ژنتیک نوین
دوره هفدهم، شماره ۴، زمستان ۱۴۰۱
صفحه ۴۶۱-۴۴۹

مطالعه تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت در یک مجموعه از اکسشن های مختلف *Triticume urartu* با استفاده از نشانگرهای بین ریزماهواره‌ای

The study of genetic diversity and population structure in a set of different accessions of *Triticume urartu* using inter simple sequence repeat markers

فتانه غلامیان[۱] ، مهدی چنگیزی[۱] ، علیرضا اطمینان*[۲] ، شهاب خاقانی[۱] ، مسعود گماریان[۱]

۱- به‌ترتیب دانشجوی دکترا، دانشیار، استاد و استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد اراک، دانشگاه آزاد اسلامی، اراک، ایران

۲- دانشیار، گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

Fataneh Gholamian[1], Mehdi Changizi[1], Alireza Etminan[2*], Shahab Khaghani[1], Mosoud Gomarian[1]

1. PhD student, Associate Professor, Professor, Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Arak Branch, Islamic Azad University, Arak, Iran
2. Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Alietminan55@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۹/۳۰ - تاریخ پذیرش:۱۴۰۰/۱۱/۱۱)

چکیده

تعیین تنوع ژنتیکی یک مرحله مهم و اساسی در برنامه‌های به‌نژادی محسوب می‌شود. گونه وحشی *T. urartu* به‌عنوان دهنده ژنوم A به گندم‌های زراعی، به‌واسطه دارا بودن تنوع اللی غنی از نظر صفات مهمی از جمله ویژگی های زراعی، کیفیت پروتئین و تحمل به تنش‌های زنده، منبع ژنتیکی ارزشمندی برای اصلاح گندم می باشد. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت موجود در ۸۵ اکسشن مختلف *T. urartu* جمع آوری شده از مناطق مختلف جغرافیایی ایران با استفاده از نشانگرهای ISSR مورد بررسی قرار گرفت. تعداد ۱۶ آغازگر ISSR در مجموع ۱۶۴ باند را تکثیر نمودند که همگی آنها چندشکل بودند. متوسط شاخص محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) و شاخص نشانگر (MI) بترتیب ۰/۴۴ و ۴/۵۳ به دست آمد که بیانگر قدرت تفکیک بالای آغازگرهای مورد استفاده بود. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به روش NJ و بر اساس ضریب عدم تشابه جاکارد تمام ۸۵ اکسشن مختلف را در دو گروه اصلی طبقه‌بندی نمود که این طبقه‌بندی با نتایج تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از نرم افزار STRUCTURE مطابقت داشت. تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) نشان داد که سهم بالایی (۹۶درصد) از تنوع کل مربوط به تنوع درون جمعیت ها بوده و سهم تنوع بین گروه ها بسیار کمتر (۴درصد) می باشد. بر اساس شاخص‌های تنوع مانند تعداد الل موثر (Ne) شاخص شانون (I) و شاخص تنوع Nei(He) تنوع نسبتاً برابری در داخل جمعیت‌های مورد مطالعه مشاهده شد. این نتایج نشان داد مقدار قابل‌توجهی از تنوع ژنتیکی در بین اکسشن‌های مورد مطالعه وجود دارد که این یافته ضرورت حفاظت از این ذخایر ژنتیکی ارزشمند و همچنین پتانسیل قابل توجه خویشاوندان وحشی گندم را برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی یادآور می‌شود. این نتایج همچنین بیانگر کارایی نشانگرهای ISSR به‌عنوان تکنیکی قابل اعتماد و کارآمد در بررسی تنوع و مطالعات انگشت نگاری می‌باشد.

واژه‌های کلیدی

تنوع ژنتیکی
خویشاوندان وحشی
فرسایش ژنتیکی
گندم
نشانگرهای ملکولی

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

مقدمه

فرسایش ژنتیکی یکی از نتایج منفی برنامه‌های به‌نژادی و سیستم‌های نوین زراعت در جهان است. گزارش‌های موجود بیانگر آن است که که ایجاد ارقام اصلاح شده تاکنون منجر به از دست رفتن چیزی در حدود سه چهارم تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی مهم شده است که تهدیدی جدی برای گونه‌های گیاهی و کشاورزی پایدار به‌شمار می‌آید (Al-Maamari et al. 2020). همانند سایر گونه های گیاهی، میزان تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم گندم نیز در نتیجه فرایندهای به‌نژادی و کشت و کار ارقام تجاری پرمحصول دستخوش تغییر قرار گرفته است (Peng et al. 2011; Reif et al. 2011).

از سوی دیگر طی چند دهه اخیر، جهان با تغییرات اقلیمی شدیدی روبرو بوده که این تغییرات به واسطه تاثیر بر شرایط زیست بوم‌ها و نیز به‌وجود آمدن تنش‌های محیطی مختلف می‌تواند تاثیر به‌سزایی بر تولیدات کشاورزی داشته باشد (Fita et al. 2015; Pour-Aboughadareh et al. 2018). سازگاری کشاورزی با تغییرات اقلیمی یکی از موضوعات چالشی حال حاضر در حوزه تولیدات غذایی بوده و ضرورت امنیت غذایی جهان ایجاب می‌کند گیاهانی که با هدف تامین غذای مردم دنیا کشت و کار می‌شوند بتوانند با شرایط اقلیمی جدید سازگار باشند (Lipper et al. 2014).

مطالعه تنوع ژنتیکی نه تنها با هدف حفاظت از ژرم‌پلاسم و جلوگیری از فرسایش ژنتیکی، بلکه به‌منظور فراهم شدن اطلاعات جامع در خصوص میزان تنوع و ساختار جمعیت‌های گیاهی برای گزینش والدین مناسب در انجام تلاقی‌ها و ایجاد جمعیت‌های جدید، مدیریت منابع ژرم‌پلاسم، استفاده از آلل‌های مطلوب برای اصلاح کمی و کیفی گیاهان زراعی و ایجاد ارقام مناسب بر اساس اهداف برنامه‌های به‌نژادی نقش بسیار مهمی دارد (Al-Maamari et al. 2020; Mohammadi and Prasanna 2003). یکی از راه‌های جلوگیری از فرسایش ژنتیکی توجه به به‌کارگیری مواد ژنتیکی متنوع در برنامه های به‌نژادی و استفاده از ژرم‌پلاسم‌های مختلف برای ایجاد جمعیت‌های اصلاحی است. در این راستا، خویشاوندان وحشی یکی از ژرم پلاسم‌های مهم قابل استفاده برای اصلاحگران به منظور ایجاد واریته‌های جدید در گیاهان زراعی می‌باشند و امروزه انجام تلاقی‌های بین گونه‌ای بین گندم و خویشاوندان وحشی آن به‌عنوان راهکاری برای غلبه بر مشکل کاهش تنوع ژنتیکی در خزانه ژرم‌پلاسم این گیاه زراعی مهم تلقی می شود (King et al. 2017; Zhang et al. 2017).

خویشاوندان وحشیِ گیاهان زراعی منابع ژنتیکی بسیار ارزشمندی هستند که اهمیت این منابع ارزشمند عمدتاً به خاطر ژن‌های با ارزش آنها است؛ چه ژن‌های شناخته شده‌ای که مقاومت به تنش‌های زنده، سازگاری به شرایط نامساعد محیطی و همچنین کیفیت محصول را کنترل می‌کنند و چه ژن‌هایی که در حال حاضر ناشناخته هستند و در آینده می‌توانند در پروژه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند (Pour-Aboughadareh et al. 2018). با اینحال، یکی از موانع به کارگیری خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی در برنامه‌های به‌نژادی، دانش محدود ما از تنوع ژنتیکی موجود در این ژرم‌پلاسم و همچنین چالش‌های مربوط به ترکیب الل‌های مطلوب آنها در لاین‌های اصلاحی می‌باشد (Brunazzi et al. 2018).

چندین گونه مختلف از دو جنس تریتیکوم[1] و آژیلوپس[2] مهمترین خویشاوندان وحشی گندم زراعی را تشکیل می‌دهند؛ به‌طوری‌که برخی از این گونه‌ها به‌صورت مستقیم یا غیرمستقیم به‌عنوان والد بخشنده ژنوم های A ، B و D شناخته می‌شوند.

گونه *Triticume urartu* (2*n* = 14; genome A^uA^u) یکی از خویشاوندان وحشی مهم گندم است که بخشنده ژنوم A به گندم زراعی تتراپلوئید *T. turgidum* subsp. *durum* (2*n* = 28; genome AABB) یا همان گندم ماکارونی، و همچنین گندم زراعی هگزاپلوئید *T. aestivum* (2n = 42; genome AABBDD) یا همان گندم نان محسوب می‌شود (Dvorak et al. 1993). در نتایج تحقیقات گذشته نشان داده شده است که گونه *T. urartu* واجد ژن‌های کنترل‌کننده صفات زراعی مهمی همچون نرخ فتوسنتز بالا (Austin et al. 1986; Morganand and Austin, 1986)، کیفیت دانه (Guzmán and Alvarez 2012) و مقاومت به بیماری (Rouse and Jin, 2011; Sheedy et al., 2012; Qiu et al.

[1] Triticume
[2] Aegilops

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

2005) می‌باشد که می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی به منظور ایجاد واریته‌های تجاری جدید گندم مورد استفاده قرار گیرد.

ایران یکی از مراکز اصلی تنوع و پراکنش گونه‌های وحشی گندم محسوب می شود و این منطقه جغرافیایی به‌عنوان جزیی از هلال حاصلخیز نقش بسزایی در تکامل گندم زراعی داشته است که در این ارتباط گزارش‌هایی مبنی بر تکامل گندم‌های امر در رشته کوه‌های زاگرس واقع در مناطق غربی ایران نیز ارائه شده است (Weide et al. 2013; Zohary and Hopf 1973).

نشانگرهای ISSR[1] از جمله نشانگرهای پرکاربرد در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی مختلف می‌باشند. این نشانگر مولکولی، یک نشانگر نیمه‌تصادفی است و برای طراحی آغازگرهای آن نیازی به دانستن اطلاعات خاصی در خصوص ژنوم نیست. در این سیستم نشانگری، تکثیر در حضور یک آغازگر مکمل با توالی‌های میکروساتلایت هدف انجام می‌گیرد و قطعات تکثیر شده، توالی‌هایی از ژنوم هستند که بین دو قطعه متوالی و معکوس از توالی‌های تکراری میکروساتلایت قرار گرفته‌اند. از نشانگرهای ISSR و SSR در مطالعات تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار جمعیت در گونه‌های زراعی و وحشی گندم استفاده شده که از آن جمله می‌توان به ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم گندم دوروم (Heidari et al. 2017)، مطالعه تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت در گونه *Aegilops triuncialis* (Khodaee et al. 2021)، بررسی تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف*Triticum boeoticum* (Mousavi et al. 2019)، بررسی ساختار جمعیت و تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف *Aegilops tauschii* (Nouri et al. 2021) و بررسی روابط ژنتیکی در اکسشن های دو جنس تریتیکوم وآژیلوپس(Moradkhani et al. 2012) اشاره نمود.

تاکنون تنوع ژنتیکی در گونه وحشی *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای ملکولی مختلفی نظیر نشانگر تصادفی RAPD-PCR (Vierling and Nguyen 1992; Castagna et al. 1997; Dhaliwal et al. 1993)، آیزوزایم (Moghaddam et al. 2000)، RFLP (Castagna et al. 1997)، AFLP (Baum and Bailey 2013) و SCoT (Gholamian et al. 2019) مورد بررسی قرار گرفته است. در این تحقیق، تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف گونه *T. urartu* جمع آوری شده از مناطق مختلف غرب و شمال‌غرب ایران با استفاده از نشانگرهای ISSR مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این تحقیق شامل تعداد ۸۵ اکسشن مختلف از گونه وحشی *T. urartu* جمع‌آوری شده از ۷ منطقه جغرافیایی مختلف (جدول۱) عمدتا شامل مناطق غربی و شمالغربی ایران بود که مشخصات محل جمع‌آوری و اندازه هر جمعیت به تفکیک هر منطقه در جدول۱ ارائه شده است. بذور هریک از اکسشن‌ها در سینی مخصوص نشاء کشت و جهت تولید گیاهچه در شرایط گلخانه نگهداری شد.

پس از رشد گیاهچه‌ها، استخراج DNA از بافت برگ هر تک بوته به روش CTAB (Doyle and Doyle 1987) انجام شد و سپس کیفیت DNA استخراج شده بر روی ژل آگارز ۰/۸درصد مورد بررسی و تایید قرار گرفت. در مجموع تعداد ۱۶ آغازگر ISSR از بین آغازگرهای مورد استفاده الگوهای باندی قابل امتیازدهی ایجاد نمودند و تجزیه و تحلیل آماری بر مبنای این تعداد آغازگر انجام شد.

دمای اتصال آغازگرها با استفاده از روش گرادیانت PCR بهینه‌سازی گردید و واکنش‌های PCR با تمام ۸۵ نمونه DNA در دستگاه ترموسایکلر Biorad مدل T-100 انجام شد. واکنش‌های PCR در حجم ۲۰ میکرولیتر شامل ۲ میکرولیتر DN الگو، ۲ میکرولیتر آغازگر با غلظت ۱۰پیکومول بر میکرولیتر، ۱۰میکرولیتر 2X Master Mix و ۶ میکرولیتر آب دیونیزه استریل (DDW) انجام شد و واکنش‌های تکثیر با برنامه دمایی شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴ دقیقه و سپس ۳۰ چرخه حرارتی شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه، اتصال آغازگر در دمای بهینه‌شده برای هریک از آغازگرها به مدت یک دقیقه و مرحله توسعه رشته در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت دو دقیقه و

[1] Inter simple sequence repeats

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

در نهایت یک مرحله بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۷ دقیقه انجام شد.

قطعات تکثیر شده در واکنش PCR با استفاده از روش الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد تفکیک و ژل‌های حاصل به‌وسیله Safeview رنگ‌آمیزی گردید. سپس تصویر الگوهای باندی، در دستگاه Gel documentation ثبت و امتیازدهی باندها به‌صورت صفر و یک (به‌ترتیب برای عدم وجود باند و وجود باند) انجام شد.

برای بررسی سودمندی آغازگرهای مورد استفاده شاخص‌های میزان محتوای اطلاعات چندشکل (PIC۱) قدرت تفکیک (Rp۲) و شاخص نشانگر(MI۳) محاسبه شد. جهت برآورد مقادیر فواصل ژنتیکی بین جفت نمونه‌ها از ضریب عدم تشابه جاکارد استفاده شد و به‌منظور گروه‌بندی نمونه‌ها، تجزیه خوشه‌ای به‌روش Neighbor joining (NJ) انجام گردید. از نرم‌افزارهای DARwin ver. 6 (Perrier et al 2006) و MEGA ver. 5.1 (Tamura et al. 2011) برای انجام تجزیه‌های آماری نظیر تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مختصات اصلی و برآورد فواصل ژنتیکی و همچنین رسم دندروگرام، نمودار توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی استفاده شد. تجزیه ساختار جمعیت در توده‌های ارزیابی شده نیز با استفاده از نرم STRUCTURE صورت گرفت. در این تجزیه جهت یافتن زیر جمعیت‌های واقعی تجزیه بر پایه مدل بیزین (Bayesian) انجام و به تعداد ۱۰ مرتبه تکرار شد. تعداد شاخص-های burn-in و شاخص Markov Chain Monte Carlo (MCMC) در هر تکرار به تعداد مساوی و ۵۰۰۰۰ در نظر گرفته شد. سپس به منظور دستیابی به تعداد زیر جمعیت‌های واقعی از نرم افزار بر خط Structure Harvester (Earl and von Holdt 2012) استفاده شد. همچنین به‌منظور تجزیه و تحلیل تنوع درون و بین جمعیت‌ها، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) و همچنین برآورد پارامترهای ژنتیکی شامل درصد لوکوس‌های چندشکل (PPL)، شاخص شانون (I)، هتروزیگوسی (He)، تعداد آلل‌های مشاهده شده (Na) و تعداد آلل‌های مؤثر (Ne) با استفاده از نرم GenAlEx- ver 6.5 (Peakall and Smouse 2006) انجام شد.

جدول۱: مشخصات محل جمع آوری اکسشن های *T. urartu* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران

Longitude (E)	Latitude (N)	ارتفاع از سطح دریا (متر)	اندازه نمونه	کد ژنوتیپ-ها	محل جمع‌آوری نمونه ها
46°16′18″	34°27′22″	۱۵۰۹	۱۴	۱-۱۴	باشماق
46°19′24″	33°17′52″	۱۹۷۱	۱۳	۱۵-۲۷	کرند
50°51′29″	33°53′30″	۱۶۷۳	۱۰	۲۸-۳۷	سیسخت
51°11′34″	33°53′30″	۱۷۹۶	۱۳	۳۸-۵۰	فرخشهر
47°25′22″	36°25′26″	۱۵۵۱	۱۲	۵۱-۶۱	بیستون
47°52′33″	34°25′26″	۱۶۳۷	۱۰	۶۲-۷۲	سنقر
42°19′31″	35°37′34″	۱۵۱۸	۱۳	۷۳-۸۵	مریوان

نتایج و بحث

۱۶ آغازگر مورد استفاده برای تکثیر قطعات ژنومی در مجموع تعداد ۱۶۴ باند تکثیر کردند که همگی باندها چندشکل بودند (میزان چندشکلی ۱۰۰ درصد). تعداد باندهای چندشکل در بین آغازگرها از ۷ باند برای آغازگر ISSR-15 تا ۱۵ باند برای آغازگر ISSR-25 متفاوت بود و متوسط تعداد باند چندشکل به‌ازای هر نشانگر معادل ۱۰/۲۵به‌دست آمد (جدول۲). میانگین شاخص محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) برای آغازگرهای ISSR برابر ۰/۴۴ به‌دست آمد و مقادیر آن در دامنه‌ای بین ۰/۳۷ (آغازگر ISSR-15) تا ۰/۴۷ (آغازگرهای ISSR-01 و ISSR-14) متغیر بود. میانگین شاخص نشانگر (MI) نیز برای آغازگرهای مورد استفاده برابر ۴/۵۳ با دامنه تغییر ۲/۶۳ تا ۶/۶۷ به‌ترتیب برای آغازگرهای ISSR-15 و ISSR-25 بود. همچنین شاخص Rp دارای متوسط ۶/۵۸ برای مجموع آغازگرهای ISSR بود (جدول۲). شاخص محتوای اطلاعات چندشکل بر اساس فراوانی آلل‌ها محاسبه می شود و بیانگر قدرت تمایز آغازگر ها می باشد (Powell et al. 1996). به عبارت دیگر شاخص PICاحتمال تشخیص چندشکلی ایجاد شده توسط یک آغازگر بین دو فرد می‌باشد که به تعداد آلل‌های قابل تشخیص و فراونی آنها وابسته است. علاوه بر شاخص PIC، شاخص های دیگری نظیر MI و

[1] Polymorphism information content
[2] Resolving power
[3] Marker index

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

Rp نیز می‌تواند در تعیین کارایی یک سیستم نشانگری مفید واقع شود، زیرا این شاخص ها هر یک به نحوی به قابلیت یک آغازگر در نشان دادن قطعات چندشکل و قدرت تفکیک آنها اشاره دارند (Prevost & Wilkinson 1999; Powell et al. 1996; Anderson et al. 1993). با توجه به حداکثر مقدار شاخص محتوای اطلاعات چند شکل(PIC) برای نشانگرهای غالب (۰/۵۰) این نتایج نشان داد که آغازگرهای مورد استفاده از کارایی بسیار خوبی در تفکیک ژنوتیپ های مورد مطالعه برخوردار بوده اند و برای سایر مطالعات تنوع ژنتیکی قابل توصیه هستند.

کارایی نشانگرهای ISSR در مطالعات تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف گندم مانند گندم دوروم (Shaygan et al. 2021; Heidari et al. 2017; Etminan et al. 2016)، گونه های مختلف *Aegilops* (Thomas and Bebeli 2010)، گونه‌های دیپلوئید وحشی گندم (Pour-Aboughadareh et al., 2017)، اکسشن‌های مختلف *Ae. triuncialis* (Khodaee et al. 2021)، گونه‌های آژیلوپس واجد ژنوم D (Moradkhani et al. 2015) ، اکسشن‌های مختلف *Aegilops tauschii* (Nouri et al. 2021) گزارش شده است.

جدول۲- توالی و شاخص های برآورد شده آغازگرهای ISSR مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی اکسشن‌های *T. urartu* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران

ردیف	آغازگر	توالی آغازگر	TAB	NPB	PIC	MI	Rp
1	ISSR -01	DBDACACACACACACACA	۱۱	۱۱	۰/۴۷	۵/۱۸	۳/۳۷
2	ISSR -03	GACAGACAGACAGACA	۱۰	۱۰	۰/۴۶	۴/۶۴	۷/۳۲
3	ISSR -04	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	۹	۹	۰/۴۳	۳/۸۶	۵/۶۲
4	ISSR -05	ACACACACACACACACC	۱۱	۱۱	۰/۴۴	۴/۸۷	۷/۲۹
5	ISSR -06	GAGAGAGAGAGAGAGARC	۱۲	۱۲	۰/۴۳	۵/۲۲	۷/۶۹
6	ISSR -07	CTCTCTCTCTCTCTCTG	۱۱	۱۱	۰/۴۵	۵/۰۶	۷/۸۸
7	ISSR -09	CACACACACACACACAG	۸	۸	۰/۴۳	۳/۴۹	۵/۱۵
8	ISSR -11	ACACACACACACACACYA	۹	۹	۰/۴۰	۳/۶۶	۵/۱۳
9	ISSR -12	GTGTGTGTGTGTGTGTYG	۹	۹	۰/۴۶	۴/۱۹	۶/۶۳
10	ISSR -13	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	۱۰	۱۰	۰/۴۵	۴/۲۰	۷/۰۵
11	ISSR -14	AGAGAGAGAGAGAGAGT	۱۱	۱۱	۰/۴۷	۵/۱۲	۸/۱۱
12	ISSR -15	ACACACACACACACACYG	۷	۷	۰/۳۷	۲/۶۳	۳/۵۰
13	ISSR -23	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	۹	۹	۰/۴۲	۳/۸۲	۵/۵۱
14	ISSR -25	CACACACACACACACARG	۱۵	۱۵	۰/۴۴	۶/۶۷	۱۰/۰۲
15	ISSR -27	TGTGTGTGTGTGTGTGRC	۱۱	۱۱	۰/۴۵	۴/۹۳	۷/۴۶
16	ISSR -28	TCTCTCTCTCTCTCTCG	۱۱	۱۱	۰/۴۵	۵/۰۱	۷/۷۰
		میانگین	**۱۰/۲۵**	**۱۰/۲۵**	**۰/۴۴**	**۴/۵۳**	۶/۵۸

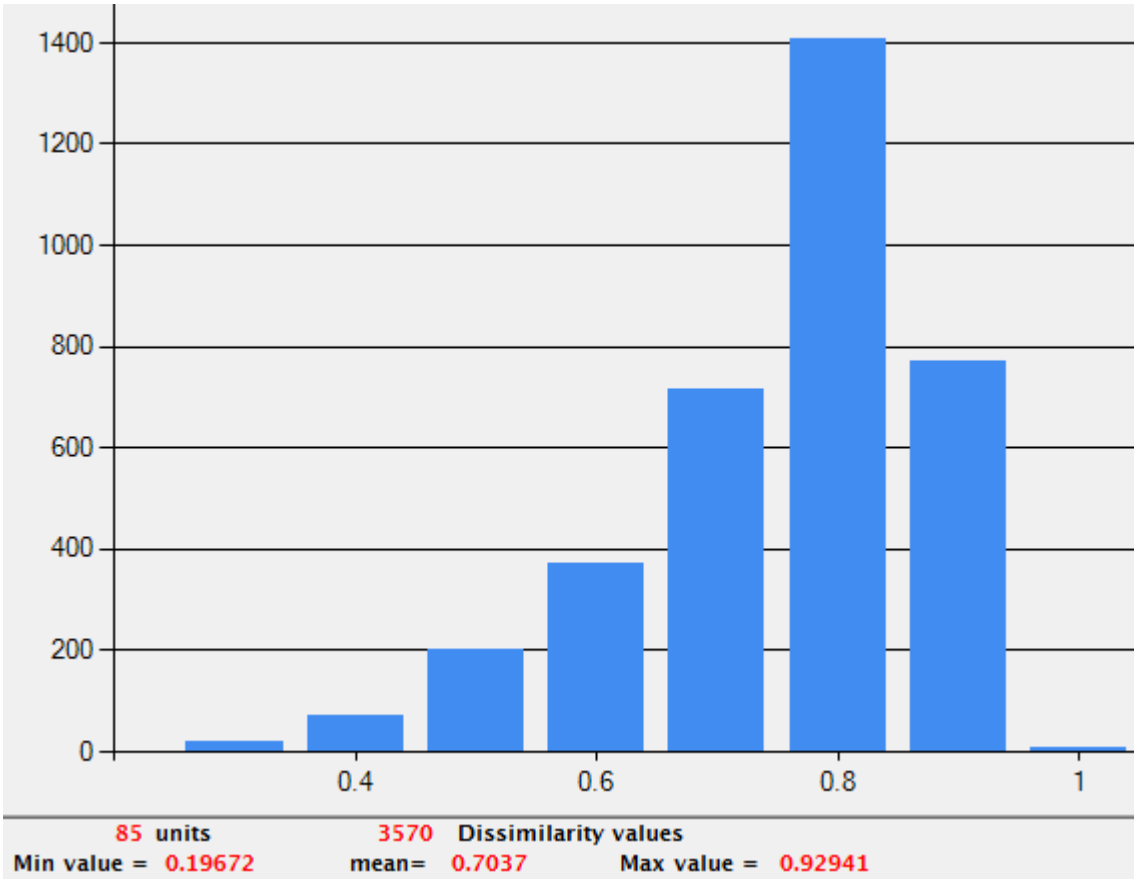
TAB، NPB، PIC ، MI و Rp به‌ترتیب بیانگر تعداد کل باند تکثیر شده، تعداد باند چندشکل، محتوای اطلاعات چندشکل، شاخص نشانگر و قدرت تفکیک می‌باشند.

مقادیر حاصل از محاسبه میزان فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌های های مختلف بیانگر وجود تنوع بالایی در مواد ژنتیکی مورد مطالعه بود. برآورد فواصل ژنتیکی بین جفت نمونه‌ها بر اساس ضریب عدم تشابه جاکارد نشان داد میزان فواصل ژنتیکی با میانگین ۰/۷۰ در دامنه ۰/۱۹ تا ۰/۹۲ بین ژنوتیپ‌های ارزیابی شده متغیر بود. بر اساس این داده ها، بیشترین فاصله ژنتیکی(۰/۹۲) بین اکسشن

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

شماره ۶۱ (از منطقه بیستون) با دو اکسشن شماره ۴۴ و ۴۳ (هردو از منطقه فرخ شهر) مشاهده شد. در مطالعه دیگری که به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در چند گونه آژیلوپس از خویشاوندان وحشی گندم شامل *Ae. tauschii*، *Ae. cylindrica*، *Ae. crassa* و *Ae. speltoides* با استفاده از نشانگرهای ISSR انجام شد نیز سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در داخل هریک از گونه‌ها گزارش شد (Moradkhani et al. 2015). همچنین در تحقیق دیگری که در آن با استفاده از نشانگرهای SSR تنوع ژنتیکی در یک مجموعه بزرگ از اکسشن های مختلف *T. urartu* که عمدتا از کشورهای واقع در ناحیه هلال حاصلخیز جمع آوری شده بودند مورد بررسی قرار گرفت، سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در مجوعه مورد مطالعه شناسایی شد (Wang et al. 2017). در مقابل این نتایج، در بررسی تنوع ژنتیکی در اکسشن های مختلف *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای RFLP و RAPD میزان تنوع در این گونه پایین گزارش شده است (Vierling and Nguyen 1992; Dhaliwal et al. 1993; Castagna et al. 1997). این تناقض علاوه بر اینکه طبیعتا به ماهیت مواد ژنتیکی مورد بررسی مربوط می باشد به عوامل دیگری مانند اندازه جمعیت مورد بررسی، نوع نشانگر و پوشش ژنومی آن و همچنین گستردگی محل جغرافیایی نمونه برداری مرتبط است.

توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی برآورد شده بر اساس ضریب جاکارد در شکل ۱ نشان داده شده است.

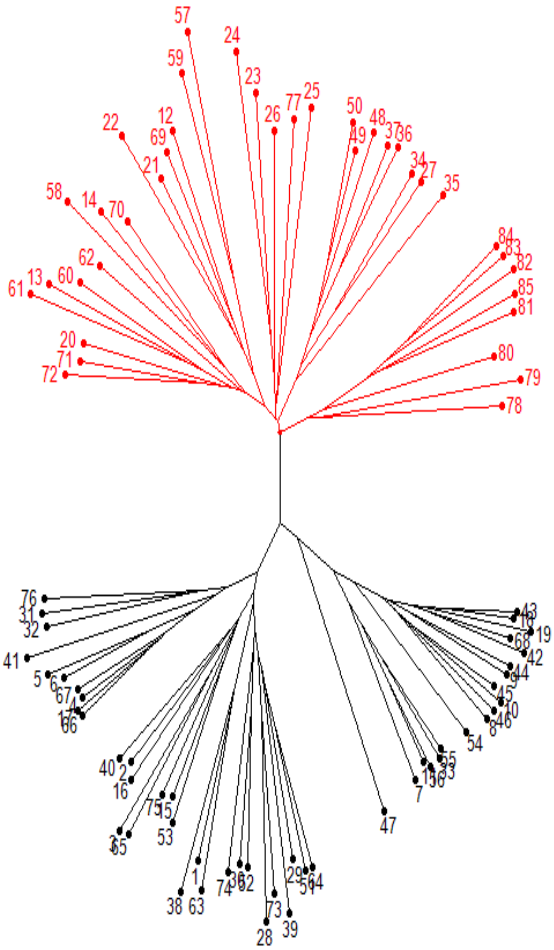


شکل ۱- توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی برآورد شده بین افراد بر اساس ضریب عدم تشابه جاکارد در مطالعه تنوع ژنتیکی اکسشن‌های مختلف *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای ISSR

تجزیه کلاستر بر اساس الگوریتم neighbor joining و ماتریس فاصله جاکارد حاصل از داده های ISSR، اکسشن‌های مورد مطالعه را در دو گروه اصلی دسته‌بندی کرد (شکل۲). در این دسته‌بندی، اکسشن‌های مربوط به مناطق جغرافیایی مشابه تا حدودی با یکدیگر دسته‌بندی شدند اگر چه در مواردی نیز اختلاط اکسشن‌ها و عدم مطابقت بین گروه‌بندی بر اساس تنوع

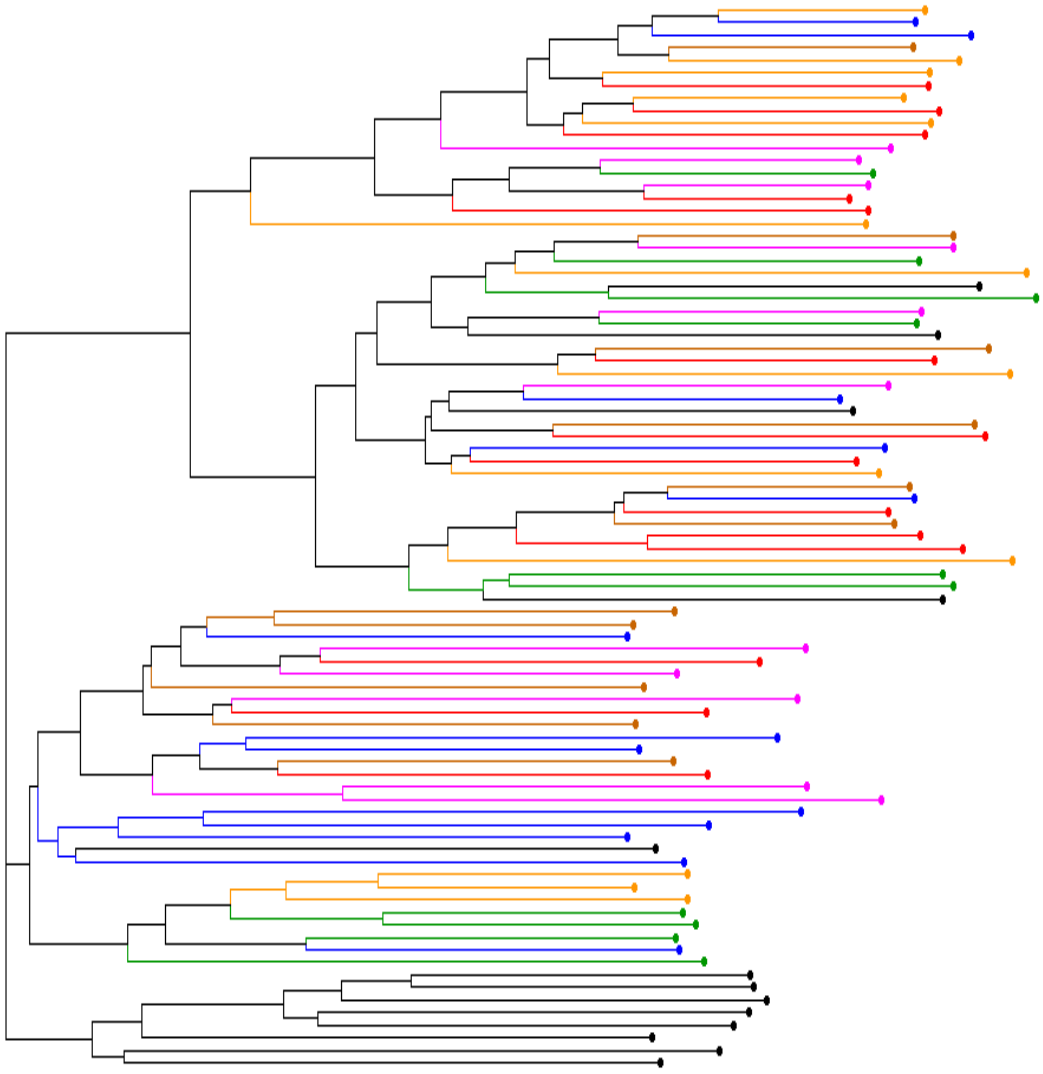
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

مولکولی با پراکنش جغرافیایی مشاهده شد. بنابراین نمی‌توان گروه‌بندی اکسشن‌های مورد مطالعه را بر اساس داده‌های مولکولی در انطباق کامل با پراکنش جغرافیایی و محل جمع‌آوری آن‌ها عنوان نمود. در بررسی تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف *T. urartu* جمع‌آوری شده از مناطق مختلفی از ناحیه هلال حاصلخیز با استفاده از نشانگرهای SNP کلیه اکسشن‌ها در سه گروه از یکدیگر تفکیک شدند به‌طوری‌که در این گروه‌بندی اکسشن‌های ناحیه شرقی هلال حاصلخیز با یکدیگر در یک گروه قرار گرفتند و اکسشن‌های جمع‌آوری شده از کشورهای اردن و لبنان نیز در یک کلاستر قرار گرفتند. این گروه‌بندی تا حدود زیادی تنوع مولکولی اکسشن‌ها را منطبق بر فاصله جغرافیایی آن‌ها نشان داد (Brunazzi et al. 2018). در گزارش‌های دیگری نیز عدم تشابه گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های ملکولی یا مورفولوژیک با پراکنش جغرافیائی آنها عنوان شده است (Pezhmanmehr et al. 2009; Bradeen et al. 2002; Solouki et al. 2008). این موضوع می‌تواند در نتیجه زمینه ژنتیکی منحصربه‌فرد مواد ژنتیکی، جابجائی ژرم‌پلاسم، پراکنش وسیع در محدوده جغرافیایی و همچنین عدم پوشش ژنومی لازم به‌دلیل مکانیسم نشانگر مورد استفاده یا تعداد ناکافی آغازگرها باشد. به‌منظور نمایش بهتر گروه‌بندی اکسشن‌های مناطق جغرافیایی مختلف، نمونه‌های مربوط به هر منطقه جغرافیایی با رنگ متمایز از سایرین در دندروگرام شکل ۳ نشان داده شده اند.



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به روش neighbor joining بر اساس داده های ISSR در مطالعه تنوع ژنتیکی ۸۵ اکسشن مختلف *T. urartu*

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



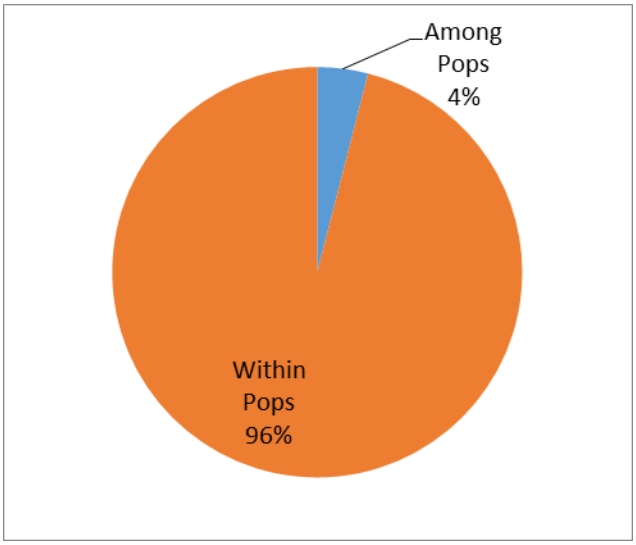
شکل ۳- نمایش اکسشن‌های مربوط به هر منطقه جغرافیایی با رنگ متمایز از سایر مناطق در دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر ۸۵ اکسشن مختلف *T. urartu* جمع‌آوری شده از ۷ منطقه جغرافیایی با استفاده از ضریب فاصله جاکارد و الگوریتم NJ بر اساس داده‌های ISSR

نتایج تجزیه واریانس مولکولی که باهدف تفکیک واریانس مولکولی بین اکسشن‌ها به دو بخش درون و بین جمعیتی انجام شد نشان داد که ۹۶ درصد از واریانس کل مربوط به جزء درون گروهی بوده و تنها ۴ درصد از تنوع کل توسط تنوع بین جمعیت‌ها تبیین می‌شود (شکل۴). غالب بودن بخش درون جمعیتی واریانس بر جزء بین جمعیتی در تجزیه واریانس ملکولی داده های تحقیقات دیگر نیز فراوان دیده شده است (Etminan et al. 2019; Heydari et al. 2017; Gholamian et al. 2019). بیشتر بودن واریانس بین گونه‌ای می‌تواند مؤید این باشد که جمعیت‌های مختلف مورد بررسی دارای بیشترین میزان تفرق از یکدیگر بوده به‌طوری‌که جریان ژنی درون هر یک از آنها در کمترین میزان خود قرار دارد. در مقابل، بالا بودن میزان تنوع درون جمعیتی نسبت به بین جمعیتی بیانگر وجود سطح بالایی از تنوع و اختلاف ژنتیکی افراد

درون یک جمعیت می‌باشد که به نوبه خود این تنوع می‌تواند در یافتن آلل‌های و یا ژن‌های گوناگون و به‌کارگیری از آنها در تولید لاین‌های جدید موثر باشد. این موضوع در مورد خویشاوندان وحشی گندم مانند *T. urartu* اهمیت دوچندانی دارد چرا که مطالعات انجام شده بر روی این گونه وحشی تنوع قابل‌توجهی را در این گونه از نظر الل‌های گلوتنین نشان داده است (Cuesta et

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

al., 2015) که این موضوع می‌تواند در اصلاح کیفی گندم‌های زراعی بسیار مفید و امیدبخش باشد. به‌ویژه اینکه در نتایج تحقیقات گذشته گزارش شده که تنوع مولکولی در جمعیت‌های *T. urartu* با صفات زراعی و کیفیت دارای همبستگی می‌باشد (Wang et al. 2017).



شکل ۴- نمودار دایره‌ای توزیع واریانس ژنتیکی بر اساس نتایج تجزیه واریانس ملکولی داده‌های ISSR در مطالعه تنوع ژنتیکی ۸۵ اکسشن مختلف *T. urartu* جمع آوری شده از ۷ منطقه مختلف

نتایج مربوط به برآورد پارامترهای ژنتیکی جمعیت‌های مورد بررسی شامل تعداد آلل شناسایی‌شده (Na) تعداد آلل موثر(Ne)، شاخص تنوع نی (He)، شاخص شانون (I) و درصد لوکوس‌های چندشکل (%P) به تفکیک هر جمعیت در جدول۳ ارائه شده است. همانگونه که در این جدول ملاحظه می‌شود تفاوت چندانی بین بیشترین و کمترین مقادیر پارامترهای برآورد شده در بین جمعیت‌های مورد بررسی وجود ندارد. به‌عنوان مثال تعداد آلل‌های موثر در ۷ جمعیت مورد مطالعه در دامنه ۱/۳۹ (برای جمعیت بیستون) تا ۱/۴۴ (برای جمعیت های کرند و مریوان) تغییر می‌کند. همچنین کمترین و بیشترین میزان شاخص شانون به‌ترتیب ۰/۳۸ و ۰/۴۲ می‌باشد. با توجه به اندازه نسبتاً برابر جمعیت‌ها این طور به‌نظر می‌رسد که جمعیت‌ها از نظر میزان تنوع ژنتیکی وضعیت مشابهی دارند؛ کما اینکه برآورد مقدار شاخص تنوع نی(He) نیز گویای همین موضوع می‌باشد؛ همانطور که در ستون مربوط به این شاخص در جدول ۳ مشاهده می‌شود فاصله کمترین و بیشترین مقدار این شاخص تنها برابر با ۰/۰۳ بین جمعیت بیستون (۰/۲۴) با جمعیت‌های باشماق، کرند و مریوان (۰/۲۷) است.

نتایج مربوط به برآورد پارامترهای ژنتیکی جمعیت‌های مورد بررسی شامل تعداد آلل شناسایی‌شده (Na) تعداد آلل موثر(Ne)، شاخص تنوع نی (He)، شاخص شانون (I) و درصد لوکوس‌های چندشکل (%P) به تفکیک هر جمعیت در جدول۳ ارائه شده است.

همانگونه که در این جدول ملاحظه می‌شود تفاوت چندانی بین بیشترین و کمترین مقادیر پارامترهای برآورد شده در بین جمعیت‌های مورد بررسی وجود ندارد. به‌عنوان مثال تعداد آلل‌های موثر در ۷ جمعیت مورد مطالعه در دامنه ۱/۳۹ (برای جمعیت بیستون) تا ۱/۴۴ (برای جمعیت های کرند و مریوان) تغییر می‌کند.

همچنین کمترین و بیشترین میزان شاخص شانون به‌ترتیب ۰/۳۸ و ۰/۴۲ می‌باشد. با توجه به اندازه نسبتاً برابر جمعیت‌ها این طور به‌نظر می‌رسد که جمعیت‌ها از نظر میزان تنوع ژنتیکی وضعیت مشابهی دارند؛ کما اینکه برآورد مقدار شاخص تنوع نی(He) نیز گویای همین موضوع می‌باشد؛ همانطور که در ستون مربوط به این شاخص در جدول ۳ مشاهده می‌شود فاصله کمترین و بیشترین مقدار این شاخص تنها برابر با ۰/۰۳ بین جمعیت بیستون (۰/۲۴) با جمعیت‌های باشماق، کرند و مریوان (۰/۲۷) است.

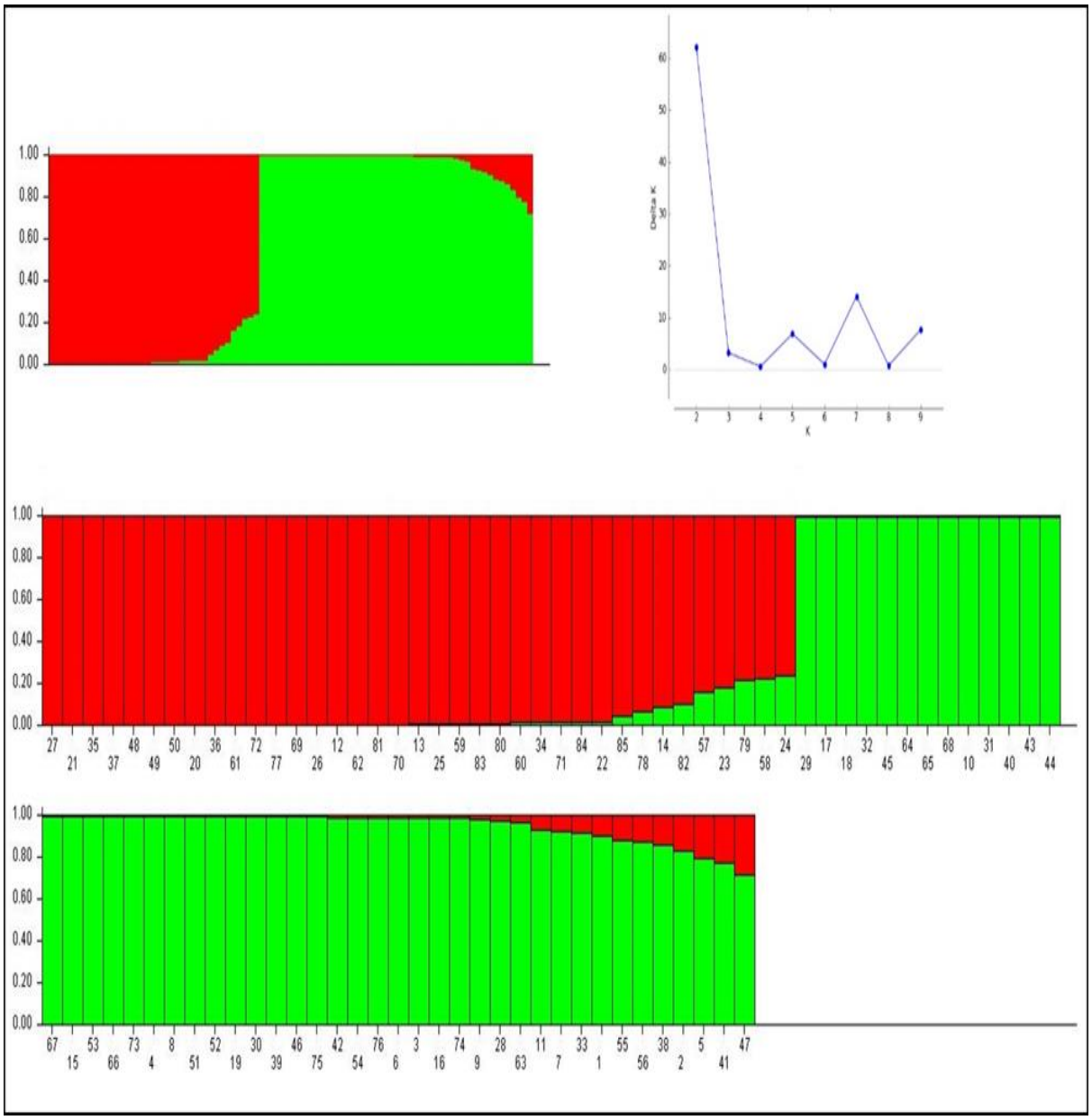
الگوی توزیع باندها در ۷ جمعیت مورد مطالعه در این تحقیق در شکل۷ ارائه شده است. همه باندهای تکثیر شده در جمعیت‌های مورد بررسی دارای فراوانی بیشتر از ۵درصد بودند. باندهای اختصاصی تنها در جمعیت باشماق (یک باند اختصاصی) مشاهده شد و سایر جمعیت‌ها فاقد باند اختصاصی بودند

باندهای اختصاصی در یک جمعیت بیانگر زمینه ژنتیکی خاص و منحصربه‌فرد آن جمعیت است و بنابراین به‌نظر می‌رسد که جمعیت‌های مورد بررسی بر اساس داده‌های حاصل به‌صورت خیلی مشخصی قابل‌تمایز از یکدیگر نیستند. این موضوع در دسته‌بندی اکسشن‌ها بر اساس تجزیه کلاستر نیز مشهود بود.

به‌منظور یافتن زیرجمعیت‌های واقعی در مجموعه مورد مطالعه تجزیه ساختار جمعیت انجام شد که نتیجه آن در شکل۶ نشان

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

داده شده است. نتایج به دست آمده از این تجزیه نشان داد در بهترین شرایط ممکن تعداد ۲ زیر جمعیت واقعی در ۸۵ اکسشن *T. urartu* مربوط به ۷ منطقه جغرافیایی مختلف وجود داشت (K =2).



شکل۶- تجزیه ساختار جمعیت تعیین شده بر استفاده از آغازگرهای ISSR بر اساس مدل Bayesian. دو زیر جمعیت احتمالی یافت شده با رنگ سبز و قرمز مشخص شده‌اند.

نتیجه گیری کلی

نتایج این بررسی میزان قابل توجهی از تنوع ژنتیکی را در گونه مورد بررسی نشان داد. مقایسه میزان پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در جمعیت‌های مورد بررسی نشان داد که این جمعیت‌ها تقریبا از سطح تنوع یکسانی برخوردار هستند. بر اساس نتایج تجزیه واریانس ملکولی جزء درون گروهی واریانس با فاصله زیاد سهم بسیار بیشتری را به خود اختصاص داد که بیانگر اختلاف‌های زیاد ژنتیکی افراد درون جمعیت‌هاست و این تنوع می‌تواند در یافتن آلل‌های گوناگون و به‌کارگیری آنها در تولید ارقام اصلاحی جدید موثر واقع شود.

برآورد تنوع ژنتیکی و پارامترهای تنوع محاسبه شده در ۸۵ اکسشن جمع آوری شده از مناطق مختلف بر اساس داده های

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

ISSR نشان داد که این نشانگر می‌تواند در تجزیه تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم‌های گیاهی سودمند باشد و آغازگرهای مورد استفاده برای تحقیقات آتی قابل توصیه می‌باشند. همچنین با توجه به اهمیت گونه *T. urartu* به‌عنوان منبعی ارزشمند از ژن‌های موثر در بهبود عملکرد و مقاومت به تنش‌های زنده، انجام اقدامات حفاظتی از این منبع مهم ژنتیکی که از پتانسیل بالقوه بسیار بالایی در به‌نژادی گندم برخوردار است، و همچنین بهره گیری از ظرفیت ژن های موجود در این ژرم پلاسم ارزشمند برای اصلاح ویژگی های ارقام زراعی توصیه می‌شود.

منابع

Al-Maamari IT, Mumtaz Khan M, Al-Sadi AM, Iqbal Q, Al-Saady N (2020) Morphological characterization and genetic diversity of Fenugreek (Trigonella foenum-graecum L.) accessions in Oman Bulgarian Journal of Agricultural Science 26: 375–383.

Anderson JA, Churchill GA, Autrique JE, Tanksley SD, Sorrells ME (1993) Optimizing parental selection for genetic linkage maps. Genome 36:181-186.

Austin RB, Morgan CL, Ford MA (1986) Dry matter yields and photosynthetic rates of diploid and hexaploid triticum species. Ann. Bot. 57 847–857.

Baum BR, Bailey LG (2013) Genetic diversity in the red wild einkorn: T. urartu gandilyan (Poaceae: Triticeae). Genetic Resources and Crop Evolution 60:77-87.

Bradeen JM, Bach IC, Briard M, Le CV, Grzebelus D, Senalik DA, Simon PW (2002) Molecular diversity analysis of cultivated carrot (Daucus carota L.) and wild Daucus populations reveals a genetically nonstructured composition. Journal of the American Society for Horticultural Science 127: 383-391.

Brunazzi A, Scaglione D, Fiorella Talini R, Miculan M, Magni F, Poland J, Enrico Pe M, Brandolini A, Dell'Acqua M (2018) Molecular diversity and landscape genomics of the crop wild relative *Triticum urartu* across the Fertile Crescent. The Plant Journal 94: 670–684.

Castagna R, Gnocchi S, Perenzin M, Heun M (1997) Genetic variability of the wild diploid wheat Triticum urartu revealed by RFLP and RAPD markers. Theoretical and Applied Genetics 94:424–30.

Cuesta S, Guzman C, Alvarez JB (2015) Molecular characterization of novel LMW-i glutenin subunit genes from *Triticum urartu* Thum. Ex Gandil. Theoretical and Applied Genetics 128 2155-2165.

Dhaliwal HS, Sidhu JS, Minocha JL (1993) Genetic diversity in diploid and hexaploid wheats as revealed by RAPD markers. Journal of Crop Improvement 20:17–20.

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

Dvorak J, Terlizzi P, Zhang HB, Resta P (1993) The evolution of polyploid wheats: identification of the A genome donor species. Genome 36, 21–31.

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

Etminan A, Pour -Aboughadareh A, Mohammadi R, Ahmadi -Rad A, Noori A, Mahdavian Z, Moradi Z (2016) Applicability of start codon targeted (SCoT) and inter - simple sequence repeat (ISSR) markers for genetic diversity analysis in durum wheat genotypes. Biotechnology & Biotechnological Equipment 30:1075 - 1081

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 Biosystems 153: 398-405.

Fita A, Rodrıguez -Burruezo A, Boscaiu M, Prohens J, Vicente O (2015) Breeding and domesticating crops adapted to drought and salinity: a new paradigm for increasing food production. Frontiers in Plant Science 6:978.

Gholamian F, Etminan A, Changizi M, Khaghani S, Gomarian M (2019) Assessment of genetic diversity in *Triticum urartu* Thumanjan ex Gandilyan accessions using start codon targeted polymorphism (SCoT) and CAATbox derived polymorphism (CBDP) markers. Biotechnology and Biotechnological equipment 33: 1653-1662.

Guzmán C, Alvarez JB (2012) Molecular characterization of a novel waxy allele (Wx-Au1a) from Triticum urartu Thum. Ex Gandil. Genetic Resources and Crop Evolution 59(6):971-9.

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

Heidari P, Etminan A, Azizinezhad R, Khosroshahli M (2017) Genomic variation studies in durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum) using CBDP, SCoT and ISSR markers. Indian Journal of Genetics and Plant breeding, 77: 379-386.

King J, Grewal S, Yang CY, Hubbart S, Scholefield D, Ashling S, Edwards KJ, Allen AM, Burridge A, Bloor C, Davassi A , da Silva GJ, Chalmers K , King IP (2017) A step change in the transfer of interspecific variation into wheat from Amblyopyrum muticum. Plant Biotechnol Journal 15, 217–226.

Khodaee L, Azizinezhad R, Etminan A, Khosroshahi M (2021) Assessment of genetic diversity among Iranian Aegilops triuncialis accessions using ISSR, SCoT, and CBDP markers. Journal of Genetic Engineering and Bioechnology 19: 5.

Lipper L, Thornton P, Campbell BM, Baedeker T, Braimoh A, Bwalya M, Caron P, Cattaneo A, Garrity D, Henry K, Hottle R, Jackson L, Jarvis A, Kossam F, Mann W, McCarthy N, Meybeck A, Neufeldt H, Remington T, Thi Sen P, Sessa R, Shula R, Austin Tibu A, Torquebiau EF (2014) Climate-smart agriculture for food security. Nature Climate Change 4: 1068-1072.

Moghaddam M, Ehdaie B, Waines JG (2000) Genetic diversity in populations of wild diploid wheat *Triticum urartu* tum. Ex. gandil. Revealed by isozyme markers. Genetic Resources and Crop Evolution 47:323-34.

Mohammadi SA, Prasanna BM (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science 43:1235-1248.

Moradkhani H, Mehrabi AA, Etminan A, Pour - Aboughadareh A (2015) Molecular diversity and phylogeny of Triticum –Aegilops species possessing D genome revealed by SSR and ISSR markers. Plant Breeding and Seed Science 71:82 -95.

Moradkhani H, Pour-Aboughadareh A Mehrabi AA, Etminan A, (2012) Evaluation of genetic relationships of TriticumAegilops species possessing D genome in different ploidy levels using microsatellites. International Journal of Agriculture and Crop Sciences, 4: 1746-1751

Mousavi Sabestari E, Etminan A, Khosroshahli M (2019) Assessment of genetic diversity in Triticum boeoticum populations using CBDP and ISSR molecular markers. Modern genetics Journal 14(2) :163-170 (In Farsi)

Nouri A, Golabadi M, Etminan A, Rezaei A, Mehrabi A (2021). Comparative assessment of SCoT and ISSR markers for analysis of genetic diversity and population structure in some *Aegilops tauschii* Coss. accessions. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 19, 375-383.

Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6:288–295.

Peng JH, Sun DF, Nevo E (2011) Domestication evolution, genetics and genomics in wheat. Molecular Breeding. 28:281-301.

Perrier X, Jacquemoud-Collet J (2006) DARwin software at available at: http://darwin.cirad.fr/

Pezhmanmehr M, Hassani ME, Jahansooz F, Najafi AA, Sefidkon F, Mardi M, Pirseiedi M (2009) Assessment of genetic diversity in some Iranian populations of Bunium persicum using RAPD and AFLP markers. Iranian Journal of Biotechnology 7:93-100.

Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA, Etminan A, Moghaddam M (2017) 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, Omidi M, Etminan A, Mehrabi AA (2018) The importance of wild wheat germplasm in breeding for resistance to abiotic stresses. Modern Genetics Journal 12 (4): 489-504. (In Farsi).

Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A (1996) The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding 2:225–238.

Prevost A, Wilkinson MJ (1999) A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. Theoretical and Applied Genetics 98:107 - 112.

Qiu YC, Zhou RH, Kong XY, Zhang SS, Jia JZ (2005) Microsatellite mapping of a *Triticum urartu* Tum. Derived powdery mildew resistance gene transferred to common wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 111:1524–31.

Reif JC, Gowda M, Maurer HP, Longin CFH, Korzun V, Ebmeyer E, Bothe R, Pietsch C, Würschum T (2011) Association mapping for quality traits in soft winter wheat. Theoretical and Applied Genetics 122:961–70.

Rouse MN, Jin Y (2011) Stem rust resistance in A-genome diploid relatives of wheat. Plant Disease 95: 941-944.

Shaygan N, Etminan A, Majidi Hervan I, Azizinezhad R, Mohammadi R (2021) Evaluation of

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

molecular diversity in breeding lines of durum wheat using SCoT markers. Modern Genetics Journal 16: 151-160. (In Farsi).

Sheedy JG, Thompson JP, Kelly A (2012) Diploid and tetraploid progenitors of wheat are valuable sources of resistance to the root lesion nematode Pratylenchus thornei. Euphytica 186, 377–391.

Solouki M, Mehdikhani H, Zeinali H, Emamjomeh AA (2008) Study of genetic diversity in Chamomile (Matricaria chamomilla) based on morphological traits and molecular markers. Journal of the American Society for Horticultural Science 117: 281-287.

Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology Evolution 28:2731–2739.

Thomas KG, Bebeli PJ (2010) Genetic diversity of Greek Aegilops species using different types of nuclear genome markers. Molecular Phylogenetics and Evolution 56:951- 961.

Vierling RA, Nguyen HT (1992) Use of RAPD markers to determine the genetic diversity of diploid wheat genotypes. Theoretical and Applied Genetics 84:835–8.

Wang Xin, Luo G, Yang W, Li Y, Sun J, Zhan K, Liu D and Zhang A (2017) Genetic diversity, population structure and marker-trait associations for agronomic and grain traits in wild diploid wheat *Triticum urartu*. BMC Plant Biology, 17:112.

Weide A, Rieh S, Zeidi M, Conard NJ (2013) Using new morphological criteria to identify domesticated emmer wheat at the aceramic Neolithic site of Chogha Golan (Iran). Journal of Archaeological Science 57:109 -118

Zhang H. Mittal N, Leamy LJ. Barazani O and Song BH (2017) Back into the wild-apply untapped genetic diversity of wild relatives for crop improvement. Evolutionary Applications 10: 5-24.

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