ژنتیک نوین
دوره پانزدهم ، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۹
صفحه ۲۷۶ - ۲۶۷

بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار جمعیت در گونه‌های گندم وحشی *Aegilops cylindrica* و *Ae. crassa* با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره (SSR)

Assessment of genetic diversity and population structure in two wild wheat species *Aegilops cylindrica* and *Ae. crassa* using microsatellite (SSR) markers

زهرا دانشور[۱]، منصور امیدی*[۲]، علیرضا اطمینان[۳]، آسا ابراهیمی[٤]

۱- دانشجو دکتری اصلاح نباتات،گروه بیوتکنولوژی و به نژادی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

۳- دانشیار، گروه ژنتیک و به نژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

٤- استادیار، گروه بیوتکنولوژی و به نژادی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

Daneshvar Z[1], Omidi M[2], Etminan A[3], Ebrahimi A[4]

1- PhD Student, Department of Biotechnology and Plant Breeding, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran
2- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and Natural Resources University of Tehran, Karaj, Iran
3- Associate Professor, Department of Plant Breeding, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran
4- Assistant Professor, Department of Biotechnology and Plant Breeding, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: momidi@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰٤/۰۳ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۹/۱۸)

چکیده

جنس آژیلوپس به‌واسطه پتانسیل اصلاحی خود هم‌چون تحمل به انواع تنش‌های غیر زیستی و زیستی یک منبع ژنتیکی غنی و متنوع برای اصلاحگران گندم بشمار می‌آید. هدف اصلی این پژوهش ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در ۹۱ توده آژیلوپس متعلق به دو گونه *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره (SSR) بود. تعداد ۲۵ آغازگر SSR استفاده شده در این ارزیابی در مجموع ٤۹ قطعه تکثیر نمودند. متوسط شاخص‌های محتوای اطلاعات چندشکل (PIC)، تنوع ژنی (H)، قدرت تفکیک (Rp) و شاخص نشانگر (MI) به‌ترتیب برابر با ۰/۲٦، ۰/۳٤، ۱/۲۹ و ۰/۵۱ بود. نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) نشان داد بیشترین سهم تنوع ژنتیکی مربوط به تنوع بین گونه‌ای بود. بر اساس پارامترهای ژنتیکی مشخص شد که گونه *Ae. crassa* نسبت به *Ae. cylindrica* از تنوع ژنتیکی بیشتری برخوردار است. تجزیه خوشه‌ای بر اساس ضریب جاکارد و الگوریتم Neighbor-joining کلیه توده‌های مورد بررسی را در دو گروه اصلی تفکیک نمود، به طوریکه توده‌های مربوط به هر گونه به خوبی از یکدیگر متمایز شدند. نتایج تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) نشان داد دو مؤلفه نخست ٦٤/۹۸ درصد تغییرات مولکولی را توجیه نمودند و بای پلات ترسیم شده توده‌های مربوط به هر گونه را در گروه جداگانه‌ای تفکیک نمود. تجزیه ساختار جمعیت نشان داد توده‌های مورد بررسی در پنج زیر جمعیت واقعی تفکیک شدند به‌طوری‌که متوسط شاخص تمایز جمعیت‌ها (F_{ST}) نیز بین ۰/۵۲ تا ۰/۹۰ با میانگین ۰/۷٦ متغیر بود. به‌طورکلی نتایج این پژوهش نشان داد سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های وحشی *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* بر اساس داده‌های SSR وجود دارد که این میزان تنوع ژنتیکی می‌تواند به‌عنوان ابزاری جهت بهره‌برداری از این منابع ژرم‌پلاسمی در برنامه‌های اصلاحی گندم و همچنین می‌توان از این نشانگر در سایر مطالعات ژنتیکی مانند نقشه‌یابی QTL و تجزیه ارتباط به‌کار گرفته شود.

واژه‌های کلیدی

آژیلوپس
تجزیه خوشه‌ای
تنوع مولکولی
ساختار جمعیت
نشانگرهای ریزماهواره

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

مقدمه

گندم گیاهی یکساله و از تیره غلات بوده که به‌عنوان مهم‌ترین گیاه زراعی در سطح گسترده‌ای از جهان تولید شده و مورد استفاده انسان می‌باشد. دامنه سازگاری و اهمیت این گیاه زراعی را به راحتی می‌توان از این واقعیت استنباط کرد که این گیاه در هر ماه از سال در یکی از نقاط جهان کشت خواهد شد (Hedge et al. 2002). تغییرات گسترده اقلیمی از یک سو و ضعیف شدن پایه ژنتیکی این گیاه زراعی سبب شده است تا تولید این گیاه استراتژیک با خطر جدی روبرو شود. از این‌رو یکی از راه‌های مقابله با شرایط نامطلوبی که به‌واسطه این تغییرات ایجاد می‌شود می‌تواند بهره‌گیری از پتانسیل آلل‌های جدید در خزانه ژنی آن باشد (Warschefsky et al. 2014). با توجه به تنوع ژنتیکی محدود در گونه‌های زراعی اصلاح شده برای سازگاری به تغییرات اقلیمی و بنابراین شانس ضعیف دستیابی به آلل‌های جدید در این مواد گیاهی، استفاده از خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی می‌تواند یک منبع ژنی غنی و متنوع از آلل‌های جدید و ایده‌آل را برای به‌نژادگران فراهم آورد (Pour-Aboughadareh et al. 2018). در زمینه مطالعات صورت گرفته بر روی خویشاوندان وحشی گونه‌های زراعی، بیشترین مطالعات مربوط به اجداد وحشی گندم می‌باشد (Maxted et al. 2006).

جنس آژیلوپس[1] متعلق به تیره *Triticeae* به‌عنوان مهم‌ترین خزانه ژنتیکی گندم شناخته شده است. گونه‌های موجود در این جنس به‌طورکلی در ۵ گروه اصلی تقسیم می‌شوند. گروه اول در برگیرنده کلیه گونه‌های واجد ژنوم U می‌باشد که تحت عنوان *Aegilops* شناخته می‌شوند. گروه دوم شامل کلیه گونه‌های دارای ژنوم C و DC هستند که به‌عنوان *Cylindropyrum* نامیده می‌شوند. گروه سوم با در برداشتن گونه‌های دارای ژنوم D و ترکیبی از این ژنوم با سایر ژنوم‌ها به نام دسته *Vertebrata* شناخته شده‌اند. گروه چهارم شامل گونه‌های دارای ژنوم M و N بوده که با تحت عنوان دسته *Comopyrum* معرفی می‌شوند. در نهایت گروه پنجم دارای گونه‌های واجد ژنوم S بوده و به‌عنوان بخش *Sitopsis* نام‌گذاری شده‌اند (Morris and Sears 1967; Kimber and Feldmen 1987). بر اساس مطالعات صورت گرفته گونه‌های موجود در این جنس حاوی ژن‌های مفیدی برای مقاومت به آفات و بیماری‌ها، خشکی، شوری و حتی بهبود عملکرد و همچنین سازگاری به تنش‌های حاصل از تغییر شرایط آب و هوایی هستند و منبع ژنتیکی مهمی برای بهبود صفات مختلف زراعی و میزان پروتئین‌های موثر در کیفیت دانه محسوب می‌شوند (Hajjar and Hodgking 2007). از این‌رو، وجود چنین خویشاوندانی می‌توانند به‌عنوان ژرم پلاسم‌های مفید در برنامه‌های به‌نژادی گندم مورد استفاده به‌نژادگران قرار گیرند (Schneider et al. 2008; Nevo 1998; Pour-Aboughadareh et al. 2017; Hajjar and Hodgking 2007). گونه *Ae. tauschii* از مهم‌ترین گونه‌های موجود در جنس آژیلوپس بوده که به‌طور مستقیم و به‌عنوان گونه بخشنده ژنوم D به گندم نان نقش مهمی در تکامل آن دارد. این گونه علاوه بر این به‌عنوان والد دهنده ژنوم D به گونه‌های خویشاوند دیگری هم‌چون *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* شناخته شده است (Kilian et al. 2007). در رابطه با میزان تنوع ژنتیکی و اهمیت گونه *Ae. tauschii* مطالعات بیشماری صورت گرفته است، با این حال در رابطه با دو *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* اطلاعات جامعی موجود نمی‌باشد. با این وجود در سال‌های اخیر برخی از مطالعات به اهمیت و پتانسیل اصلاحی این گونه‌ها اشاره نموده‌اند. به‌عنوان مثال در بررسی پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh et al. 2017) پاسخ به تنش خشکی ۱۹۰ توده وحشی و بومی گندم ارزیابی نمودند و نتایج آن‌ها نشان داد برخی از توده‌های مربوط به دو گونه *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica* نسبت به دیگر توده‌های وحشی و حتی ارقام شاهد و متحمل به خشکی نمود بهتری از خود نشان دادند. در بررسی Ahmadi et al. (2018b) نیز گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* نسبت به ارقام متحمل به خشکی گندم نان و دوروم از نظر سیستم‌های دفاعی آنتی‌اکسیدانتی پاسخ بهتری از خود نسبت به سطوح بالای تنش خشکی (۲۵ درصد ظرفیت زراعی مزرعه) از خود نشان دادند. از نظر سیستم ریشه‌ای نیز این گونه‌های دارای پتانسیل قابل توجهی می‌باشند. به‌طوری‌که در مطالعه Ahmadi et al. (2018c) سیستم ریشه‌ای ۱۸۰ توده وحشی متعلق به ۱۲ گونه تریتیکوم و آژیلوپس را بررسی نمودند و نتایج آن‌ها نشان داد در شرایط تنش خشکی

[1] Aegilops

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

توده‌های مربوط به گونه *Ae. cylindrica* به‌همراه برخی از توده‌های مربوط به گونه‌های *Ae. neglecta*، *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* دارای پتانسیل اصلاحی ایده‌آلی می‌باشند.

یکی از مهم‌ترین ابزارهای ارزیابی تنوع ژنتیکی نشانگرهای مولکولی می‌باشند. تا کنون سیستم‌های نشانگری فراوانی جهت بررسی و ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی مختلف و خویشاوندان وحشی آن‌ها به‌کار گرفته شده‌اند. در بین نشانگرهای مولکولی، ریزماهواره‌ها (SSR[1]) از اهمیت ویژه‌ای برخوردارند. این نشانگرها شامل واحدهای تکی تا شش تایی تکرار شونده‌ای هستند که در ژنوم بیشتر یوکاریوت‌ها پراکنده شده‌اند، به‌طوری‌که در هر ده کیلو جفت‌باز از ردیف DNA دست کم یک ردیف ریزماهواره‌ای دیده می‌شود (Litt and Luty 1989). با توجه به این ویژگی این سیستم نشانگری در بسیاری از گونه‌های گیاهی و جانوری در ارزیابی تنوع ژنتیکی و یا حتی بررسی روابط فیلوژنتیکی بکار گرفته شده است. در رابطه با استفاده از نشانگرهای SRR در بررسی تنوع ژنتیکی موجود در گندم و خویشاوندان وحشی مطالعات گوناگونی در ایران و سایر نقط جهان موجود است. به‌عنوان مثال، Saeidi et al. (2006) در بررسی تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌هایی از گونه *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران از نشانگرهای SSR استفاده کردند و براساس نتایج آن‌ها سطح بالایی از تنوع ژنتیکی مشاهده شد به‌طوری‌که متوسط میزان چندشکلی نیز بالا (۰/٦٥) بود. در مطالعه‌ای دیگر Naghavi et al. (2009) به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در بین مجموعه‌های از توده‌های وحشی *T. boeoticum* جمع‌آوری شده از نواحی غربی ایران از نشانگرهای RAPD، AFLP و SSR استفاده کردند. با توجه به نتایج به‌دست آمده از مطالعه این محققان مشخص شد که نشانگرهای SSR نسبت به دو سیستم نشانگری دیگر از میزان اطلاعات چندشکلی بالاتری برخوردار هستند. در بررسی که توسط Ehtemam et al. (2010) به‌منظور اثبات روابط بین گونه‌های تریتیکوم برخوردار از ژنوم A جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران توسط نشانگرهای SSR صورت گرفت پس از تجزیه کلاستر و گروه بندی گونه‌های مورد مطالعه، گونه‌های *T. boeoticum* و *T. urartu* با میزان تشابه ژنتیکی ۹۰ درصد در یک گروه قرار گرفتند.

در بررسی Tahernezhad et al. (2010) از نشانگرهای SSR در بررسی تنوع ژنتیکی در توده‌های مختلف *Ae. tauschii* استفاده شد. در این مطالعه با استفاده از ۱۹ نشانگر SSR در مجموع ۲۰۸ آلل شناسایی شد و متوسط تعداد آلل برای هر لوکوس ۱۰/۹٤ بود. همچنین با توجه به ضرایب تشابه ژنتیکی و دندروگرام به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای نشان داده شد که سطح قابل توجهی از تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های بررسی شده وجود دارد. در یک مطالعه دیگر Naghavi et al. (2010) در بررسی ساختار جمعیت گونه‌های *T. aestivum* و *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران با استفاده از نشانگرهای SSR گزارش کردند که میزان هتروزیگوتی مشاهده شده (Ho)، تنوع ژنتیکی (He) و شاخص شانون (I) در توده‌های نمونه‌برداری شده از نواحی شمالی ایران نسبت به سایر مناطق بیشتر بوده و میزان تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های *T. aestivum* به مراتب بسیار کمتر از تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌های وحشی *Ae. tauschii* است. علاوه بر این، این محققان اظهار داشتند که وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های جمع‌آوری شده از استان‌های گلستان، مازندران نسبت به نمونه‌های مربوط به استان‌های اردبیل، قزوین و سمنان نشان می‌دهد که این مناطق می‌توانند منبع بالقوه‌ای از پتاسیل‌های اصلاحی مفید را برای اصلاح گندم فراهم آوردند.

با در نظر گرفتن موارد ذکر شده، این بررسی با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* با استفاده از نشانگرهای SRR مبتنی بر ژنوم D انجام شد. به نظر می‌رسد نتایج این پژوهش بتواند در حصول اطلاعاتی در رابطه با میزان تنوع موجود در این دو گونه خویشاوند وحشی و همچنین ایجاد یک دیدگاه جدید در خصوص بررسی‌های تکمیلی آن‌ها چه در سطح مولکولی و چه در سطح ساز و کارهای مورفو–فیزیولوژیکی ایجاد نماید.

[1] Simple sequence repeats

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد مطالعه در این تحقیق شامل ۹۱ توده *Aegilops* از گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* بود که بذور آن‌ها از بانک ژن غلات دانشگاه ایلام تهیه و مشخصات آن در جدول ۱ آورده شده است. پس از کشت بذرها در شرایط گلخانه و تولید گیاهچه، استخراج DNA ژنومی از بافت مزوفیل برگ‌های جوان بر اساس روش CTAB انجام شد (Doyle And Doyle 1987). کیفیت DNA استخراجی توسط الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد مورد بررسی قرار گرفت. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های مورد بررسی از ۲۵ جفت آغازگر SSR استفاده و توالی آن‌ها در جدول ۲ ارایه شده است. پس از بهینه سازی شرایط تکثیر و تعیین دمای اتصال آغازگرهای منتخب، اجزای واکنش PCR شامل ۲ میکرولیتر DNA ژنومی، ۲ میکرولیتر آغازگر، ٦ میکرولیتر آب دیونیزه و ۱۰ میکرولیتر Mastermix (2X) در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر بود و کلیه واکنش‌های تکثیر در دستگاه ترموسایکلر (مدل Biorad-T100) انجام شد. برنامه دمایی هر واکنش شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۵ دقیقه و ۳۵ چرخه حرارتی شامل واسرشته‌سازی به‌مدت ٤٥ ثانیه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگر به‌مدت ٤٥ ثانیه در دمای بهینه‌سازی شده برای آغازگر مربوطه، توسعه آغازگر (پلیمریزاسیون) به‌مدت ۱ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و بسط نهایی به‌مدت ۵ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد بود.

پس از انجام واکنش تکثیر، محصول PCR با الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۲/۵ درصد تفکیک و رنگ‌آمیزی ژل‌ها با Safeview انجام و عکس‌برداری از آن‌ها صورت گرفت. پس از امتیازدهی الگوهای باندی براساس معیار یک (وجود باند) و صفر (عدم وجود باند)، مقادیر محتوای چندشکلی (PIC[1]) و میزان هتروزیگوتی یا تنوع ژنی (H^2) برای هر جفت آغازگر با استفاده از نرم‌افزار PowerMarker محاسبه شد (Liu and Muse 2005). تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) و محاسبه شاخص‌های تنوع ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار GenAlEx انجام شد (Peakall and Smouse 2006). مقادیر فواصل ژنتیکی بین جفت نمونه‌ها بر اساس ضریب فاصله جاکارد محاسبه و به‌منظور گروه‌بندی نمونه‌ها، آنالیزهای مربوطه شامل تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) و تجزیه خوشه‌ای به روش Neighbor-joining با استفاده از نرم‌افزار MEGA ver.5.1 صورت گرفت (Tamura et al. 2011). تجزیه ساختار جمعیت در توده‌های ارزیابی شده نیز با استفاده از نرم‌افراز STRUCTURE صورت گرفت. در این تجزیه جهت یافتن زیر جمعیت‌های واقعی تجزیه بر پایه مدل بیزین (Bayesian) انجام و تعداد زیر جمعیت احتمالی بین ۲ تا ٦ به همراه ۱۰ بار تکرار در نظر گرفته شد. تعداد شاخص‌های burn-in و شاخص Markov Chain Monte Carlo (MCMC) در هر تکرار به تعداد مساوی و ۱۰۰۰۰ در نظر گرفته شد. سپس به‌منظور دستیابی به تعداد زیر جمعیت‌های واقعی از نرم‌افزار بر خط Structure Harvester (Earl and von Holdt 2012) استفاده شد.

نتایج و بحث

از مجموع ۲۵ جفت آغازگر SSR، ٢٤ آغازگر دارای تکثیر مناسب و قابل امتیازدهی بودند، به‌طوری‌که در مجموع ٤٩ قطعه چندشکل تکثیر نمودند. بر اساس نتایج مندرج در جدول ۲ مشخص شد به‌جز آغازگر Xgwm-639 سایر آغازگرهای استفاده شده دو قطعه چندشکل تکثیر نمودند. میانگین شاخص PIC برای آغازگرهای SSR برابر با ۰/۲٦ بود و دامنه تغییرات آن بین ۰/۰۰۱ (Xgwm-111، Xgwm-272، Xgwm-515 و Xgwm-583) تا ۰/۳۷ (بیش از نیمی از آغازگرها) متغیر بود. شاخص تنوع ژنی با متوسط ۰/۳٤ بین ۰/۰۰۱ و ۰/۵۰ متغیر بود. بیشترین مقدار این شاخص مربوط به آغازگرهای Xgwm-16، Xgwm-44، Xgwm-121، Xgwm-296، Xgwm-301، Xgwm-325، Xgwm-349، Xgwm-469، Xgwm-565، Xgwm-157، Xgwm-212 و Xgwm-484 بود. شاخص PIC احتمال تشخیص چندشکلی ایجاد شده توسط یک آغازگر بین دو فرد می‌باشد که به تعداد آلل‌های قابل تشخیص و فراونی آن‌ها وابسته است.

[1] Polymorphic information content
[2] Heterozygosity

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

جدول ۱- کد دسترسی توده‌های مورد ارزیابی متعلق به گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa*

No.	Species	Code	No.	Species	Code	No.	Species	Code
۱	*Ae. cylindrica*	IUGB-00373	۳۱	*Ae. cylindrica*	IUGB-00132	٦۱	*Ae. crassa*	NPGBI-2063
۲	*Ae. cylindrica*	IUGB-00189	۳۲	*Ae. cylindrica*	IUGB-00095	٦۲	*Ae. crassa*	NPGBI-911
۳	*Ae. cylindrica*	IUGB-00236	۳۳	*Ae. cylindrica*	IUGB-00062	٦۳	*Ae. crassa*	NPGBI-1699
٤	*Ae. cylindrica*	IUGB-00267	۳٤	*Ae. cylindrica*	IUGB-01359	٦٤	*Ae. crassa*	NPGBI-587
٥	*Ae. cylindrica*	IUGB-00188	۳٥	*Ae. cylindrica*	IUGB-01238	٦٥	*Ae. crassa*	NPGBI-794
٦	*Ae. cylindrica*	IUGB-00359	۳٦	*Ae. cylindrica*	IUGB-00239	٦٦	*Ae. crassa*	NPGBI-944
۷	*Ae. cylindrica*	IUGB-00403	۳۷	*Ae. cylindrica*	IUGB-00078	٦۷	*Ae. crassa*	NPGBI-2117
۸	*Ae. cylindrica*	IUGB-00210	۳۸	*Ae. cylindrica*	IUGB-00065	٦۸	*Ae. crassa*	NPGBI-1742
۹	*Ae. cylindrica*	IUGB-00185	۳۹	*Ae. cylindrica*	IUGB-00391	٦۹	*Ae. crassa*	NPGBI-598
۱۰	*Ae. cylindrica*	IUGB-00156	٤۰	*Ae. cylindrica*	IUGB-00241	۷۰	*Ae. crassa*	NPGBI-744
۱۱	*Ae. cylindrica*	IUGB-01746	٤۱	*Ae. cylindrica*	IUGB-00153	۷۱	*Ae. crassa*	NPGBI-1473
۱۲	*Ae. cylindrica*	IUGB-00221	٤۲	*Ae. cylindrica*	IUGB-00390	۷۲	*Ae. crassa*	NPGBI-1522
۱۳	*Ae. cylindrica*	IUGB-00200	٤۳	*Ae. cylindrica*	IUGB-00399	۷۳	*Ae. crassa*	NPGBI-675
۱٤	*Ae. cylindrica*	IUGB-00150	٤٤	*Ae. cylindrica*	IUGB-00201S	۷٤	*Ae. crassa*	NPGBI-730
۱٥	*Ae. cylindrica*	IUGB-00168	٤٥	*Ae. cylindrica*	IUGB-01592	۷٥	*Ae. crassa*	NPGBI-689
۱٦	*Ae. cylindrica*	IUGB-00034	٤٦	*Ae. cylindrica*	IUGB-00388S	۷٦	*Ae. crassa*	NPGBI-50067
۱۷	*Ae. cylindrica*	IUGB-00078	٤۷	*Ae. cylindrica*	IUGB-00062S	۷۷	*Ae. crassa*	NPGBI-50174
۱۸	*Ae. cylindrica*	IUGB-00090	٤۸	*Ae. crassa*	NPGBI-365	۷۸	*Ae. crassa*	IUGB-00379
۱۹	*Ae. cylindrica*	IUGB-00406	٤۹	*Ae. crassa*	NPGBI-310	۷۹	*Ae. crassa*	IUGB-01564
۲۰	*Ae. cylindrica*	IUGB-00258	٥۰	*Ae. crassa*	NPGBI-300	۸۰	*Ae. crassa*	IUGB-00881
۲۱	*Ae. cylindrica*	IUGB-00248	٥۱	*Ae. crassa*	NPGBI-309	۸۱	*Ae. crassa*	IUGB-00817
۲۲	*Ae. cylindrica*	IUGB-00388	٥۲	*Ae. crassa*	NPGBI-2066	۸۲	*Ae. crassa*	IUGB-00170
۲۳	*Ae. cylindrica*	IUGB-01592	٥۳	*Ae. crassa*	NPGBI-1589	۸۳	*Ae. crassa*	IUGB-00408
۲٤	*Ae. cylindrica*	IUGB-00202	٥٤	*Ae. crassa*	NPGBI-792	۸٤	*Ae. crassa*	IUGB-00319
۲٥	*Ae. cylindrica*	IUGB-00201	٥٥	*Ae. crassa*	NPGBI-947	۸٥	*Ae. crassa*	IUGB-00280
۲٦	*Ae. cylindrica*	IUGB-00406	٥٦	*Ae. crassa*	NPGBI-1485	۸٦	*Ae. crassa*	IUGB-00149
۲۷	*Ae. cylindrica*	IUGB-00229	٥۷	*Ae. crassa*	NPGBI-1508	۸۷	*Ae. crassa*	IUGB-01564
۲۸	*Ae. cylindrica*	IUGB-00090	٥۸	*Ae. crassa*	NPGBI-384	۸۸	*Ae. crassa*	IUGB-00830
۲۹	*Ae. cylindrica*	IUGB-00270	٥۹	*Ae. crassa*	NPGBI-2112	۸۹	*Ae. crassa*	IUGB-01267
۳۰	*Ae. cylindrica*	IUGB-00059	٦۰	*Ae. crassa*	NPGBI-720	۹۰	*Ae. crassa*	IUGB-00334
						۹۱	*Ae. crassa*	IUGB-00284

شاخص تنوع ژنی نیز یکی از مهم‌ترین معیارهای ارزیابی تنوع آللی نشانگرها و میزان اطلاعات نشانگری در بررسی‌های ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌هاست. بین شاخص PIC و H رابطه مستقیمی وجود دارد و همان‌گونه که مشاهده شد آغازگرهای برخوردار از مقادیر بالای PIC از نظر شاخص تنوع ژنی نیز دارای بیشترین مقادیر بودند. در بررسی Asghari et al. (2012) نیز آغازگرهای مربوط به ژنوم D نسبت به سایر آغازگرها دارای بیشترین میزان PIC بود. طبق گزارش Botstain et al. (1980) آغازگرهایی که PIC بزرگ‌تر از ۰/۵ داشته باشند دارای اطلاعات سودمند زیادی هستند، آغازگرهایی که مقادیر PIC آن‌ها بین ۰/۲۵ و ۰/۵ باشد سودمند هستند و آن‌هایی که کمتر از ۰/۲۵ باشند حاوی اطلاعات سودمند اندکی هستند. در بررسی تنوع ژنتیکی گونه‌های آژیلوپس میانگین محتوای اطلاعات چندشکلی را ۰/۲۲ و میانگین شاخص نشانگر را ۳/۷۱ گزارش کردند. Thomas and Bebeli. (2010) از نظر شاخص H نیز نتایج به‌دست آمده از این پژوهش با نتایج Dresigacker et al. (2004) مطابقت داشت به‌طوری‌که در بررسی این محققان متوسط شاخص تنوع ژنی ۰/٤ گزارش شد. شاخص قدرت تفکیک یکی از پارمترهای مناسب برای انتخاب آغازگر به‌شمار می‌آید زیرا هم از تعداد افراد دارای باند و هم از تعداد آلل تأثیرپذیر می‌باشد. در واقع این شاخص توانایی تفکیک آغازگرهای انتخابی را نشان می‌دهد (Kayis et al. 2010). در مطالعه حاضر متوسط شاخص

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

Rp برابر با ۱/۲۹ بود و بیشترین میزان آن برای آغازگرهای Xgwm-157 و Xgwm-515 (۱/۹٦) و کمترین مقدار آن برای آغازگر Xgwm-567 (۰/۹۷) برآورد شد. متوسط شاخص MI نیز ۰/۵۱ به‌دست آمد. دامنه تغییرات این شاخص بین ۰/۰۰۲ و ۰/۷٤ متغیر بود و بیشتر آغازگرها از مقادیر مشابهی برخوردار بودند. با توجه به نتایج به‌دست آمده مشخص شد مقادیر Rp و MI تا حدودی کمتر از حد انتظار بوده که دلیل آن می‌تواند ناشی از تکثیر حداکثر دو قطعه چندشکل توسط هر یک از آغازگرها می‌باشد. پیش از این Milbourne et al. (1997) اظهار داشتند زیاد بودن مقادیر شاخص‌های Rp و MI نشان‌دهنده تولید تعداد بیشتری باند چندشکل و فراهم کردن اطلاعات بیشتری از ژنوم است. از این‌رو دست‌یابی به چنین نتایجی در این مطالعه دور از انتظار نبود.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی در جدول ۳ نشان داده شده است. براساس این نتایج میزان واریانس بین گونه‌ای برآورد شده (۵۲ درصد) بیشتر از واریانس درون گونه‌ای (٤۸ درصد) بود. بیشتر بودن واریانس بین گونه‌ای می‌تواند مؤید این باشد که گونه‌های فوق دارای بیشترین میزان تفرق از یکدیگر بوده به‌طوری‌که جریان ژنی درون هر یک از آن‌ها در کمترین میزان خود قرار دارد.

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای SSR استفاده شده و نتایج حاصل از تکثیر آن‌ها در جمعیت‌های گندم وحشی *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa*

آغازگر	تعداد آلل	تنوع ژنی	PIC	Rp	MI
Xgwm-16	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۰/۹۹	۰/۷٤
Xgwm-44	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۰۲	۰/۷٤
Xgwm-111	۲	۰/۰۱	۰/۰۰۱	۱/۵۹	۰/۰۰۲
Xgwm-121	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۱٦	۰/۷٤
Xgwm-271	۲	۰/٤٤	۰/۳٤	۱/٤٤	۰/٦۸
Xgwm-272	۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۹٤	۰/۰۰۲
Xgwm-292	۲	۰/۰٦	۰/۰٦	۱/۷۰	۰/۱۲
Xgwm-296	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۰/۹۹	۰/۷٤
Xgwm-301	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۰۲	۰/۷٤
Xgwm-325	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۰/۹۸	۰/۷٤
Xgwm-349	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۰۹	۰/۷٤
Xgwm-382	۲	۰/٤۳	۰/۳٤	۱/۱٦	۰/٦۸
Xgwm-455	۲	۰/٤۹	۰/۳۷	۱/٤٤	۰/۷٤
Xgwm-469	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۰/۹۸	۰/۷٤
Xgwm-515	۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۹٦	۰/۰۰۲
Xgwm-565	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۰/۹۷	۰/۷٤
Xgwm-583	۲	۰/۰۱	۰/۰۰۱	۱/۵۲	۰/۰۰۲
Xgwm-608	۲	۰/۰۸	۰/۰۸	۱/٤٤	۰/۱٦
Xgwm-624	۲	۰/۰۲	۰/۰۳	۱/٦۷	۰/۰٦
Xgwm-157	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۹٦	۰/۷٤
Xgwm-212	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۳۵	۰/۷٤
Xgwm-232	۲	۰/٤۱	۰/۳۳	۱/٦٦	۰/٦٦
Xgwm-311	۲	۰/٤۹	۰/۳۷	۱/۱۷	۰/۷٤
Xgwm-484	۲	۰/۵۰	۰/۳۷	۱/۰۲	۰/۷٤
میانگین	۱/۹٦	۰/۳٤	۰/۲٦	۱/۲۹	۰/۵۱

جدول ۳- تجزیه واریانس مولکولی بر اساس آغازگرهای SSR در دو گونه *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa*

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	واریانس برآورد شده	درصد واریانس
بین گونه‌ای	۱	۱۷۹/۱۰	۳/۸٦	۵۲
درون گونه‌ای	۸۹	۳/۵۸	۳/۵۸	٤۸

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

پیش از این Ahmadi et al. (2020) نیز در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های آژیلوپس واجد ژنوم D با استفاده از نشانگرهای TRAP نشان دادند که میزان تنوع بین گونه‌ای بیش از درون گونه‌ای می‌باشد که در این رابطه با نتایج حاصل از این پژوهش مطابقت نشان داد.

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در گونه *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* برخی از پارامترهای تنوع ژنتیکی مانند تعداد آلل‌های مشاهده شده (*Na*)، تعداد آلل‌های مؤثر (*Ne*)، شاخص اطلاعات شانون (*I*)، شاخص تنوع ژنی نی (*H*) و درصد چندشکلی مکان‌های ژنی (*PPL*) برای هر یک از گونه‌ها محاسبه و نتایج آن‌ها در جدول ٤ نشان داده شده است. همان‌گونه که مشاهده می‌شود میانگین هر یک از شاخص‌های *Na*، *Ne*، *I*، *H* و *PPL* به‌ترتیب با مقادیر ١/٤١، ١/٣١، ٠/٢٨، ٠/١٨ و ٥٣/٠٦ در گونه *Ae. crassa* نسبت به *Ae. cylindrica* بیشتر بود. از این‌رو بر اساس این نتایج می‌توان اظهار داشت ژرم‌پلاسم *Ae. crassa* نسبت به *Ae. cylindrica* از میزان تنوع درون گونه‌ای بالایی برخوردار است که این تنوع می‌تواند امکان یافتن ژن‌ها و آلل‌های مفیدی را برای به نژادگران گندم فراهم آورد. در واقع این نتیجه با بررسی تعداد باندهای اختصاصی (NPB) مشاهده شده در مجموعه توده‌های مربوط به هر گونه تایید شد زیرا گونه *Ae. crassa* نسبت به *Ae. cylindrica* از تعداد NPB بیشتری برخوردار بود. اگرچه در بیشتر مطالعات انجام شده سطح بالایی از تنوع آللی در گونه مورد مطالعه گزارش شده است با این‌حال در بررسی Pour-Aboughadareh et al. (2018) میزان پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با استفاده از نشانگرهای SCoT در گونه *Ae. cylindrica* بیشتر از *Ae. crassa* بود که این مطالعه با نتایج حاصل از این بررسی متناقض بود. در مقابل نتایج Etminan et al. (2019) با نتایج این بررسی مطابقت نشان داد. این محققان با ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ٢٢٨ توده مربوط به گونه‌های آژیلوپس و تریتیکوم با استفاده از نشانگرهای CBDP نشان دادند که گونه *Ae. crassa* نسبت به *Ae. cylindrica* از نظر کلیه پارامترهای ژنتیکی دارای مقادیر بالاتری هستند. Arabbeigi et al. (2014) نیز در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های Ae. cylindrica جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران از نشانگرهای ریزماهواره استفاده نمودن و نتایج حاصل از بررسی آن‌ها بیانگر سطح بالایی از تنوع مولکولی در توده‌های مورد بررسی بود. علاوه بر این، این محققان واکنش توده‌های مذکور در برابر تنش شدید شوری را بررسی و اظهار داشتند که گونه *Ae. cylindrica* می‌تواند به‌عنوان منبع ژنی مهمی برای جستجوی ژن‌های القاکننده مقاومت به شوری در نظر گرفته شودند. علاوه بر این Ahmadi et al. (2018a) با بررسی تنوع آللی زیر واحدهای گلوتنین و گلیادین بر اساس نشانگرهای اختصاصی مبتنی بر DNA گزارش کردند میزان اطلاعات شانون، تنوع ژنی و درصد چندشکلی در توده‌های *Ae. crassa* بیشتر از *Ae. cylindrica* می‌باشد.

به‌منظور بررسی میزان شباهت بین توده‌های مختلف و گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از داده‌های حاصل از ماتریس تشابه جاکارد و الگوریتم نزدیک‌ترین همسایه (Neighbor-joining)، تجزیه خوشه‌ای انجام و دندروگرام آن در قالب شکل ١ نشان داده شده است. با توجه به دندروگرام به‌دست آمده مشخص شد کلیه توده‌های مورد بررسی بر اساس ساختار ژنومی آن‌ها یا به اصلاح بر اساس نوع گونه در دو گروه کاملاً متمایز و جداگانه تفکیک شدند.

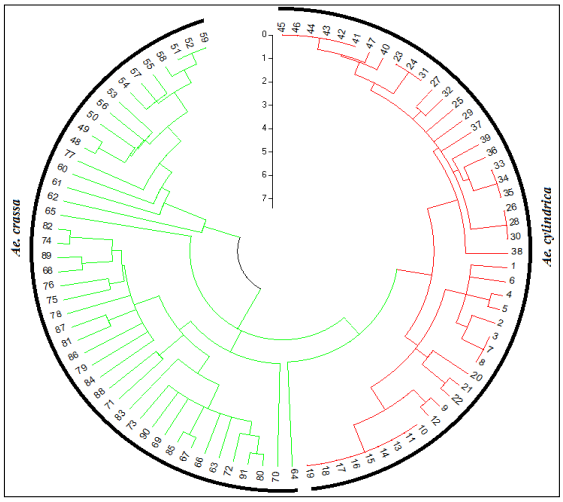
جدول ٤- مقادیر برآورده شده پارامترهای ژنتیکی در دو گونه *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* بر اساس آغازگرهای SSR

پارامتر ژنتیکی	*Ae. cylindrica* (*n* = 47)	*Ae. crassa* (*n* = 44)
تعداد آل‌های مشاهده شده (Na)	١/٢٤ ± ٠/٠٩	١/٤١ ± ٠/١٠
تعداد آل‌های مؤثر (Ne)	١/١٦ ± ٠/٠٤	١/٣١ ± ٠/٠٥
شاخص اطلاعات شانون (I)	٠/١٦ ± ٠/٠٣	٠/٢٨ ± ٠/٠٤
شاخص تنوع ژنی نی (H)	٠/١٠ ± ٠/٠٢	٠/١٨ ± ٠/٠٣
درصد چندشکلی مکان‌های ژنی (PPL)	٣٨/٧٨	٥٣/٠٦
تعداد باندهای اختصاصی (NPB)	٣	٤

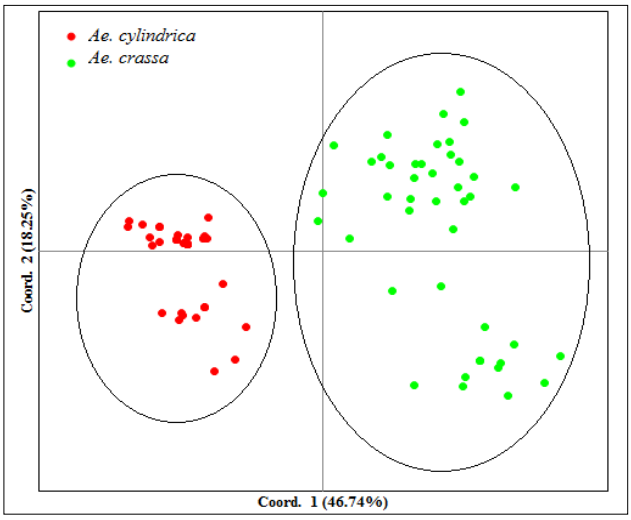
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

از این‌رو گروه اول شامل کلیه توده‌های مربوط به گونه *Ae. cylindrica* و گروه دوم شامل کلیه توده‌های مربوط به گونه *Ae. crassa* بود. این نتایج قابلیت آغازگرهای SSR استفاده شده در این بررسی را نشان می‌دهد که اگرچه تمامی آن‌ها مبتنی بر ژنوم D بوده‌اند به خوبی قادر هستند زیرگونه‌های مختلف را از یکدیگر متمایز نمایند. از این‌رو چنین آغازگرهای جهت بکارگیری در ارزیابی‌های فیلوژنتیکی کارآمد خواهند بود. این نتایج با دیگر مطالعات صورت گرفته با استفاده از نشانگرهای مولکولی همچون TRAP، SCoT و CBDP هم‌خوانی نشان داد (Pour-Aboughadareh et al. 2018; Etminan et al. 2019; Ahmadi et al. 2020; Pour-Aboughadareh et al. 2019).

اطلاعات حاصل از آلل‌های نمره‌دهی شده با روش تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) مورد بررسی تکمیلی قرار گرفت (شکل ۲). نتایج حاصل از این تجزیه نشان داد دو مؤلفه نخست در مجموع ٦٤/٩٨ درصد از اطلاعات مولکولی را در برداشتند که این به‌نوبه خود می‌تواند نشان دهنده پراکنش گسترده آغازگرهای مختلف بر روی ژنوم گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* باشد زیرا سهم هر یک از مؤلفه‌ها به‌خوبی بیانگر توزیع مناسب آغازگرها در ژنوم بود. با بررسی پراکنش توده‌های مربوط به هر گونه در نمودار بای‌پلات ترسیم شده بر اساس دو مؤلفه نخست مشاهده شد که گروه‌بندی به‌دست آمده از این روش تا حد زیادی با دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مطابقت دارد.



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس داده‌های SSR به‌دست آمده در ۹۱ توده وحشی *Ae. cylindrica* و *Ae. Crassa*



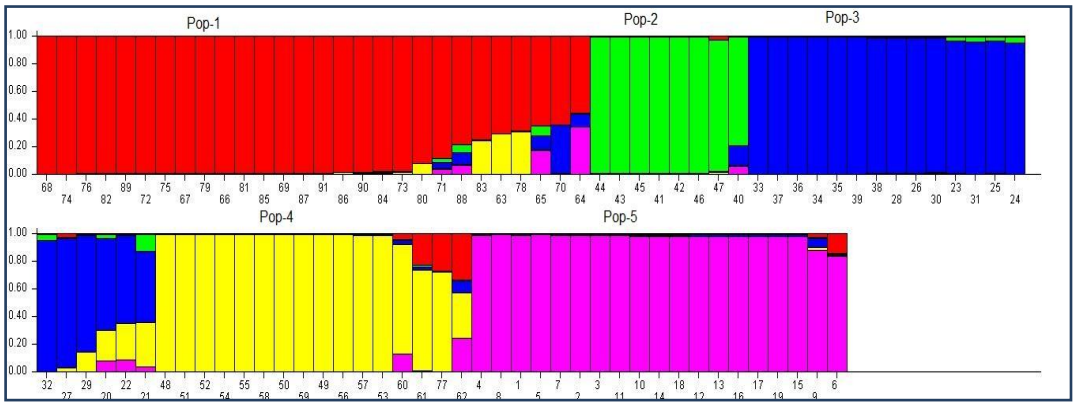
شکل ۲- نمودار دو بعدی حاصل از تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) بر اساس داده‌های SSR

نتایج حاصل از تجزیه ساختار جمعیت نشان داد کلیه توده‌های بررسی شده در ۵ گروه از یکدیگر متمایز شدند. به‌عبارت دیگر مقدار K در حالت بهینه برابر ۵ برآورد شد (K = ۵). شاخص F_{ST} دارای دامنه تغییراتی بین ۰/۵۲ تا ۰/۹۰ با میانگین ۰/۷٦ بود. در واقع این نتیجه بیانگر جدایی ژنتیکی زیر جمعیت‌های مشاهده شده در بین توده‌های مورد ارزیابی می‌باشد. یکی از دلایل اصلی بالا بودن مقدار F_{ST} می‌تواند ناشی از ایزوله بودن جمعیت‌های جمع‌آوری شده از مناطق مختلف باشد که پس از سالیان طولانی به‌واسطه سازگار شدن به شرایط رشدی خود از دیگر جمعیت‌ها متمایز شده‌اند. در واقع می‌توان عنوان نمود میزان جریان ژنی بین جمعیت‌ها در حد پایینی قرار دارد. با بررسی الگوی گروه‌بندی توده‌ها مشاهده شد زیر جمعیت اول (Pop-1) در برگیرنده ٢٦ توده از گونه *Ae. crassa*، زیر جمعیت دوم (Pop-2) شامل هشت توده از گونه *Ae. cylindrica*، زیر جمعیت سوم (PoP-3) شامل ۲۰ توده از گونه *Ae. cylindrica*، زیر جمعیت چهارم شامل ۱۵ توده از گونه *Ae. crassa*، زیر جمعیت پنجم نیز شامل ۱۹ توده از گونه *Ae. cylindrica* بود. توده شماره ٦٢ نیز با دارا بودن سهم عضویت کمتر از ۰/۵ در هیچ زیر جمعیتی قرار نگرفت. این الگوی گروه‌بندی به‌خوبی نشان داد هر یک از زیر جمعیت‌ها به‌صورت کاملا واضحی از یکدیگر تفکیک شده و دلیلی بر تمایز ژنتیکی آن‌ها دارد به‌طوری‌که این الگو با ضرایب F_{ST} برآورد شده برای هر زیر جمعیت تایید شد. شاخص F_{ST} برای زیر

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

جمعیت‌های اول تا پنجم به‌ترتیب عبارت بود از ۰/۹۰، ۰/۸٤، ۰/۸۱، ۰/۵۲، ۰/۸۹ و ۰/٦۳. از این‌رو می‌توان اظهار داشت هر یک از زیر جمعیت‌های مورد بررسی دارای حداکثر تمایز ژنتیکی از یکدیگر هستند.

با در نظرگرفتن نتایج به‌دست آمده از تجزیه‌های آماری مختلف مشخص شد سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های وحشی *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* بر اساس داده‌های SSR وجود دارد که این میزان تنوع ژنتیکی می‌تواند به‌عنوان ابزاری جهت بهره‌برداری از این منابع ژرم‌پلاسمی در برنامه‌های اصلاحی گندم به‌کار گرفته شود. لذا توصیه می‌شود مطالعات تکمیلی چه در سطح مولکولی و چه در سطح گلخانه‌ای و مزرعه‌ای جهت غربال تعداد بیشتری توده از هر یک از گونه‌های فوق با هدف شناسایی ژن‌ها و آلل‌های مرتبط با القای تحمل به تنش‌های زنده و غیر زنده و حتی کیفیت دانه صورت گیرد.



شکل ۳- گروه‌بندی ۹۱ توده متعلق به گونه‌های *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica* بر اساس داده‌های SSR و مبتنی بر مدل Bayesian

منابع

Ahamdi J, Pour-Aboughadareh A, Fabriki-Ourang S, Mehrabi AA (2018a) Molecular detection of glutenin and gliadin genes in the domesticated and wild relatives of wheat using allele-specific markers. Cereal Research Communication 46:510–520.

Ahmadi J, Fabriki-Ourang S, Pour-Aboughadareh A (2020) Evaluation of genetic diversity in *Aegilops* populations possessing D genome using SCoT and TRAP markers. Modern Genetics 14:221–230.

Ahmadi J, Pour-Aboughadareh A, Ourang SF, Mehrabi AA, Siddique KHM (2018b) Wild relatives of wheat: *Aegilops–Triticum* accessions disclose differential antioxidative and physiological responses to water stress. Acta Physiologiae Plantarum 40:90.

Ahmadi J. Pour-Aboughadarh A, Fabriki-Ourang S, Mehrabi AA, Siddique KHM (2018c) Screening wheat germplasm for seedling root architectural traits under contrasting water regimes: potential sources of variability for drought adaptation. Archives of Agronomy and Soil Science 64:1351-1365.

Arabbeigi M, Arzani A, Majidi MM, Kiani R, Tabatabaei BES, Habibi F (2014) Salinity tolerance of *Aegilops cylindrica* genotypes collected from hyper-saline shores of Uremia Salt Lake using physiological traits and SSR markers. Acta Physiologiae Plantarum 36:2243–2251.

Asghari S, Mirfakhraii R, Abbasi A (2012) Genetic diversity of some of Bread wheat cultivars using SSR molecular markers and some of physiological traits under chilling stress. MSc dissertation, Faculty of Agriculture, University of Tarbiat Modares, Iran. (In Farsi).

Botstain, D., White, R., Skolnick, M. and Davis, R. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. The American Journal of Human Genetics, 32: 314-331

Doyle JJ, Doyle KJ (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin 19:11–15.

Dresigacker S, Zhang P, Warburton ML, Ginkelt ML, Hoisington DA, Bohn M, Melchinger AE (2004) SSR and pedigree analyses of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted of different megaenviroments. Crop Science 44:381–388.

Earl DA, vonHoldt BM (2012) Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetic Resources 4: 359–361.

Ehtemam M, Rahiminejad MR, Saeidi H, Sayed Tabatabaei BE, Krattinger S, Keller B (2010) Relationships among the A genomes of *Triticum* L. species

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]

as evidenced by SSR markers in Iran. International Journal of Molecular Sciences 11:4309–4325.
Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mehrabi AA, Shooshtari L, Ahmadi-Rad A, Moradkhani H (2019) Molecular characterization of the wild relatives of wheat using CAAT-box derived polymorphism. Plant Biosystem. 153:398–405.
Hajjar R, Hodgking T (2007) The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years. Euphytica 156:1–13.
Hedge SG, Valkoun J, Waines JG (2002) Genetic diversity in wild and weedy *Aegilops*, *Amblyopyrum*, and secale species a preliminary survey. Crop Science 42:608-614.
Kayis SA, Hakki EE, Pinarkara E (2010) Comparison of effectiveness of ISSR and RAPD markers in genetic characterization of seized marijuana (*Cannabis sativa* L.) in Turkey. African Journal of Agricultural Research 5:2925-2933.
Kilian B, Ozkan H, Deusch O, Effgen Sm Brandolini A, Kohl J, Martin W, Salamini F (2007) Independent wheat B and G genome origins in outcrossing *Aegilops* progenitor haplotypes. Molecular Biology Evolution 24:217–227.
Kimber G, Feldman M (1987) Wild wheat: An introduction. University of Missouri, Columbia.
Litt and Luty (1989) A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. The American Journal of Human Genetics 44:397-401.
Liu K, Muse SV (2005) PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. Bioinformatics 21:2128-2129.
Maxted N, Ford-Lloyd BV, Jury SL, Kell SP, Scholten MA (2006) Towards a definition of a crop wild relative. Biodiversity and Conservation 15:2673–2685.
Milbourne D, Meyer R, Bradshaw JE, Baird E, Bonar N, Provan J, Powell W, Waugh R (1997) Comparison of PCR-based marker systems for the analysis of genetic relationships in cultivated potato. Molecular Breeding 3:127-136.
Morris R, Sears ER (1967) The cytogenetics of wheat and its relatives. In: Quisenberry KS, Reitz LP (Eds.) Wheat and wheat improvement. American Society of Agronomy. Monographs, Madison, Wisconsin, 9–87.
Naghavi MR, Hajikram M, Taleei AR, Aghaei MJ (2010) Microsatellite analysis of genetic diversity and population genetic structure of *Aegilops tauschii* Coss. in northern Iran. Genetic Resources and Crop Evolution 57:423–430.
Naghavi MR, Maleki M, Alizadeh H, Pirseiedi M, Mardi M (2009b) An assessment of genetic diversity in wild diploid wheat *Triticum boeoticum* from west of Iran using RAPD, AFLP and SSR markers. Journal of Agricultural Science and Technology 11:585–598.
Nevo E (1998) Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their bearing on conservation ex situ and in situ. Genetic Resource and Crop Evolution 45:355–370.
Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology 6:288–295.
Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA Etminan A, Moghaddam M (2018b) Insight into the genetic variability analysis and relationships among some *Aegilops* and *Triticum* species, as genome progenitors of bread wheat, using SCoT markers. Plant Biosystem 152:694–703.
Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA, Moghaddam M, Etminan E, Siddique KHM (2017) Physiological responses to drought stress in wild relatives of wheat: implications for wheat improvement. Acta Physiologiae Plantarum 39:49.
Pour-Aboughadareh A, Etminan A, Shooshtari L, Maleki-Tabrizi N (2019) Comparative assessment of SCoT and CBDP markers for investigation of genetic diversity existing in different *Aegilops* species. Agricultural Biotechnology Journal 11:153-174.
Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.
Pour-Aboughadareh A, Omidi M, Etminan A, Mehrabi AA (2018) The importance of wild wheat germplasm in breeding for resistance to abiotic stresses. Modern Genetics 12:489-493.
Saeidi H, Rahiminejad MR, Vallian S, Heslop-Harison JS (2006) Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss. In Iran measured using microsatellites. Genetic Resources and Crop Evolution 53:1477–1484.
Schneider A, Molnar I, Molnar-Lang M (2008) Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. Euphytica 163:1–19.
Tahernezhad Z, Zamani MJ, Solouki M, Zahravi M, Imamjomeh AA, Jafaraghaei M, Bihamta MR (2010) 'Genetic diversity of Iranian *Aegilops tauschii* Coss. using microsatellite molecular markers and morphological traits. Molecular Biology Reports 37:3413–3420.
Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher Gm Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology and Evolution 28:2731–2739.
Thomas, K.G. and Bebeli, P.J. (2010). Genetic diversity of Greek Aegilops species using different types of nuclear genome markers. Molecular Phylogenetics and Evolution, 56: 951-961.
Warschefsky E, Penmetsa RV, Cook DR, von Wettberg EJB (2014) Back to the wilds: tapping evolutionary adaptations for resilient crops through systematic hybridization with crop wild relatives. American Journal of Botany 101:1791–1800.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.3.8.3]