accessions of *Aegilops tauschii* using AFLP and SSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 54: 237-240

16-Ranjbar M, Naghavi MR, Zali A, Aghaei MJ (2007) Multivariate analysis of morphological in accessions of *Ae. crassa* from Iran, Journal of Biological sciences 10(7): 1126-1129

17-Roder MS, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier MH, Gamal MW (1998) A microsatellite map of wheat. Genetics 149: 2007-2023.

18-Saeidi H, Rahiminejad MR, Vallian S, Harrison JS (2006) Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss. In Iran measured using microsatellites. Genetic Resources and Crop Evolution. 53: 1-

18-Saeidi H, Rahiminejad MR, Vallian S, Harrison JS (2006) Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss. In Iran measured using microsatellites. Genetic Resources and Crop Evolution. 53: 1-8

19-Saghai-Maroof MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allad RW (1984) DNA spacerlength polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 81: 8014-8018.

20-Thiel T, Michalek W, Varshney R K, Graner A (2003) Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare L.*). Theor. Appl. Genet., Vol. (106). Pp:411-422.

21-Valkoun J, Amri A, Konopka J, Street K, De Pau E (2006) Collection and conservation of genetic resources for dryland farming systems 13th Australian Agronomy Conference 10-15.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]

22-Van Slageren MW (1994) Wild wheats: a monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (jaub. and Spach) Eig (poaceae). Wageningen Agricultural University. Wageningen, the Netherland, pp: 94-107.
23-Waines J G, Hegde S G, Valkoun J (2002) Genetic Diversity in Wild and Weedy *Aegilops, Amblyopyrum*, and *Secale* SpeciesA Preliminary Survey *Crop Science* 42:608-614.
24-Witcombe J R (1983) A Guide to the Species of *Aegilops* L. Their Taxonomy, Morphology and Distribution. Rome: IBPGR Secretariat.
25-Zaharieva M, Dimov A, Stankova P, David J, Monneveux P (2003) Morphological diversity and potential interest for wheat improvement of three Aegilops L species from Bulgaria. Genetic Resources and Crop Evolution 50:507-517
26- Zhao Y H, Kimber G (1984) New hybrids with D-genome wheat relatives. Genetics 106:509-515.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.1.2.9]