ژنتیک نوین
دوره سوم ، شماره۲ ، تابستان ۱۳۸۷
صفحه۳۵-۲۹

تجزیه ارتباطی بین صفات زراعی مهم و نشانگرهای رتروترانسپوزونی SSAP در نمونه های گندم دوروم

سجاد رشیدی منفرد[۱] ، محسن مردی[۲] ، عبدالهادی حسین زاده[۱]، محمد رضا نقوی[۱]
۱- دانشگاه تهران ، دانشکده کشاورزی ، گروه زراعت و اصلاح نباتات،کرج
۲- پژوهشکده تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی ، بخش ژنومیکس،کرج
*نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیک : rashidimf@ut.ac.ir

چکیده

ارتباط بین صفات زراعی و نشانگرهای ملکولی با استفاده از ۶ صفت زراعی و ۷۴ نشانگر ملکولی حاصل از ۱۰ جفت آغازگرSSAP روی ۸۷ ژنوتیپ بومی و ۲۱ رقم زراعی گندم دوروم مطالعه شد. *PIC بین ۰/۱۸ (Tagermina\M+ACA) تا ۰/۴۱ (Thv19\M+ACA) وMI بین ۰/۵۵ (Tagermina* M+ACA) تا ۳/۷ (*Thv19*\M+ACA) *متغیر بود*. با استفاده از روش رگرسیون چندگانه (گام به گام) ارتباط بین هر کدام از ۶ صفت زراعی و ۷۴ نشانگر چند شکل مورد بررسی قرار گرفت که در نهایت ۳۲ نشانگر SSAP رابطه معنی داری با حداقل یکی از ۶ صفت زراعی داشتند که می‌توان از آنها در اصلاح وابسته به نشانگر بهره گرفت.

واژه های کلیدی
گندم دوروم ،
تجزیه ارتباطی،
رگرسیون،
SSAP

مقدمه

درطی دودهه اخیر نشانگرهای ملکولی مبتنی بر DNA بطور گسترده‌ای برای اهداف مختلف هم در گیاهان و هم در حیوانات مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۷). رتروترانسپوزون‌ها عناصر اصلی متحرک در ژنوم گیاهان هستند واز طریق یک RNA حد واسط در ژنوم جابجا می‌شوند(۵). بخاطر گستردگی و فراوانی آنها در ژنوم‌های گیاهی می‌توان از آنها به عنوان نشانگرهای ملکولی استفاده کرد، که دارای چندشکلی بسیار بالای می‌باشند و آغازگرها را براساس نواحی تکراری بلند انتهای (Long Terminal Repeat) آنها طراحی نمود (۳و۱۱). چندین نوع نشانگر ملکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها وجود دارد و یکی ازآنها که بیشترین کاربرد را دارد نشانگر ملکولی SSAP می‌باشد که توسط واف وهمکاران (۱۹۹۷) معرفی شد(۱۵) .

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

با کمک تجزیه ارتباطی مبتنی بر لینکاژ در گندم تعداد زیادی ژن برای صفات زراعی متفاوت (از جمله صفات کیفی، مقاومت به استرس‌های زنده و غیرزنده و غیره) ردیابی شده‌اند(۸ ،۱۴و۶). در دسترس بودن نشانگرها رتروترانسپوزونی درگندم دوروم ما را بر آن داشت که تجزیه ارتباطی بین این نشانگرها و صفات مورفولوژیکی را مورد مطالعه قرار دهیم. مزیت نشانگر SSAP نسبت به نشانگرهای دیگر جهت یافتن نشانگر های آگاهی بخش حضور فراوان این عناصر در نواحی یوکروماتینی ژنوم یعنی مکانی که اکثر ژنهای کد کننده صفات زراعی قرار دارند، می‌باشد. هر رتروترانسپوزون دارای دو توالی LTR در اطراف خود می‌باشد و در هر LTR یک پروموتور وجود دارد(۵)، در واقع الحاق رتروترانسپوزونها در اطراف ژن‌ها باعث تغییر در الگوی بیان آنها می‌شود(که این علت حضور فراوانشان در نواحی یوکروماتینی می باشد). بدلیل اینکه هر رتروترانسپوزون بصورت کپی‌های فراوان در ژنوم وجود دارد ممکن است یک توالی رتروترانسپوزون در اطراف چندین صفت زراعی وجود داشته باشد که این خصوصیت آنها همسانه سازی و جداسازی ژن‌های مورد نظر را آسان می‌نماید. اکثر مطالعات تجزیه ارتباطی مبتنی بر لینکاژ، ردیابی ژن‌های مختلف مرتبط با صفات زراعی را مقدور کرده ولی اغلب به دلیل فاصله زیاد بین نشانگر و صفت زراعی، هم اصلاح با کمک نشانگر و هم جداسازی و کلونینگ ژن مورد نظر را مشکل می‌سازد و هم اینکه از تعداد کمی ژنوتیپ به عنوان والد برای نقشه‌یابی جمعیت‌ها استفاده می شود. در سالهای اخیر برای فائق آمدن بر این مشکل از تجزیه ارتباطی بین نشانگرها و صفات زراعی استفاده شده که نه تنها نقشه یابی ژن‌های را با درجه اطمینان بالا ممکن می‌سازد، بلکه شناسایی ژن‌های را که در نقشه یابی مبتنی بر لینکاژ قابل ردیابی نبودند مقدور می‌سازد (۹و۱۴). در سیستم‌های گیاهی مطالعات کمی در مورد تجزیه ارتباطی صورت گرفته است(۲و۱۰). هدف ما از این تحقیق شناسایی نشانگرهای آگاهی بخش(Informative markers) مرتبط با صفات زراعی مورد نظر در ۱۰۸ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از سیستم نشانگری SSAP می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

در این تحقیق۸۷ ژنوتیپ بومی دوروم از نقاط مختلف ایران به همراه ۲۱ رقم متعلق به ۱۰ کشور خارجی که از بانک ژن دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران فراهم شدند، مورد مطالعه قرار گرفتند. مواد گیاهی در مزرعه پژوهشی گروه زراعت و اصلاح نباتات به مدت دو سال(۸۴ و۸۵) در غالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار روی خطوطی به طول ۱ متر کاشت شده و صفات طول بوته، طول خوشه، طول پدانکل، تعداد دانه در خوشه، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن صد دانه بر اساس ۵ نمونه در هر تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. DNA با استفاده از روش دلاپورتا و همکاران (۱۹۹۳) با کمی تغییر جداسازی شد. ۱۰ ترکیب آغازگریSSAP مورد استفاده قرار گرفت (جدول۱).

نشانگرهای رتروترانسپوزون مورد استفاده

نشانگر های رتروترانسپوزونی بکار گرفته شده در این تحقیق از گروه Ty1 –copia شامل

BARE-1 (5- CTAGGGCATAATTCCAACA-3)
Tagermina (5-AGAGGAGGATATCCCAACAT-3)
Thv19(5-GCCCAACCGACCAGGTTGTTACAG-3)
Tar1 (5 – CTCCCAGTTGACCAACAA-3)

بودند.

تجزیه SSAP

مراحل کار بر اساس روش واف و همکاران(۱۹۹۹) بدینصورت انجام شد. ابتدا DNA ژنومی استخراج شد و با استفاده از آنزیم های برشی EcoRI و MseI برش داده شد . سپس آداپتورها مربوطه به قطعات حاصل از هضم آنزیم متصل گردید. و مرحله تکثیر ابتدایی همانند AFLP صورت گرفت . اما تکثیر اصلی بین دو آغازگر که بر اساس نواحی LTR رتروترانسپوزونها و آداپتور مربوط به MseI با دو و سه نوکلئوتید انتخابی انجام شد . چرخه حرارتی شامل یک مرحله واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه و به مدت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

۳۰ ثانیه، ۱۰ چرخه اول بصورت تاچ داون انجام شد بطوریکه در هر چرخه دمای اتصال ۱ درجه سانتیگراد کاهش یافت(C° ۶۳-۵۳)و مرحله بسط آغازگری در دمای C°۷۲ به مدت ۲ دقیقه انجام شد ؛ ۲۳ چرخه بعدی نیز بدینصورت انجام شد (C°۹۴، ۲ دقیقه، C° ۷۲، ۳۰ ثانیه و C° ۵۴، ۳۰ ثانیه).واکنش PCR در دستگاه بیورد مدل(Sequi-Gen GT MA،) انجام شد.

تجزیه‌های آماری

داده‌های ملکولی بر اساس وجود باند یک و عدم وجود آن صفر برای هر جفت آغازگر اختصاصی حاصل شد. میزان اطلاعات چندشکل (Polymorphic Information Content) نشانگرها، بااستفاده از فرمول $PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2$ (pi فراوانی نشانگر i ام در یک ترکیب آغازگر اختصاصی SSAP) برای کلیه جفت آغازگرهای اختصاصی محاسبه شد. شاخص نشانگر (Marker Index) با استفاده از فرمول $MI=PIC.N.\beta$ برای کلیه آغازگرها محاسبه می‌گردید(۱و۱۰). که *PIC* میانگین اطلاعات چندشکل برای هر جفت آغازگر،N تعداد کل باندها برای هر جفت آغازگر،β نسبت چندشکلی برای هر جفت آغازگر می باشد.این شاخص علاوه بر مزایای شاخص *PIC* تعداد کل باند را در نظر گرفته و پتانسیل هر آغازگر را جهت تولید باند بیشتر روی ژل نیز محاسبه می‌کند. سپس تجزیه رگرسیونی ۶ صفت زراعی در ۱۰۸ ژنوتیپ گندم با استفاده از نرم افزار SPSS با روش رگرسیون گام به گام انجام شد. بدینصورت که در هر بار انجام تجزیه یکی از صفات مورفولوژیکی را به عنوان متغیر وابسته (Y) و کلیه نشانگرها را به عنوان متغیرهای مستقل (X) در تجزیه وارد شدند و بعد از تعیین نشانگرهای که درصد بالایی از تغییرات را توجیه می‌کردند موقعیت آنها در روی ژل مشخص شد.

نتایج و بحث

در این تحقیق ۱۰ ترکیب آغازگر SSAP، ۷۴ باند چند شکل را تولید نمودند. شاخص نشانگری (MI) نشانگرها که معیاری برای قدرت تمایز هر جفت آغازگر می‌باشد محاسبه گردید. بطوریکه ترکیبات آغازگری *Thv19\M+ACA*،*Tar1\M+ACA* و *BARE1\M+ACA* دارای بیشترین MI و آغازگر *Tagermina\M+ACA* دارای کمترین MI (جدول۱) بودند و در بین رتروترانسپوزون‌ها *Tar1* و *Tagermina* به ترتیب دارای بیشترین و کمترین شاخص نشانگری (MI) بودند. ترکیبات آغازگری *Tagermina\M+ACA*، *Tar1\M+ACA* ، *Thv19\M+ACA* بیشترین مقدار PIC به ترتیب برابر با ۰/۴۱، ۰/۳۷ و ۰/۳۴ و *Thv19\M+CAT* و ترکیبات آغازگری *BARE1\M+CG* کمترین PIC به ترتیب برابر با ۰/۱۸ و ۰/۲۳ ۰را نشان دادند. میانگین میزان اطلاعات چند شکلی در این تحقیق ۰/۳۲ بود (جدول۱). جدول۲ و ۳ تجزیه داده‌های مورفولوژی و ملکولی را با استفاده از روش رگرسیون گیری گام به گام نشان می دهد. بیشترین تعداد نشانگر برای صفت وزن صد دانه (۱۰ نشانگر) و کمترین مربوط به تعداد سنبلچه در خوشه (۱ نشانگر) می باشدو همچنین بیشترین R^2 کل مربوط به طول گیاه (۷۳٪)است. با توجه به نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون مشخص گردید که نشانگر B56 از ترکیب آغازگری *BARE1\M+CG* دارای بیشترین R^2 (۲۳ و۱۲.۳) برای صفات طول خوشه وتعداد سنبلچه در خوشه با طول bp ۲۵۸ ،نشانگر T29 از ترکیب آغازگری *Tar1\M+ACA* دارای بیشترین R^2 (۳۲.۴ ، ۳۵ و۴۲) برای صفات تعداد دانه در خوشه،طول گیاه و طول پدانکل با طول bp ۲۶ و نشانگر T33 از ترکیب آغازگری *Tar1\M+ACA* دارای بیشترین R^2 (۱۵.۶) برای صفت وزن صد دانه با طول bp ۱۶۲بود. با توجه به این نتایج می‌توان گفت که رتروترانسپوزونهای *BARE1* و*Tar1* بیشتر از رتروترانسپوزونهای *Tagermina* و *Thv19* در نواحی کد کننده صفات زراعی موجود قرار دارند به همین دلیل تغییرات بیشتری از صفات زراعی مورد بررسی را نشان می‌دهند. همچنین می‌توان گفت که

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

رتروترانسپوزون‌های *BARE1* و *Tar1* در فرایندهای تکاملی گیاه مورد نظر بیشتر جابجا شده‌اند و کپی‌های بیشتری از خود را در داخل ژنوم ایجاد کرده‌اند زیرا چند شکلی(PIC) و تعداد باند (MI) بیشتر تولید کرده اند (حاصل جابجایی بیشتر در ژنوم می‌باشد) همچنین کویین و همکاران (۲۰۰۴) نیز با استفاده از لاین های تترازومی – نولی زومی در گندم نشان دادند که توزیع رتروترانسپوزونهای *BARE1* در ژنوم A و B بیشتر از ژنوم D است. روی و همکاران (۲۰۰۶) تجزیه ارتباطی بین ۱۱ صفت زراعی و ۵۱۹ نشانگر SSR (۲۲۱ نشانگر)، SAMPL (۴۳ نشانگر) و AFLP (۲۵۵ نشانگر) را در گندم نان انجام دادند، در نشانگرهای SSR بیشترین میزان R^2 برای صفت شاخص برداشت با ۲۸٪ و طول bp ۲۹۱ در آغازگر *Xwmc44* در نشانگرهای SAMPL بیشترین میزان R^2 برای صفت شاخص برداشت با ۲۰٪ و طول bp ۲۵۰ در ترکیب آغازگری $XccsS_6M_{CAG}$ و در نشانگرهای AFLP بیشترین میزان R^2 برای صفت تعداد گلچه در خوشه با ۲۹٪ و طول ۱۶۰bp در ترکیب آغازگری $XccsE_{AA}CM_{CTC}$ مشخص شد. آنان بحث کردند که نشانگرهای بالا توزیع یکنواختی در اطراف صفات زراعی مورد بررسی داشتند، که با توالی یابی نشانگرهای دارای R^2 بالا می‌توان به یافتن ژنهای کدکننده صفات زراعی و همچنین نشانگرهای که دارای ارتباط فراوان با آن صفات هستند جهت اشباع نقشه‌های لینکاژی امیدوار بود. در مطالعات قبلی مشخص شده بود که ژنوم A دارای ژنهای کنترل کننده فراوان اجزاء عملکرد می‌باشد و نقش بسیار مهمی در کنترل عملکرد دارد (۱۳). همانطور که در بالا اشاره شد با توجه به توزیع بیشتر رتروترانسپوزون‌های *Tar1* و *BARE1* در ژنوم A و B و اینکه ژنوم A نقش بسیار مهمی در کنترل عملکرد دارد شاید دلیل بالا بودن میزان R^2 برای صفات اجزاء عملکرد این نشانگرها را توجیه نماید. این نتایج نشان می‌دهد که چنانچه از ترکیبات آغازگری بیشتر برای رتروترانسپوزونهای مذکور استفاده شود می‌توان به پیدا کردن نشانگرهایی که دارای همبستگی بالا با صفات مرتبط با عملکرد و اجزاء عملکرد باشند، امید داشت و از آنها در پژوهش‌های دیگر استفاده نمود. شناسایی نشانگرهای ملکولی مرتبط با ژن‌های بزرگ اثر برای صفات مورد نظر در سال‌های اخیر از طریق ایجاد جمعیت‌های در حال تفرق همچون F۲، RIL، DH انجام گرفته است. بعضی از این نشانگرها جهت انجام کارهای اصلاحی استفاده شده اما در دسترس نبودن جمعیت‌های در حال تفرق جهت نقشه یابی، در اختیار نبودن زمان کافی و نبود لینکاژ مناسب بین صفات زراعی و نشانگرهای ملکولی از جمله مهمترین محدودیت‌ها در زمینه شناسایی نشانگرهای مرتبط با صفات زراعی می‌باشد(۶) که با انجام آنالیز ارتباطی می‌توان تا حدودی بر این محدودیت‌ها فائق آمد. همچنین با استفاده از نشانگرهای آگاهی بخش مرتبط با صفات زراعی از جمله اجزاء عملکرد (مخصوصاً در مورد نشانگرهایی که مکان کروموزومی آنها مشخص می‌باشد می توان با تولید لاین‌های با جایگزینی کروموزومی، صفات زراعی مورد نظر را در یک لاین فاقد آن صفت از طریق تلاقی‌های فی مابین انتقال داد)، انتخاب اولیه ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا مخصوصاً برای زراعت در مناطق دیم ممکن می‌شود. می‌توان باند نشانگر(ها)آگاهی بخش شناسایی شده را که R^2 بالایی دارند از روی ژل جدا و کلون نمود. سپس توالی شناسایی شده را در پایگاهای اطلاعاتی با توالی های موجود هم ردیفی (Alignment) نمود و ژن‌های کاندید (Candidate genes) که شباهت زیادی با نشانگرهای مورد نظر را داشتند شناسایی نمود، همچنین می‌توان از روی توالی مورد نظر آغازگرهای اسکار (SCAR) را برای صفات مورد نظر طراحی کرد و در انتخاب بواسطه نشانگر(MAS) در برنامه های اصلاحی بهره برد.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

جدول ۱- میزان محتوای جند شکلی اطلاعات (PIC) و شاخص نشانگری (MI)برای ۱۰ جفت آغازگر مورد استفاده در نشانگر SSAP در نمونه های دوروم

شماره	آغازگر	PIC	MI
۱	*Thv19*\M+ACA	۰/۳٤	۳/۷
۲	*Tagermina* \M+ACA	۰/۱۸	۰/۵۵
۳	*Thv19*\M+CAT	۰/۳۷	۲/۲۳
٤	*Tar1*\M+CG	۰/۳۵	۲/۱
۵	*Tar1*\M+ACA	۰/٤۱	۳/۲۵
٦	*BARE1*\M+CAT	۰/۲۸	۲/۷۹
۷	*BARE1*\M+ACA	۰.۳٦	۳/۱۹
۸	*BARE1*\M+CG	۰/۲۳	۱/۱٦
۹	*Tagermina* \M+CAT	۰/۳۷	۲/۵۹
۱۰	*Tar1*\ M+CAT	۰/۳۲	۲/۸۷
–	میانگین کل	۰/۳۲	۲/٤٤

جدول۲ – تجزیه داده های ٦ صفت مورفولوژی طول خوشه،تعداد سنبلچه در خوشه،وزن صد دانه،تعداد دانه در خوشه،طول گیاه و طول پدانکل وداده های ملکولی با استفاده از روش رگرسیون گیری گام به گام

صفت	تعداد نشانگر (T)	R^2 (%)max	R^2 (%)T
طول خوشه	۲	۲۳	۲۸/۷
تعداد سنبلچه در خوشه	۱	۱۲/۳	۱۲/۳
وزن صد دانه	۱۰	۱۵/۶	۶۳
تعداد دانه در خوشه	۶	۳۲/۴	۶۳
طول گیاه	۸	۳۵	۷۳
طول پدانکل	۵	۴۲	۶۲

T : تعداد نشانگرهای آگاهی بخش برای صفات زراعی

R^2adjusted T :مجموع کل R^2 تعدیل شده نشانگرها آگاهی بخش برای صفات زراعی (٪)

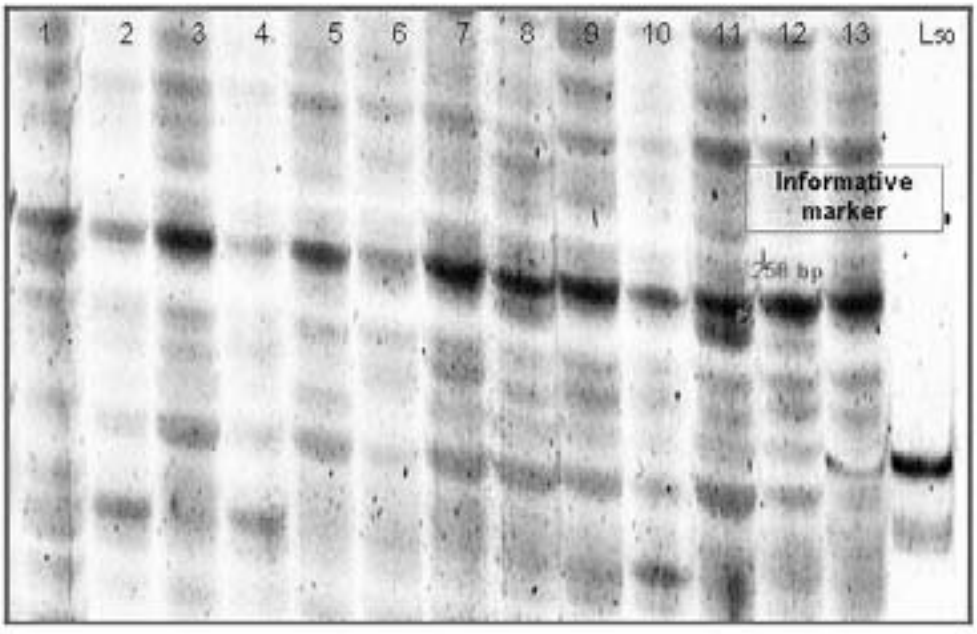
R^2adjusted max : بیشترین R^2 تعدیل شده مربوط به یک نشانگر برای صفات زراعی (٪)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

جدول ۳- جزئیات تجزیه وایانس رگرسیون گام به گام ۷٤ باند چند شکل SSAP و ٦ صفت زراعی

میانگین مربعات					
صفت	منبع واریانس	df	SSAPmax	df	SSAP com
طول خوشه	X(رگرسیون)	۱	۱۱/۳۰۹**	۲	۷/۱۸۶**
	Y(خطا)	۵۷	۰/۶۱۱	۵۶	۰/۵۶۷
تعداد سنبلچه در خوشه	X	۱	۱۹/۳**	۱	۱۱۹/۳**
	Y	۵۷	۲/۱	۵۷	۲/۱
وزن صد دانه	X	۱	۵/۰۱۱**	۱۰	۲/۰۴۹**
	Y	۵۷	۰/۴۲۲	۴۸	۰/۱۸۶
تعداد دانه در خوشه	X	۱	۱۵۶۴/۶۸۸**	۶	۴۵۸/۸۲۷**
	Y	۵۷	۵۴/۲۱۸	۵۲	۳۶/۵۷۹
طول گیاه	X	۱	۵۶۸۹/۷۴۹**	۸	۱۵۰۳/۵۲۶**
	Y	۵۷	۱۷۴/۲۱۲	۵۰	۷۱/۸۳۳
طول پدانکل	X	۱	۵۶۹/۰۴۷**	۵	۴۷۹/۵۱۳**
	Y	۵۷	۳۶/۵۱۵	۵۳	۲۳/۶۳۹

***و** معنی داری در سطح ۱٪و خیلی معنی دار



شکل۱ – شناسایی نشانگر آگاهی بخش برای صفات طول خوشه و تعداد سنبلچه در خوشه با استفاده از ترکیب آغازگری *BARE1\M+CG* در تعدادی از نمونه های دوروم.

(l_{50}) : سایز مارکر

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]

منابع

1- Anderson, J.A., Churchill, J.E., Autrique, S.D., Tanksley, S., Sorrells,M.E., 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. Genome 36, 181–188.
2- Breseghello, F. and Sorrells, M. E., Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum L.*) cultivars.Genetics, 2005, DOI 10.1534/genetics.105.044586.
3- Castilho, A., A. Vershinin and J.S. Heslop-Harrison. 2000. Repetitive DNA and the chromosomes in the genome of oil palm (*Elaeis guineensis*). Ann. Bot .85: 837–844.
4- Dellaporta, S. L., J. Wood, and J. B. HICKS. 1983. A plant DNA minipreparation: Version II. Plant. Mol. Bio. Rep., (1):19–21.
5- Flavell, A.J., E. Dunbar., R. Anderson., S.R. Pearce., R. Hartley and A. Kumar. 1992. Ty1-copia group retrotransposons are ubiquitous and eterogeneous in higher plants. Nucleic .Acids. Res. 20: 3639–3644.
6- Gupta PK,. Rustgi S and Kulwal PL (2005) Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. Plant Molecular Biology 57: 461–485.
7- Langridge P,. Lagudah E S,. Holton TA,. Appels R,. Sharp PJ and Chalmers KJ (2001) Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. Australian. J.Agri. Res 52: 1043–1077.
8- Maccaferri, M., Sanguineti, M. C., Noli, E. and Tuberosa, R.2005.Population structure and long-range linkage disequilibrium in a durum wheat elite collection. Mol. Breed., 15, 271–289.
9- Neale DB , &. Savolainen O (2004) Association genetics of complex traits in conifers. Trends Plant Science 9:325–330.
10- 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. Mol Breed 2:225–238
11- Pearce, S.R., M. Knox., T.N.H. Ellis., A.J. Flavell and A. Kumar. (2000). Pea Ty1-copia group retrotransposons: transitional activity and use as markers to study genetic diversity in Pisum. Mol. Gen. Genet. 263: 898–907.
12- Queen R, Gribbon B, James C, Jack P, Flavell A (2004) Retrotransposons-based molecular markers for linkage and genetic diversity analysis in wheat. Mol Gen Genet 271:91-97
13- Quarrie, S.A., D. Dodig., S. Pekic., J. Kirby and Kobiljski B (2003). Prospect for marker- assisted selection of improved drought response in wheat. Bulg. J. Plant. Physiol. 91:83-95.
14- Roy JK,. Bandopadhyay R,. Rustgi1 S,. Balyan1 HS and Gupta1 PK (2006) Association analysis of agronomically important traits using SSR, SAMPL andAFLP markers in bread wheat. Curent science 90:5-10
15- Waugh, R., K. McLean., A.J. Flavell., S.R. Pearce., A. Kumar., B.B.T. Thomas and W. Powell. (1997). Genetic distribution of Bare-1-like retrotransposable elements in the barley genome revealed by sequences-specific amplification polymorphisms (S-SAP). Mol. Gen. Genet. 253:687–694.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1387.3.2.4.3]