ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۶
صفحه ۱۴۲ - ۱۳۳

بررسی توزیع جابه‌جایی بازوی 1RS چاودار در برخی ژنوتیپ‌های امید بخش و ارقام گندم دیم ایران با استفاده از نشانگرهای مولکولی

The evaluation of rye 1RS translocation distribution in some Iranian wheat promising genotypes and wheat cultivars using molecular markers

صابر گلکاری*[۱]

۱- استادیار، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه، ایران

Golkari S*[1]

1- Assistant Professor, Dryland Aagricultural Research Institute (DARI), Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Maragheh, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: sgolkari@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۵/۳/۲۳ - تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۰/۲۶)

چکیده

بازوی کوتاه کروموزوم 1RS چاودار (*Secale cereal*) حامل ژن‌های مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده می‌باشد و منبع با ارزشی برای اصلاح گندم (*Triticum aestivium*) به‌شمار می‌رود. بازوی 1BL.1RS و 1AL.1RS به‌طور وسیعی در جهان در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده شده‌است. در این تحقیق جهت بررسی توزیع بازوی 1RS در ۲۲ لاین امید بخش دیم کشور (19thERWYT)، هفت رقم گندم دیم، پنج رقم خارجی، رقم Kavkaz (کنترل مثبت 1BL.1RS)، رقم Tam 107 (کنترل مثبت 1AL.1RS) و رقم Chiness Spring (کنترل منفی 1BL.1RS و 1AL.1RS) از سه آغازگر اختصاصی چاودار (RyeR3/F3، O-SEC5/A و PAW161) استفاده شد. با استفاده از آغازگرهای RyeR3/F3 و PAW161 حضور بازوی 1RS در ۸۶ درصد لاین امید بخش دیم کشور تائید شد، جهت تشخیص بین جابه‌جایی 1BL.1RS و 1AL.1RS از آغازگر O-SEC5/A استفاده شد که بر اساس استفاده از این آغازگر در هفت (۳۱ درصد) لاین امید بخش دیم (19thErwyte-4, 5, 6, 7, 9, 20, 24) و دو (۲۸ درصد) رقم تجاری دیم (رصد و ریژاو) جابه‌جایی 1BL.1RS مشاهده شد اما در هیچ‌کدام از لاین‌های امید بخش و ارقام تجاری دیم جابه‌جایی 1AL.1RS مشاهده نشد. نتایج این تحقیق استفاده موفقیت آمیز نشانگرهای اختصاصی چاودار را در شناسایی بازوی 1RS در ارقام گندم و توزیع بالای جابه‌جایی 1BL.1RS را در ژنوم ارقام گندم دیم ایران نشان داد که از این تنوع می‌توان به‌عنوان منبعی برای ایجاد جمعیت‌های جدید گندم استفاده کرد. برای بررسی اثر جابه‌جایی 1RS بر روی صفات کیفی گندم صفات عدد زلنی، نشاسته، پروتئین و سختی اندازه‌گیری شدند. همبستگی این صفات با نشانگرهای مورد مطالعه با رگرسیون اینتر انجام شد که همبستگی بین این نشانگرها و صفات کیفی مشاهده نشد. با توجه به تاثیر منفی شناخته شده جابه‌جایی‌های چاودار در گندم بر روی صفات کیفی، عدم مشاهده همبستگی منفی بین نشانگرهای 1RS و صفات کیفی گندم در این مطالعه ممکن است به‌علت تجمع ژن‌های کیفی در ارقام اصلاح شده مورد مطالعه باشد.

واژه‌های کلیدی

جابه‌جایی 1RS
چاودار
صفات کیفی
گندم
نشانگر مولکولی

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

مقدمه

جابه‌جایی[1] IRS چاودار در اصلاح گندم با اهمیت بوده و به میزان زیادی استفاده شده‌است. در بین این جابه‌جایی‌ها، انواع 1BL.1RS و 1AL.1RS گندم چاودار برای تولید صدها رقم تجاری گندم استفاده شده‌اند (Rabinovich 1998). جابه‌جایی 1BL.1RS از ارقام گندم روسی "Kavkaz" و "Aurora" به گندم نان انتقال یافته است، منشا این جابه‌جایی واریته "Petkus" چاودار می‌باشد. این جابه‌جایی دارای ژن‌های عامل مقاومت به زنگ زرد Yr9 (*Striiformis westend* puccinia)، زنگ سیاه Sr31 (*Puccinia graminis*)، زنگ قهوه‌ای (*Puccinia recondite* Rob, Ex Desm) و سفیدک پودری pm8 و pm17 می‌باشد (Rabinvoich 1998). منشا جابه‌جایی 1AL.1RS رقم گندم "Amigo" و ژرم پلاسم لاین GRS1201 است که 1AL.1RS را از واریته "Insave" چاودار دریافت کرده‌اند (Porter et al. 1991; Sebesta et al. 1995). این جابه‌جایی دارای ژن‌های عامل مقاومت به زنگ قهوه‌ای (*Puccinia graminis* Pers)، شته گندم (*Schizaphis graminum* Rondani) و سفیدک پودری (*Erysiphe gramminis* DC) است (Sebesta et al. 1995).

هم‌چنین گزارش شده‌است که بازوی 1RS باعث افزایش سازگاری به شرایط نامساعد طبیعی از طریق افزایش تحمل به شوری، خشکی و خاک‌های اسیدی شده و کارآیی مصرف آب را نیز افزایش می‌دهد (Merker 1982). در کنار تمام این مزایا حضور بازوی 1RS در گندم اغلب با کاهش کیفیت گندم نان همراه می‌باشد که یکی از چالش‌های پیش روی اصلاحگران گندم است (Graybosch. 1998; Graybosch et al. 1995; Lee et al. 1998; McKendry et al. 2001). ۳۳۰ ژنوتیپ گندم از ۳۵ کشور متفاوت شناسایی شده‌اند که دارای بازوی 1RS چاودار هستند (Rabinvoich, 1998). ۷۰ درصد ارقام گندم کشت شده در شمال غرب چین و ۵۵ درصد ارقام کشت شده در شمال چین دارای بازوی 1RS می‌باشند (Zhou et al. 2004). همچنین ۵۳ درصد ارقام گندم کشت شده در مجارستان طی۲۰ سال اخیر دارای جابه‌جای 1RS هستند (Hoffman 2008).

استفاده از روش‌های آزمایشگاهی برای شناسایی سریع و مطمئن جابه‌جایی کروموزوم 1BL.1RS و 1AL.1RS در اصلاح گندم بسیار با اهمیت است. یک نشانگر سریع و قابل اطمینان که قادر به شناسایی جابه‌جایی 1RS گندم چاودار باشد برای انتخاب لاین‌های مورد نظر گندم می‌تواند بسیار مفید باشد. نشانگرهای مبتنی بر PCR زیادی برای شناسایی بازوی کروموزومی 1RS استفاده شده‌اند (Shimizu et al. 1997; Nadella et al. 2002; Nagy and Lelley 2003; Weng et al. 2007). در نتایج حاصل از تحقیقات Katto et al. (2004) یک نشانگر مبتنی بر PCR گزارش شده که می‌تواند قطعات چاودار در گندم را شناسایی کند. برای شناسایی جابه‌جایی‌های 1RS گندم–چاودار از روش‌های C-banding، GISH و FISH نیز استفاده شده‌است (Rayburn and carver 1988; Miller et al. 1995; Anugrahwati et al. 2008). اما این روش‌ها گران قیمت و زمان‌بر بوده و کارهای آزمایشگاهی طاقت‌فرسایی را می‌طلبد. در این تحقیق سه نشانگر مولکولی RyeR3/F3، O-SEC5/A و PAW161 برای شناسایی جابه‌جایی‌های 1BL.1RS و 1AL.1RS گندم–چاودار در ارقام گندم دیم مورد استفاده قرار گرفتند.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق تعداد ۲۲ لاین امید بخش گندم دیم شرکت کننده در آزمایش یکنواخت سازگاری اقلیم سردسیر و معتدل سرد کشور (19thERWYT)، هفت رقم تجاری گندم دیم آذر۲، اوحدی، رصد، سبلان، کریم، ریژاو ۳ رقم گندم با منشا بین المللی شامل Seri82، 21thFAWWON236 و 21thFAWWON-244، رقم Chiness Spring به‌عنوان کنترل منفی جابه‌جایی 1AL.1RS و 1BL.1RS، رقم Kavkaz به عنوان کنترل مثبت جابه‌جایی 1BL.1RS و ارقام TAM107 و Amigo به عنوان کنترل مثبت جابه‌جایی 1AL.1RS مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱).

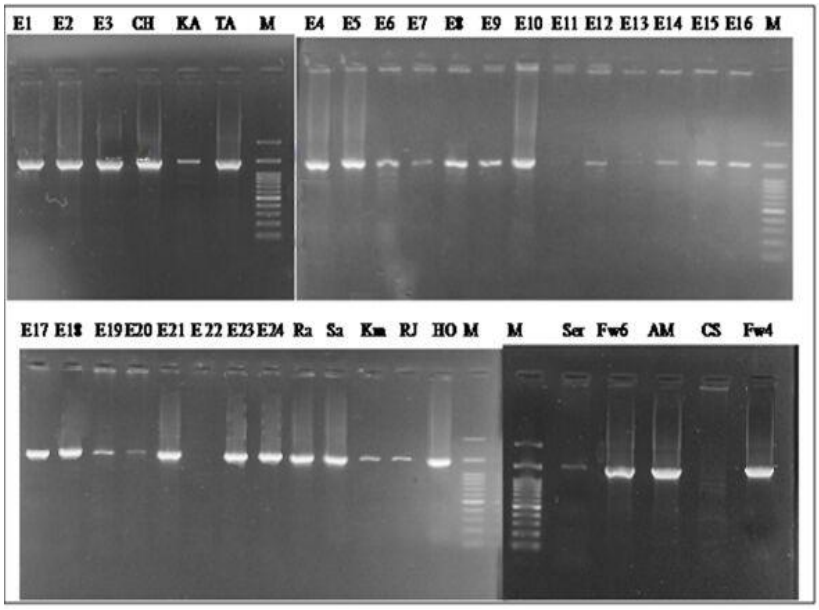
استخراج DNA از برگ‌های جوان با استفاده از روش CTAB انجام گرفت (Doyle and Doyle 1987). کیفیت سنجی DNA بر روی ژل آگارز یک درصد انجام شد. توالی‌های مورد استفاده آغازگرها و دمای اتصال آن‌ها در جدول ۲ ارایه شده‌است. تکثیر توالی‌ها در دستگاه PCR BioRad با ۳۰ چرخه تکثیر برای هر

[1] Translocation

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

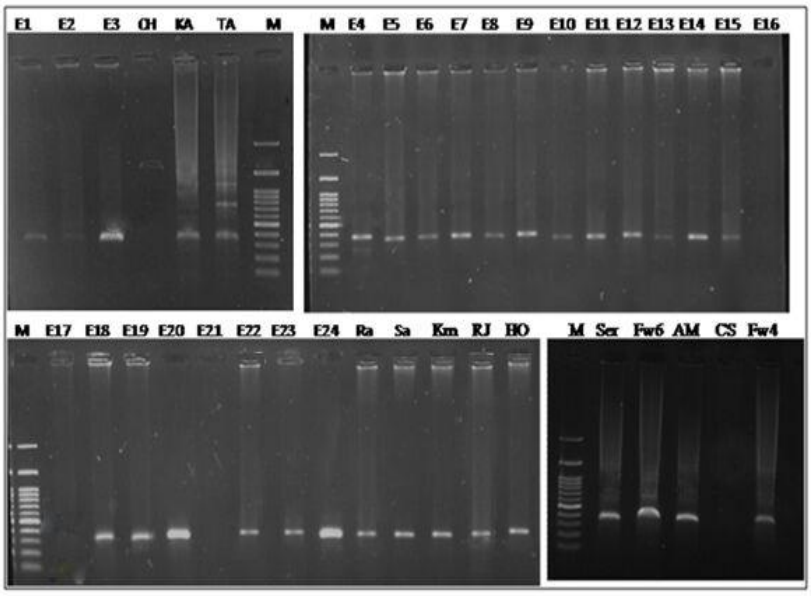
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

کدام از واکنش‌ها انجام شد. واکنش‌های PCR در حجم نهائی ۲۰ میکرولیتر حاوی ۵۰ نانوگرم DNA الگو، یک واحد آنزیم *Taq* DNA polmerase، ۱۰۰ میکرومولار از هر کدام از $dNTP_s$، ۷۵ میلی‌مولار Tris-HCL, pH 8.8، دو میلی‌مولار $MgCl_2$ و ۰/۱ میکرومولار از هر کدام از آغازگرها انجام شد. محصول PCR بر روی ژل آگارز دو درصد تفکیک شد (شکل‌های ۱، ۲ و ۳). رنگ‌آمیزی قطعات به‌وسیله اتیدیوم بروماید و آشکارسازی با اشعه UV انجام شد.



شکل ۱- تکثیر آغازگر RyeR3/F3 بر روی ژنوتیپ‌های امید بخش و ارقام گندم مورد بررسی.

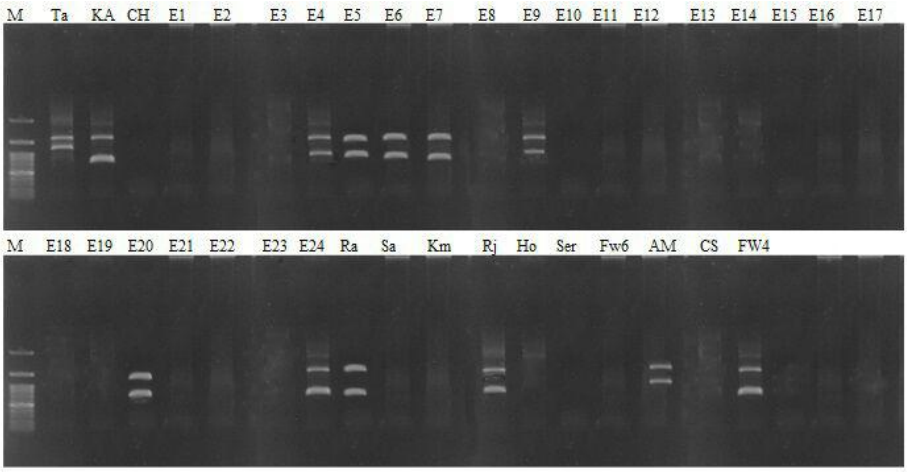
M: نشانگر وزن مولکولی، E1-E24: ژنوتیپ‌های امید بخش 1-24 ERWYTth19، CS: رقم Chiness Spring، KA: رقم Kavkaz، TA: رقم Tam107، Ra: رقم رصد، Sa: رقم سبلان، Km: رقم کریم، Rj: رقم ریژاو، HO: رقم هما، Ser: رقم Seri82، Fw6: رقم 21FW-236، AM: رقم Amigo؛ Fw4: رقم 21FW-244



شکل ۲- تکثیر آغازگر PAW161 بر روی ژنوتیپ‌های امید بخش و ارقام گندم مورد بررسی.

M: نشانگر وزن مولکولی، E1-E24: ژنوتیپ‌های امید بخش 1-24 ERWYTth19، CS: رقم Chiness Spring، KA: رقم Kavkaz، TA: رقم Tam107، Ra: رقم رصد، Sa: رقم سبلان، Km: رقم کریم، Rj: رقم ریژاو، HO: رقم هما، Ser: رقم Seri82، Fw6: رقم 21FW-236، AM: رقم Amigo؛ Fw4: رقم 21FW-244

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]



شکل ۳- تکثیر آغازگرO-SEC5/A بر روی ژنوتیپ‌های امید بخش و ارقام گندم مورد بررسی.

M: نشانگر وزن مولکولی، E1-E24: ژنوتیپ‌های امید بخش 1-24 19thERWYT، CS: رقم Chiness Spring، KA: رقم Kavkaz، Ta: رقم Tam107، Ra: رقم رصد، Sa: رقم سبلان، Km: رقم کریم، Rj: رقم ریژاو، HO: رقم هما، Ser: رقم Seri82، Fw6: رقم 21FW-236، AM: رقم Amigo؛ Fw4: رقم 21FW-244

جدول ۱- اسامی و علامت اختصاری مربوط به ژنوتیپ‌های امید بخش و ارقام گندم مورد مطالعه در این تحقیق.

منشا	نام رقم / لاین	ردیف	علامت اختصاری
موسسه تحقیقات دیم کشور	Ohadi	۱	E1
موسسه تحقیقات دیم کشور	Azar2	۲	E2
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-3	۳	E3
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-4	٤	E4
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-5	٥	E5
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-6	٦	E6
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-7	۷	E7
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-8	۸	E8
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-9	۹	E9
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-10	۱۰	E10
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-11	۱۱	E11
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-12	۱۲	E12
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-13	۱۳	E13
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-14	۱٤	E14
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-15	۱٥	E15
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-16	۱٦	E16
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-17	۱۷	E17
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-18	۱۸	E18
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-19	۱۹	E19

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

منشا	نام رقم / لاین	ردیف	علامت اختصاری
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-20	۲۰	E20
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-21	۲۱	E21
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-22	۲۲	E22
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-23	۲۳	E23
موسسه تحقیقات دیم کشور	19th ERWYT-24	۲٤	E24
موسسه تحقیقات دیم کشور	Rasad	۲۵	Ra
موسسه تحقیقات دیم کشور	Sabalan	۲٦	Sa
موسسه تحقیقات دیم کشور	Homa	۲۷	Ho
موسسه تحقیقات دیم کشور	Karim	۲۸	Ka
موسسه تحقیقات دیم کشور	Rijaw	۲۹	Rj
CIMMYT	Seri82	۳۰	Ser
CIMMYT	Chiness Spring	۳۱	CS
CIMMYT	21th FAWWON-236	۳۲	FW6
CIMMYT	21th FAWWON-244	۳۳	Fw4
CIMMYT	Kavkaz	۳٤	KA
CIMMYT	TAM107	۳۵	TA
CIMMYT	Amigo	۳٦	AM

جدول ۲- اطلاعات مربوط به توالی‌های آغازگرها و شرایط PCR.

منبع	توالی آغازگر (′3→′5)	اندازه محصول PCR (bp)	دمای اتصال	نام آغازگر
Weng et al. 2007	F: GATCGCCTCTTTTGCCAAGA R: TCACTGATCACAAGAGCTTG	۱٤۰۰	٦۱°C	RyeR3/F3
Yediay et al. 2010	F: CTATTAGTTCGAAAAGCTTATGA R:GCATATGACTCAAATTATTTTTT	۷۰۰، ۱۰۹۵، ۱۵۳۰	۵۲°C	O-SEC5/A
Tabibzadeh et al. 2013	F: TGAGGGCCCAGACGGCCCTTTTTG R: TTATCGCAATTACAACTCAAATTT	۳٦٦	٦۱ °C	PAW161

برای تعیین کیفیت نانوایی، صفات کیفی درصد پروتئین، مقدار نشاسته، عدد زلنی و سختی بذر با دستگاه NIR در چهار تکرار اندازه‌گیری شدند. برای تعیین ارتباط بین باندهای PCR مشاهده شده و کیفیت نانوایی از رگرسیون چندگانه گام به گام استفاده شد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

نتایج و بحث

در این مطالعه با استفاده از آغازگرهای اختصاصی چاودار حضور جابه‌جایی‌های 1AL.1RS و 1BL.1RS در ژنوم گندم نان بررسی شد. توزیع جابه‌جایی‌ها بر مبنای اندازه باندهای حاصل از PCR تعیین شد. بدین‌منظور سه آغازگر اختصاصی چاودار (RyeR3/F3، O-SEC5/A و PAW161) بر روی ژنوم گندم استفاده شدند. نشانگر RyeR3/F3 یک باند حدود ۱۴۰۰ bp در Kavkaz (کنترل مثبت 1BL.1RS)، Tam107 (کنترل مثبت 1AL.1RS) (Weng et al. 2007) و ۱۹ (۸۶ درصد) لاین امید بخش دیم ایران (19^{th}ERWYT-1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 23, 24) و تمام رقم‌های تجاری دیم ایران (آذر۲، اوحدی، رصد، سبلان، کریم، ریژاو و هما) و هر سه رقم (۱۰۰ درصد) خارجی (Seri82 ، 21^{th}FAWWON236 و 21^{th}FAWWON-244) تکثیر کرد. در رقم Chines Spring (کنترل منفی) و ۳ لاین امید بخش (۱۳ درصد) (19^{th}ERWYT-11، 19^{th}ERWYT-13 و 19^{th}ERWYT-22) این باند تکثیر نشد (شکل ۱). بررسی با نشانگر RyeR3/F3 نشان داد که ۸۶ درصد لاین‌های امید بخش و تمام ارقام دیم استفاده شده در این تحقیق دارای بازوی 1RS هستند. RyeR3/F3 مربوط به توالی رتروترانسپوزون Ty3/gypsy-like بوده که در نواحی سانترومری چاودار قرار دارد (Katto et al. 2004). مهم‌ترین نواحی این ترانسپوزون توالی رمز کننده برای ژن‌های رونوشت‌بردار معکوس[1]، آنزیم Integrase، آنزیم ریبونوکلئاز H (RNase H). توالی‌های تکراری انتهایی[2]، جایگاه اتصال آغازگر[3] و ناحیه غنی از پورین[4] می‌باشد (Kovalchuk et al. 2005).

نشانگر PAW161 یک باند ۳۶۶ bp در رقم Kavkaz (کنترل مثبت 1BL.1RS)، Tam107 (کنترل مثبت 1AL.1RS) (Tabibzadeh et al. 2013)، ۱۹ لاین امید بخش دیم (۸۶ درصد) (19^{th}ERWYT-1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 20, 22, 23, 24,) و تمام رقم‌های تجاری دیم ایران (آذر۲، اوحدی، رصد، سبلان، کریم، ریژاو و هما) و هر سه رقم (۱۰۰ درصد) خارجی (Seri82، 21^{th}FAWWON236 و 21^{th}FAWWON-244) تکثیر کرد. این نشانگر در رقم Chines Spring (به‌عنوان کنترل منفی 1AL.1RS و 1BL.1RS) و سه لاین امید بخش دیم (۱۳ درصد) (19^{th}ERWYT-16، 19^{th}ERWYT-17 و 19^{th}ERWYT-21) هیچ باندی تکثیر نکرد (شکل ۲). این نشانگر بر اساس نواحی تکراری تلومر چاودار طراحی شده‌است (Weng et al. 2007).

جهت تمایز بین جابه‌جایی 1AL.1RS و 1BL.1RS از نشانگر O-SEC5/A استفاده شد، به‌طوری که سه باند با اندازه‌های ۷۰۰ bp، ۱۰۹۵ bp و ۱۵۳۰ bp در گندم‌هایی تولید می‌کند که دارای هر دو جابه‌جایی 1AL.1RS و 1BL.1RS باشند (Yediay et al. 2010). این آغازگر دو باند ۱۵۳۰ bp و ۷۰۰ bp برای جابه‌جایی 1BL.1RS در رقم Kavkaz (به‌عنوان کنترل مثبت 1BL.1RS)، ۷ (۳۱ درصد) لاین امید بخش دیم (19^{th}Erwyte-4, 5, 6, 7, 9, 20, 24) و دو (۲۸ درصد) رقم تجاری دیم (رصد و ریژاو) تکثیر کرد. همچنین این نشانگر دو باند ۱۵۳۰ و ۱۰۹۵ برای جابه‌جایی 1AL.1RS در رقم TAM 107 و Amigo (به‌عنوان کنترل مثبت 1AL.1RS) و یک (۳۳ درصد) رقم خارجی 21^{th}FAWWON-244 تکثیر نمود. در رقم Chines Spring (کنترل منفی برای 1AL.1RS و 1BL.1RS) و هیچ‌کدام از لاین‌های امید بخش و ارقام تجاری دیم این دو باند مشاهده نشد (شکل ۳). جفت آغازگر O-SEC5/A بر اساس ژن omega-Secaline که در لوکوس Sec-1 قرار گرفته طراحی شده که در نواحی ماهواره‌ای کروموزوم 1RS قرار گرفته است (Shimizu et al. 1997). جابه‌جایی بین omega-Secaline چاودار (که Sec-1 را کد می‌کند) با Omega-gliaidin (کد کننده Gli-B1) در جابه‌جایی گندم–چاودار با استفاده از ژل SDS-PAGE در تعدادی از ارقام ایرانی تائید شده‌است (Afashari 2006; Tabibzadeh et al. 2013).

جابه‌جایی 1RS-rye در ژنوم گندم باعث افزایش تحمل گندم به برخی تنش‌های زنده و غیر زنده و در نتیجه افزایش عملکرد گندم می‌شود (Villareal et al. 1991). بنابراین ضروری است که فراوانی و توزیع هرکدام از این جابه‌جایی‌ها در ژرم پلاسم موجود شناسایی و تعیین شود. چندین روش برای شناسایی بازوی 1RS در گندم استفاده شده‌است (Gill and Kimber. 1977; Weng et

[1] Reverse transcriptase
[2] Long terminal repeat
[3] Primer-binding site
[4] Poly purine tract

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

(al. 2007; Zuniga et al. 2008). کاربرد روش SDS-PAGE نشان داده که ۵۰ درصد رقم‌های گندم نان در چین دارای بازوی 1RS هستند (Zhou et al. 2004). بر اساس روش SDS-PAGE، Giemsa-C banding و GISH حضور جابه‌جایی 1BL.1RS در ۳۵ رقم گندم نان مجارستانی تایید شده‌است (Hoffman 2008). علاوه بر این N-banding، پروتئین ذخیره‌ای و تجزیه نشانگرهای DNA نشان داده است که ۱۷ رقم (۵۵ درصد) گندم نان در بلغارستان دارای جابه‌جایی 1BL.1RS گندم-چاودار هستند (Landjeva et al. 2006). نشانگرهای DNA مبتنی بر PCR نسبت به سایر روش‌ها برای تشخیص جابه‌جایی 1BL.1RS و 1AL.1RS در ژنوم گندم ابزاری ارزان‌تر، سریع‌تر و آسان‌تر را فراهم می‌کنند. Yediay et al. (2010) تعداد ۹ نشانگر اختصاصی چاودار را برای شناسایی این جابه‌جایی‌ها در رقم‌های گندم نان و دوروم ترکیه استفاده کردند که از بین آن‌ها شش نشانگر را انتخاب کردند. مطالعه آنان نشان داد که تنها چهار رقم گندم نان دارای جابه‌جایی 1BL.1RS بودند درحالی‌که جابه‌جایی 1AL.1RS در هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی شناسایی نشد. Tabibzadeh et al. (2013) با استفاده از SDS-PAGE و نشانگرهای DNA مبتنی بر PCR توزیع جابه‌جایی 1AL.1RS و 1BL.1RS گندم چاودار را در ۲۹ رقم گندم نان ایرانی و ۱۵ رقم گندم دوروم بررسی و گزارش کردند که تنها پنج عدد (۱۷ درصد) از رقم‌های گندم نان دارای جابه‌جایی 1BL.1RS هستند و در هیچ‌کدام از ارقام جابه‌جایی 1AL.1RS مشاهده نشد. Mirzaghaderi et al. (2011) با استفاده از تکنیک GISH حضور 1BL.1RS را در چهار مورد از ارقام فوق تایید کردند. در مطالعه Bagherikia et al. (2014) از بین ٦٦ رقم گندم ایرانی که اکثراً ارقام آبی بودند، ١٤ (۱۷ درصد) رقم گندم حاوی جابه‌جایی 1BL.1RS و تنها رقم Sholeh دارای جابه‌جایی 1AL.1RS بود.

رقم Kavkaz به عنوان منشا جابه‌جایی 1BL.1RS همواره در بسیاری از کشورها برای اصلاح ارقام گندم مورد استفاده قرار گرفته است (Trubacheeva et al. 2011). در این تحقیق ارقام و لاین‌های امید بخش گندم دیم دارای درصد بیش‌تری از بازوی 1RS در مقایسه با سایر گندم‌های ایرانی بودند به طوری‌که نتایج نشانگر Rye R3/F3 و PAW161 نشان داد ٨٦ درصد لاین‌های امید بخش و تمام رقم‌های تجاری دیم ایران دارای جابه‌جایی بازوی 1BL.1RS هستند، این در حالی‌ست که در مطالعات دیگر بر روی ارقام گندم ایرانی با نشانگر Rye R3/F3 و PAW161 در ۱۷ درصد ارقام گندم ایرانی حضور بازوی 1BL.1RS تایید شده-است (Tabibzadeh et al. 2013; Bagherikia et al. 2014). فراوانی بیش‌تر بازوی 1RS در ارقام و لاین‌های مورد مطالعه در این تحقیق در مقایسه با سایر ارقام گندم کشور می‌تواند بیانگر اهمیت ژن‌های کنترل کننده تحمل به تنش‌های محیطی انتقال یافته از طریق بازوی 1RS در ژنوتیپ‌ها و ارقام گندم دیم باشد که تحت شرایط تنش محیطی به‌ویژه تنش خشکی ارزیابی و انتخاب شده‌اند. ارقام و لاین‌های سازگار برای کشت در شرایط دیم دارای تحمل بیش‌تری نسبت به تنش‌های محیطی به‌ویژه تنش خشکی هستند (Hoffmann 2008) و این امر می‌تواند فراوانی بیش‌تر بازوی 1RS در ژنوتیپ‌ها و ارقام گندم دیم نسبت به ارقام گندم آبی کشور را توجیه نماید. این بررسی اولین مطالعه بر روی بازوی 1RS در ارقام گندم دیم کشور است. ارقام و لاین‌های دارای بازوی 1RS شناسایی شده در این تحقیق می‌توانند به منظور انتقال ژن‌های مسئول افزایش سطح تحمل تنش‌های محیطی به سایر ژنوتیپ‌های مورد نظر در بلوک‌های تلاقی مورد بهره‌برداری قرار گیرند. هر چند که میزان جابه‌جایی 1RS در ژنوتیپ‌ها و ارقام دیم کشور نسبتاً بالاست اما با توجه به مزایای جابه‌جایی‌های گندم چاودار در افزایش تحمل به تنش‌های زنده و غیر زنده محیطی، بهره‌برداری بیشتر از بازوی 1RS با منشا متنوع در برنامه‌های اصلاحی کشور قابل توصیه است. در مطالعه حاضر حضور جابه‌جایی 1AL.1RS در هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها و ارقام گندم دیم ایران مشاهده نشد، در مطالعات قبلی نیز فقط در رقم ایرانی Sholeh جابه‌جایی 1AL.1RS گزارش شده‌است. مطالعات بازوی 1RS در ارقام گندم سایر نقاط دنیا نیز بیانگر فراوانی بیشتر جابه‌جایی 1BL.1RS در مقایسه با جابه‌جایی 1AL.1RS می‌باشد (Yediay et al. 2010; Landjeva et al. 2006; Hoffman, 2008)، زیرا این نوع جابه‌جایی‌ها جدیدتر بوده و کم‌تر در برنامه‌های اصلاحی مورد بهره برداری قرار گرفته‌اند (Rabinovich 1995). با توجه به اهمیت جابه‌جایی 1AL.1RS در تحمل به تنش‌های زنده و غیر زنده (Sebesta et al. 1995; Merker 1982) وارد کردن این

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

نوع جابه‌جایی در ژنوم گندم‌های ایرانی به‌ویژه ارقام گندم دیم ضروری به‌نظر می‌رسد. حضور بازوی 1RS در گندم اغلب با کاهش کیفیت گندم نان همراه می‌باشد (Graybosch. 1998; Graybosch et al. 1995; Lee et al. 1998; McKendry et al. 2001)، بررسی کیفیت آرد نان با روش‌های مختلفی از جمله پخت نان، تعیین میزان و کیفیت گلوتن، عدد زلنی و میزان پروتئین اندازه‌گیری می‌شود (Graybosch et al. 1993). در این بررسی برای درک اثر جابه‌جایی 1RS بر روی کیفیت گندم نان چهار صفت کیفی عدد زلنی، نشاسته، پروتئین و سختی گندم با دستگاه NIR مورد اندازه گیری قرار گرفت (جدول ۳). در تعیین ارتباط بین نشانگرها و کیفیت گندم نان با استفاده از روش رگرسیون گام به گام هیچ کدام از نشانگرها وارد مدل نشدند. در نتیجه تجزیه رگرسیون با روش اینتر انجام شد. در این روش در هر مرحله نشانگرها به عنوان متغییر مستقل (X) و صفات کیفی (Y) به‌عنوان متغییر وابسته در تجزیه وارد شدند. هیچ‌کدام از نشانگرها رابطه معنی‌داری با صفات کیفیت گندم نان نشان ندادند. تعداد کم ژنوتیپ‌ها و نمونه‌ی مورد بررسی و نیز وقوع نوترکیبی‌های ژنتیکی در ارقام و لاین‌های اصلاح شده می‌تواند از دلایل عدم مشاهده همبستگی بین نشانگرها و صفات کیفی ارزیابی شده باشد. کاهش کیفیت گندم نان از پیوستگی بسیار نزدیک بازوی 1RS با ژن‌های نامطلوب کیفی از گیاه چاودار ناشی می‌شود که به ارقام گندم دارای جابه‌جایی 1RS منتقل شده‌اند (Graybosch 2001). عدم کاهش کیفیت گندم نان در حضور بازوی 1RS در ژنوتیپ‌ها و ارقام دیم کشور می‌تواند از چگونگی عملکرد ژن‌های منتقل شده از چاودار در زمینه ژنتیکی جدید که بازوی 1RS را دریافت کرده‌ند ناشی شود، مطالعات متعدد نشان داده‌اند که ژن‌ها یا بلوک‌های ژنی پس از ورود به زمینه ژنتیکی جدید، بسته به ناحیه‌ای از ژنوم که ژن‌ها وارد آن می‌شوند ممکن است افزایش یا کاهش بیان داشته باشند (Matzke et al. 1998; Kumar et al. 2001; Hanin et al. 2003). احتمالاً 1RS در زمینه ژنتیکی جدید در جایی از کروموزوم قرار گرفته که ژن‌های نامطلوب امکان ظهور ندارند یا به میزان پایینی ظهور می‌کنند که تاثیر چندانی بر روی کیفیت نان نخواهند داشت. روشن شدن این موضوع نیازمند انجام مطالعات بیش‌تری است.

نتایج این تحقیق استفاده موفقیت‌آمیز نشانگرهای اختصاصی چاودار برای شناسایی تنوع بازوی 1RS در زمینه ژنتیکی گندم نان را نشان داده و حضور جابه‌جایی بازوی 1RS در تعداد زیادی از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را تایید کرد. ارقام و لاین‌های شناسائی شده واجد بازوی 1RS می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی گندم دیم کشور برای افزایش سطح تحمل تنش‌های محیطی، ایجاد جمعیت‌های جدید گندم، افزایش تنوع ژنتیکی و نیز در مطالعات ارزیابی مواد گیاهی دارای بازوی 1RS با استفاده از نشانگرهای مولکولی مورد بهره‌برداری قرار گیرند. این تحقیق یافته‌های قبلی مبنی بر بیشتر بودن فراوانی جابه‌جایی 1BL.1RS نسبت به جابه-جایی 1AL.1RS را در ارقام گندم نان تائید می‌کند. نتایج حاصل از این تحقیق مبنی بر اینکه اغلب ارقام و لاین‌های امید بخش گندم دیم کشور علی‌رغم دارا بودن جابه‌جایی 1RS گندم چاودار، الزاما از کیفیت پایینی برخوردار نیستند برای اصلاح‌گران گندم بسیار با اهمیت است.

جدول ۳- تجزیه رگرسیون اینتر برای چهار صفت کیفی به‌عنوان متغییرهای وابسته و سه نشانگر RyeR3/F3، PAW161 و 1BL.1RL به‌عنوان متغییر مستقل.

منابع تغییر	درجه آزادی	صفات			
		پروتئین	عدد زلنی	سختی	نشاسته
Regression	۳	۱/۵٤^{ns}	۱۲٤/۵۳^{ns}	۲/۸۱٦^{ns}	۱/۹۹^{ns}
Residual	۲۵	۲/۸٤	۱۹۷/۵۸	۱۲/۸۱۷	۲/۸۱
R^2		۰/۰٦	۰/۰۷	۰/۰۲٦	۰/۰۷۸

اعداد داخل جدول MS هستند و حروف ns به معنی عدم همبستگی معنی‌دار بین نشانگرها و صفات کیفی است.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

منابع

Anugrahwati DR, Shepherd KW, Verlin DC, Zhang P, Mirzaghaderi G, Walker E, Francki MG, Dundas IS (2008) Isolation of wheat-rye 1RS recombinants that break the linkage between the stem rust resistance gene SrR and secalin. Genome 51:341-349.

Afshari F (2006) Protein Marker Assisted Identification of Yr9, Lr26 and Sr31 Genes in a Group of Iranian Wheat Cultivars. Journal of Agricultural Science and Technology 8:265-8.

Bagherikia S, Karimzadeh G, Naghavi MR (2014) Distribution of 1AL. 1RS and 1BL. 1RS wheat-rye translocations in *Triticum aestivum* using specific PCR. Biochemical systematics and ecology 55:20-26.

Doyle J, Doyle J (1987) a rapid DNA isolation procedure for small quantitates of fresh leaf tissue. Phytochemistry Bull 19:11-15.

Gill BS, Kimber G (1977) Recognition of translocations and alien chromosome transfers in wheat by the Giemsa C-banding technique. Crop Science 17:264-266.

Graybosch RA (2001) Uneasy unions: Quality effects of rye chromatin transfers to wheat. Journal of Cereal Science 33:3-16.

Graybosch RA, Peterson CJ, Hansen LE, Worrall D, Shelton DR, Lukaszewski A (1993) Comparative flour quality and protein characteristics of 1BL/1RS, and 1AL/1RS wheat–rye translocation lines. Journal of Cereal Science 17:95-106.

Hanin M, Jerzy P (2003) "Plant genome modification by homologous recombination." Current opinion in plant biology 6:157-162.

Hoffmann B (2008) Alteration of drought tolerance of winter wheat caused by translocation of rye chromosome segment 1RS. Cereal Research Communications 36:269-278.

Katto MC, Endo TR, Nasuda S (2004) A PCR-based marker for targeting small rye segments in wheat background. Genes and genetic systems 9:245-250.

Kovalchuk A, Senam S, Mauersberger S, Barth G (2005). Tyl6, a novel Ty3/gypsy-like retrotransposon in the genome of the dimorphic fungus Yarrowia lipolytica. Yeast 22: 979-991.

Kumar, Sandeep, and Matthias Fladung (2001) Gene stability in transgenic aspen (Populus). II. Molecular characterization of variable expression of transgene in wild and hybrid aspen. Planta 5:731-740.

Lee JH, Graybosch RA, Peterson CJ (1995) Quality and biochemical effects of a 1RS.1BLwheat–rye translocation in wheat. Theor. Appl. Genet. 90:105-112.

Landjeva S, Korzun V, Tsanev V, Vladova R, Ganeva G (2006) Distribution of the wheat–rye translocation 1RS. 1BL among bread wheat varieties of Bulgaria. Plant breeding. 125:102-104.

Matzke AJM, Marjori A (1998) position effects and epigenetic silencing of plant transgenes. Current opinion in plant biology 2:142-148.

McKendry AL, David N, Tague DN, Kathleen RK (2001) Comparative Effects of 1BL.1RS and 1AL.1RS on soft red winter wheat milling and baking quality. Crop Science 41:712-720.

Merker A (1982) 'Veery'- a CIMMYT spring wheat with the 1B/1R chromosome translocation. Cereal Research Communication 10:105–106.

Miller TE, Reader SM, Purdie KA, Abbo S, Dunford RP, King IP. (1995) Fluorescent in situ hybridization as an aid to introducing alien genetic variation into wheat. 85: 275-279.

Mirzaghaderi G, Zeinali G, Rafiepour M, Karimzadeh G (2011) Wheat-rye translocation in Iranian bread wheat cultivars and their ion distribution in response to salinity stress. Journal of Agricultural Science and Technology. 13:1163-72.

Nadella KD, Peake AS, Bariana HS, Cooper M, Godwin ID, Carroll BJ (2002) A rapid PCR protocol for marker assisted detection of heterozygotes in segregating generations involving 1BL/1RS translocation and normal wheat lines. Crop and Pasture Science. 53:931-938.

Nagy ED, Lelley T (2003) Genetic and physical mapping of sequence-specific amplified polymorphic (SSAP) markers on the 1RS chromosome arm of rye in a wheat background. Theoretical and Applied Genetics 107:1271-7.

Porter DR, Webster JA, Burton RL, Puterka GJ, Smith EL (1991) New sources of resistance to greenbug in wheat. Crop Science 31:1502-1504.

Rabinovich SV (1995). History, Achievements, and Perspectives of Using Wheat-Rye Translocations and Substitutions in Bread Wheat Breeding. Wheat breeding: Objectives, methodology, and progress 34.

Rabinovich SV (1998) Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivar of *Triticum aestivum* L. Euphytica 100:323-340.

Rayburn AL, Carver BF (1998) cytological 1B.1R wheat-rye translocations in winter wheat breading lines, Euphytica 38:237:240.

Sebesta EE, Wood EA, Porter DR, Webster JA, Smith EL (1995) Registration of amigo wheat germplasms resistant to greenbug. Crop Science 35:293-293.

Shimizu Y, Nasuda S, Endo TR (1997). Detection of the Sec-1 locus of rye by a PCR-based method. Genes and genetic systems 72:197-203.

Tabibzadeh N, Karimzadeh G, Naghavi M (2013) Distribution of 1AL. 1RS and 1BL. 1RS wheat-rye translocations in Iranian wheat, using PCR based markers and SDS-PAGE. Cereal Research Communications 41:458-67.

Trubacheeva NV, Rosseeva LP, Belan IA, Osadchaya TS, Kravtsova LA, Kolmakov YV, Pershina LA (2011) Characteristics of common wheat cultivars of West Siberia carrying the wheat-rye 1RS. 1BL translocation. Russian journal of genetics. 47:13-18.

Villareal RL, Rajaram S, Mujeeb-Kazi A, Toro ED (1991) The effect of chromosome 1B/1R translocation on the yield potential of certain spring wheats (*Triticum aestivum* L.). Plant Breeding 106:77-81.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]

Zhou Y, He Z, Zhang G, Xia L, Chen X, Gao Y, Jing Z, Yu G (2004) Utilization of 1BL/1RS translocation in wheat breeding in China. Acta Agronomica Sinica 30:531-535.

Zuniga J, Soto B, Campos H (2008) Using a gel-free PCR-ELISA for the molecular identification of wheat genotypes carrying wheat–rye translocations. Plant breeding 127:15-19.

Weng Y, Azhaguvel P, Devkota RN, Rudd JC (2007) PCR-based markers for detection of different sources of 1AL. 1RS and 1BL. 1RS wheat–rye translocations in wheat background. Plant Breeding 126:482-6.

Yediay FE, Baloch FS, Kilian B, Özkan H (2010) Testing of rye-specific markers located on 1RS chromosome and distribution of 1AL. RS and 1BL. RS translocations in Turkish wheat (*Triticum aestivum* L., *T. durum* Desf.) varieties and landraces. Genetic resources and crop evolution 57:119-29.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.14.4]