ژنتیک نوین
دوره نوزدهم، شماره ۱، بهار ۱۴۰۳
صفحه ۶۰ - ۴۹

بررسی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های ایرانی و خارجی آژیلوپس تائوشی (*Ae. tauschii* Coss.) با استفاده از نشانگرهای SSR

The Genetic Diversity of Iranian and Foreign *Aegilops tauschii* Accessions using SSR Markers

نسا نیکو[۱]، جعفر احمدی*[۱]، صدیقه فابریکی اورنگ[۱]، علی‌اشرف مهرابی[۲]

۱- به‌ترتیب کارشناسی ارشد، استاد، دانشیار، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین، ایران

۲- دانشیار، مرکز تحقیقات گیاهان دارویی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

Nikoo N[1], Ahmadi J[*1], Fabriki-Ourang S[1], Mehrabi AA[2]

1- MSc, Professor, Associate Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran
2- Associate Professor, Research Center of Medicinal Plants, Shahed university, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:ahmadi.j@eng.ikiu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۲/۱۹ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۳/۰۸)

چکیده

آژیلوپس یکی از مهم‌ترین اجداد ژنتیکی گندم است که به‌واسطه متحمل بودن به انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی یک منبع ژنتیکی ارزشمند برای به‌نژادگران گندم به شمار می‌آید. هدف اصلی این پژوهش ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در ۸۹ توده آژیلوپس متعلق به گونه *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران و کشورهای ترکیه، افغانستان، ارمنستان، سوئد و آذربایجان با استفاده از ۳۲ آغازگر ریزماهواره (Simple Sequence Repeat) بود. میانگین شاخص‌های محتوای اطلاعات چند شکل (PIC)، شاخص نشانگر (MI) و قدرت تفکیک (RP) به‌ترتیب برابر با ۰/۸۱، ۱/۸۲و ۱/۸۸ بود که مشخص کرد نشانگرهای استفاده شده کارایی مناسب و بالایی جهت بررسی روابط بین توده‌های این گونه را دارا هستند. نتایج تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) نشان داد سه مؤلفه نخست ۴۱/۸۸ درصد از کل تغییرات واریانس ژنتیکی را توجیه کردند. تجزیه خوشه‌ای توده‌های ارزیابی شده را به چهار گروه اصلی طبقه‌بندی کرد که به‌وسیله نتایج حاصل از تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) تأئید شد. باتوجه به الگوی گروه‌بندی خوشه‌ای حاصل، در برخی موارد توده‌ها بر اساس منشاء جغرافیایی خود در گروه‌های جداگانه از یکدیگر قرار گرفتند و نیز حضور توده‌های غیرایرانی در گروه توده‌های ایرانی مشاهده شد. نتایج حاصل از تجزیه ساختار جمعیت اختلاط و تبادل ژنتیکی زیاد توده‌ها را تأیید نمود و نشان داد که طبقه‌بندی توده‌های مورد بررسی مستقل از منشا جغرافیایی آن‌هاست. به‌طور کلی نتایج به‌دست آمده نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی بین توده‌های مختلف *Ae. tauschii* وجود دارد، لذا تنوع ژنتیکی بالا سبب یافتن منابع جدید آللی و معرفی آلل‌های مطلوب می‌شود که برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک شایانی به به‌نژادگران گندم خواهد کرد.

واژه‌های کلیدی

آژیلوپس
تنوع ژنتیکی
گندم وحشی
میکروساتلایت

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

مقدمه

یکی از مهم‌ترین پیامدهای منفی استفاده از ارقام اصلاح شده در سیستم‌های کشاورزی مدرن، افزایش فرسایش ژنتیکی و ضعیف شدن پایه ژنتیکی بسیاری از ارقام گیاهان زراعی است. در سال‌های اخیر، وقوع تغییرات گسترده اقلیمی سبب بروز دامنه وسیعی از تنش‌های غیرزنده شده که این امر به نوبه خود تولید محصولات کشاورزی را با خطر جدی روبرو می‌کند (Ahmadi et al. 2019). تغییرات آب و هوایی و افزایش جمعیت، امنیت غذایی جهان را در معرض خطر قرار داده است. پیش‌بینی می‌شود که تولید محصولات زراعی جهان تا سال ۲۰۵۰ ناکافی باشد. راهبردهای مختلف تطبیقی و فناوری اصلاح نباتات برای رفع این چالش پیشنهاد شده است. بسیاری از این راهکارها در تنوع زیستی محصولات نهفته است که از قبل سازگاری فوق العاده‌ایی را نسبت به انواع شرایط محیطی حفظ می‌کنند (FAO 2009; Zhao et al. 2022).

در میان غلات، گندم نقش به‌سزایی در تأمین ۲۰ ٪ کل کالری مصرفی مردم در کل جهان دارد. با توجه به تغییرات آب و هوایی که عمدتاً ناشی از تنش‌های غیرزیستی و زیستی است، پیش‌بینی می‌شود تقاضای گندم برای نان در آینده به‌طور چشمگیری افزایش یابد (Reden 2013). گونه‌های خویشاوند زراعی به‌عنوان یکی از مهم‌ترین منابع ژنی برای اصلاح گیاهان و حفظ پایداری اکوسیستم زراعی به حساب می‌آیند. در واقع خویشاوندان وحشی واحدی از طبقه‌بندی گیاهان است که به‌دلیل داشتن ارتباط ژنتیکی نسبتاً نزدیک با گیاهان زراعی به‌طور مستقیم یا غیرمستقیم در بهبود و تکامل آن‌ها نقش دارند. آژیلوپس‌ها (*Aegilops*) به سه سطح پلوئیدی تقسیم می‌شوند که شامل دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید می‌باشند. بررسی‌های متعدد بیانگر این است که هنوز تنوع ژنتیکی درون گونه‌های خویشاوند گندم به‌طور کامل استفاده نشده است. تعیین و بررسی تنوع ژنتیکی بین و درون جمعیت‌های گونه‌ایی همواره مورد توجه متخصصین به‌نژادی گیاهی بوده است. بنابراین حفاظت و بهره‌برداری ذخایر ژنتیکی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. دو جنس آژیلوپس و تریتیکوم از مهم‌ترین خویشاوندان وحشی گندم زراعی هستند که دارای گونه‌های فراوانی هستند که سه گونه‌ی *Ae.tauschii*، *Ae. speltoides* و *Ae. urartu* به‌ترتیب به‌عنوان گونه‌های بخشنده‌ی ژنوم D، B و A معرفی شده‌اند (Dvorak et al. 1993; Kihara1944; Blake et al. 1999). گونه *Ae. tauschii* با بخشیدن ژنوم D به گندم‌های زراعی به‌عنوان اصلی‌ترین خویشاوند وحشی گندم نان معرفی شده است (Pour-Aboughadareh 2018).

بنابراین می‌توان گفت توجه و اهمیت به این منابع طبیعی بسیار غنی و ارزشمند کمک شایانی به به‌نژادگران جهت بهره‌مندی بیشتر از آن‌ها می‌کند. یک راهکار ارزشمند برای افزایش بهره‌وری و ثبات محصول که ممکن است در طیف وسیعی از محیط‌ها اعمال شود، بهبود ژنتیکی محصول از طریق انتقال ژن‌های جدید (با هیبریداسیون)، QTLها و حتی آلل‌های جدید از انواع خویشاوندان وحشی گرفته تا ارقام بومی یا اصلاح شده است. به این ترتیب اصلاح کنندگان باید به‌طور همزمان زمینه‌های ژنتیکی را بهبود و تاثیر تنش‌های محیطی بر تولید دانه را کاهش دهند (Pour-Aboughadareh et al. 2021).

نشانگرهای مولکولی ابزارهایی کارآمد هستند که در جهت پیشرفت فرایند اصلاح گیاهان چشم‌انداز جدیدی را برای محققین فراهم کرده‌اند. بعضی از نشانگرها تأثیرپذیری از تغییرات محیطی ندارند و فراوانی بالای آن‌ها از نظر تعداد و تنوع زیاد آن‌ها از لحاظ ساختاری از مزایای آن‌ها در تعیین تنوع ژنتیکی و بررسی روابط خویشاوندی و نیز تشخیص هویت گیاهان شمرده می‌شود (Mirmohamadi-mybodi and Golkar 2019). SSR[1]ها پرکاربردترین نشانگرهایی هستند که به‌ویژه برای گونه‌های وحشی، مفید می‌باشند. ریزماهواره‌ها یا توالی تکرارهای ساده (SSR) در پروکاریوت و یوکاریوت به‌طور گسترده در سراسر ژنوم به‌ویژه در یوکروماتین یوکاریوت‌ها، قسمت‌های کدکننده و غیرکدکننده DNA هسته‌ای و اندامکی وجود دارند. داده‌های قابل توجهی وجود دارد که نشان می‌دهد گسترش SSRها در مناطق کدکننده پروتئین می‌تواند موجب از دست رفتن عملکرد ژن از طریق جهش با تغییر چارچوب شود. SSRها در 5′ UTRها می‌توانند بیان ژن را با تأثیر بر رونویسی و ترجمه تنظیم کنند اما در 3′ UTRها باعث لغزش رونویسی می‌شوند. ریزماهواره‌ها (۱-۱۰ نوکلئوتید) و مینی ماهواره‌ها (بیش از ۱۰ نوکلئوتید) زیر

[1] Simple sequence repeats

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

مجموعه‌های تکرارهای پشت سرهم (TRs) هستند که همرا با تکرارهای پراکنده غالب (بقایای عناصر قابل انتقال)، مناطق تکراری ژنومی را تشکیل می‌دهند (Vieria et al. 2016). توالی‌های تکراری ساده (SSR) به‌طور گسترده‌ای در مطالعات ژنتیک جمعیت استفاده می‌شوند. از مزایای آن‌ها می‌توان به فراوان بودن، چند آللی بودن و امکان امتیازدهی آسان نسبت به دیگر آغازگرها نام برد (Mekapogau et al. 2023).

مطالعات بسیار گوناگونی در رابطه با استفاده از نشانگرهای مولکولی SSR در ارزیابی و بررسی تنوع ژنتیکی موجود در گندم و خویشاوندان وحشی آن در سایر نقاط جهان و ایران صورت گرفته است. Pour-Aboughadareh et al. (2022) تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی ۱۰۰ توده از ٤ گونه گندم *Triticum* و*Aegilops* را با استفاده از۳ نشانگر SCoT، CBDP و SSR مورد بررسی قرار دادند. نتایج آن‌ها نشان داد که نشانگر CBDP کارایی بیشتری نسبت به SCoT داشت و نشانگرهای SSR به‌دلیل محتوای اطلاعات چند شکل(PIC[1]) بالا و قدرت تفکیک (RP[2]) و شاخص نشانگر (MI[3]) بالاتر کارایی برتری نسبت به بقیه داشتند. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی با استفاده از همه سیستم‌های نشانگری نشان داد تنوع بیشتری در درون گونه‌ها نسبت به بین آن‌ها وجود دارد. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای نیز نشان داد که نشانگر SSR کارایی بیشتری در گروه‌بندی توده‌های آزمایش شده دارد. Daneshvar et al. (2020) در مطالعات خود از نشانگر SSR در بررسی تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* استفاده کردند. در تحقیق آن‌ها از ۲۵ آغازگر SSR استفاده شد که در مجموع ٤۹ قطعه تکثیر نمودند و نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی نشان داد بیشترین سهم تنوع ژنتیکی مربوط به تنوع بین گونه‌ای بود و نیز بر اساس پارامترهای ژنتیکی مشخص شد که گونه *Ae. crassa* نسبت به گونه *Ae. cylindrica* از تنوع ژنتیکی بیشتری برخوردار است. در پژوهشی دیگر تنوع ژنتیکی ۷۲ توده از ٦ گونه مختلف آژیلوپس جمع‌آوری شده از گرجستان و آذربایجان با استفاده از نشانگر مولکولی ریزماهواره SSR بررسی شد. نتایج تجزیه خوشه‌ای ۷۲ توده را به ٦ خوشه تقسیم‌بندی کرد که با توجه به طبقه‌بندی آن‌ها اغلب توده‌های یک استان در یک زیر خوشه قرار گرفتند و نشان دهنده این مطلب بود که طبقه‌بندی از روی پارامترهای ژنتیکی ارتباط نزدیکی با منطقه جغرافیایی آن توده دارد. با وجود این واقعیت که کشور آذربایجان یکی از مرکز مهم تنوع آژیلوپس است و گونه‌های *Ae. tauschii* و*Ae. biuncialis* و*Ae. trincialis* از این کشور بوده‌اند، توده‌های بسیار متنوع از این گونه می‌توانند آلل‌های مفید برای سازگاری گندم جهت بهبود و مدیریت برنامه‌های اصلاحی آن ارائه کنند (Abbasov et al. 2018).

با توجه به شرایط اقلیمی متفاوت، امروزه گونه‌های وحشی گندم هر منطقه در معرض خطر فرسایش ژنتیکی و انقراض می‌باشند و بنابراین جمع‌آوری و مطالعه آن‌ها شایان توجه بیشتری می‌باشد. در این پژوهش مطالعه تنوع ژنتیکی توده‌های مختلف آژیلوپس تائوشی (*Ae. tauschii*) متعلق به نواحی جغرافیایی مختلف ایران و افغانستان، آذربایجان، ترکیه، ارمنستان و سوئد با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای (SSR)، برای شناسایی و استفاده در برنامه‌های به‌نژادی صورت گرفت. همچنین مطالعه کارایی نشانگرهای SSR در تفکیک توده‌های مختلف آژیلوپس تائوشی از دیگر اهداف تحقیق حاضر بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد مطالعه در این تحقیق شامل ۸۹ توده آژیلوپس تائوشی (*Ae. tauschii*) بود که بذور آن‌ها از بانک ژن غلات دانشگاه ایلام (IUGB) تهیه و مشخصات آن‌ها در جدول ۱ آورده شده است. پس از کشت بذرها و تولید گیاهچه، استخراج DNA ژنومی از بافت برگ‌های تازه و جوان بر اساس روش CTAB انجام شد (Doyel and Doyle 1987). کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه نانودراپ (Nanodrop, Thermo Scientific) بررسی شد.

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های مختلف مورد مطالعه، از ۳۲ جفت آغازگر SSR استفاده شد. برای طراحی آغازگرهای مورد نظر، پایگاه داده miRBase V19 را جستجو کرده و miRNAهایی که به تنش شوری پاسخ داده‌اند شناسایی شد. همچنین توالی‌های miRNA نابالغ مربوط به آن‌ها در گیاهان

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

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

مختلف جمع‌آوری شده (Kozomara and Griffiths-Jones 2011) و سپس سه نوع Blastn در پایگاه داده Gramene برای یافتن یک توالی طولانی ۱۰۰۰ جفت‌بازی انجام شد (Jaiswal et al. 2006). آغازگرها توسط شرکت سیناکلون سنتز و طبق دستور شرکت سازنده رقیق شدند. توالی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق در جدول ۲ ارائه شده است. پس از بهینه‌سازی شرایط تکثیر و تعیین دمای اتصال آغازگرها اجزای واکنش PCR شامل ۷/۵ میکرولیتر Master Mix، ۱ میکرولیتر DNA ژنومی، ۱ میکرولیتر آغازگر SSR رفت، ۱ میکرولیتر آغازگر SSR برگشت و ٤/٥ میکرولیتر آب دیونیزه شده در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر بود. برنامه دمایی PCR در سیستم نشانگر SSR مورد مطالعه شامل یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه و در ادامه ۳۵ چرخه حرارتی شامل واسرشت سازی به مدت ۱ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگر به مدت ٤٥ ثانیه در دمای بهینه سازی شده برای هر آغازگر (بین ٥٧-٦٥)، توسعه آغازگر (پلیمریزاسیون) به مدت ۱ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و در نهایت بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه به مدت ۱ دقیقه بود.

جدول ۱- اطلاعات مربوط به ۸۹ توده *Ae. tauschii* ارزیابی شده در این مطالعه

کد	کد بانک ژن	محل جمع‌آوری	کد	کد بانک ژن	محل جمع‌آوری	کد	کد بانک ژن	محل جمع‌آوری
۲	00039	ایران	٤٧	00309	ایران	۸۱	0562	ایران (سمنان)
٥	00107	ایران (گیلان)	٤٨	00310	ایران	۸٤	0667	ایران(آذربایجان شرق)
٦	00108	ایران	٤٩	00311	سوئد	۸٦	0804	ایران (گلستان)
۷	00141	ایران	٥٠	00312	ایران	۸۷	0836	ایران (مازندران)
۸	00143	ایران	٥١	00313	ایران	۸۸	0945	ایران (مازندران)
۱۰	00151	ایران (اردبیل-سرعین)	٥٣	00315	ایران	۹۰	1559	ایران (سمنان)
۱۲	00164	ایران (آستارا- اردبیل)	٥٤	00325	ایران (کرج چالوس)	۹٤	1970	ایران (خراسان)
۱۳	00193	ایران (اهر- کلیبر)	٥٥	00362	ارمنستان	۹٦	2115	ایران (مازندران)
۱۸	00238	ایران (کرج- چالوس)	٥٦	00365	ایران (مازندران)	۹۷	2120	ایران (مازندران)
۱۹	00245	ایران (کرج- چالوس)	٥٨	00367	ایران (کلیبر)	۹۹	Aladozgeh	ایران (رشت)
۲۰	00247	ایران (مازندران-آمل)	٥۹	00369	ایران (گیلان-کلچای)	۱۰۰	Aladozgeh	ایران (رشت)
۲۱	00249	ایران (مازندران)	٦۰	00370	ایران	۱۰۱	Gilan	ایران (رشت)
۲۲	00260	ایران (km3 آستارا)	٦۱	00371	ایران	۱۰۲	1	ایران
۲۳	00261	ایران (کرج- چالوس)	٦۲	00374	ایران (آستانه)	۱۰٤	3	ایران
۲٦	00273	ایران (سرعین-اردبیل)	٦۳	-00375	ایران (دشت مغان)	۱۰٥	18	ایران (برغان)
۲۷	00274	ایران (چالوس)	٦٥	00386	ایران (کلیبر)	۱۰٦	23	ایران (رضوانشهر)
۲۸	00276	ایران (20 km بهشهر)	٦٦	00396	ایران (مازندران)	۱۰۷	24	ایران (رضوانشهر)
۲۹	00279	ایران (اهر -تبریز)	٦۷	00400	ایران (جاده چالوس)	۱۰۹	26	ایران (جاده پونل)
۳۰	00289	افغانستان	٦۸	00401	ایران (نور)	۱۱۱	28	ایران (جاده پونل)
۳۲	00291	آذربایجان	٦۹	00402	ایران (نور)	۱۱۲	29	ایران جاده پونل)
۳٥	00295	ترکیه	۷۰	00404	ایران (رشت- تالش)	۱۱٤	33	ایران (جاده رشت)
۳٦	00296	ارمنستان	۷۱	00405	ایران (کرج چالوس)	۱۱٥	34	ایران(جاده رشت)
۳۷	00297	ایران	۷۲	00429	ایران	۱۱٦	35	ایران (جاده رشت)
۳۸	00298	ایران	۷۳	01746	ایران (آذربایجان شرقی)	۱۱۸	43	ایران (فومن)
٤۰	00300	ایران	۷٤	50006	ایران (آذربایجان غربی)	C1	0205	ایران (اردبیل)
٤۱	00302	افغانستان	۷٥	50037	ایران (خراسان)	C2	0222	ایران (گلستان)
٤۲	00303	ترکیه	۷٦	50084	ایران (آذربایجان شرقی)	C4	0381	ایران (آستارا)
٤۳	00305	ایران	۷۷	50133	ایران (خراسان)	C5	0382	ایران (نورآباد)
٤٥	00307	ایران	۷۸	50136	ایران (خراسان)	C6	2076	ایران
٤٦	00308	آذربایجان	۷۹	0312	ایران(آذربایجان غربی)			

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

جدول ۲- مشخصات آغازگرها و نتایج حاصل از تکثیر آغازگرهای مورد بررسی، تعداد آلل‌ها، آلل‌های چند شکل، محتوای اطلاعات چند شکل (PIC)، شاخص نشانگر (MI) و قدرت تفکیک نشانگر (RP).

آغازگر	موتیف	تعداد آلل تکثیرشده	آلل‌های چند شکل	PIC	MI	RP
SSR1	(GCAT)3	٥	٤	٠/٨٨	١/٤	١/٩٦
SSR2	(CATG)3	٣	٣	٠/٨٦	٢/٥٨	١/٩٤
SSR3	(GAA)11	٤	٤	٠/٩٢	٣/٦٨	١/٩٤
SSR5	(CT)7	٣	٣	٠/٧٧	٢/٣١	٠/٦٦
SSR6	(AGTGGG)5	٤	٣	٠/٩١	٠/٨٥	١/٩٦
SSR7	(CTCCC)5	٥	٥	٠/٨٦	٤/٣	٣/١٨
SSR8	(CT)7CA(CT)3(GT)4(GC)6	٤	٣	٠/٩١	٠/٨٥	١/٩٦
SSR9	(TC)16	٤	٤	٠/٩٢	٣/٦٨	١/٩٢
SSR10	(AC)6ATGCAGCGC(GCAGG)4	٤	٣	٠/٩٢	٣/٨٦	١/٩٨
SSR11	(GCCG)4	٣	٣	٠/٩٤	٢/٢٨	١/٢٤
SSR12	(CTG)7	٢	٢	٠/٨٤	١/٦٨	١/٣٨
SSR13	(CT)13	٣	٣	٠/٧٣	٢/١٩	١/٩٤
SSR14	(AAATCC)3	٤	٣	٠/٨٦	٠/٨	١/٩٦
SSR15	(CT)8	٤	٣	٠/٨	٠/٧٥	١/٩٢
SSR16	(TGAGA)4	٤	٣	٠/٩١	٠/٨٥	١/٩٦
SSR17	(CGGC)4	٣	٢	٠/٨	٠/٢٩	١/٩٨
SSR18	(TA)6	٢	٢	٠/٧١	١/٤٢	١/٩٨
SSR19	(AG)6	٢	٢	٠/٦٩	١/٣٨	١/٩٨
SSR20	(TC)21	٥	٥	٠/٩٤	٤/٧	١/٩٦
SSR21	(GATG)3	٣	٣	٠/٨٤	٢/٥٢	١/٨٨
SSR22	(TTC)5	٣	٣	٠/٨٤	٢/٥٢	١/٩٦
SSR23	(GAGC)3	٢	٢	٠/٥٥	١/١	١/٩٨
SSR24	(TTC)4	٢	٢	٠/٧٥	١/٥	١/٩٨
SSR25	(CATG)3	٣	٣	٠/٨٦	٢/٥٨	١/٩٠
SSR26	(AGCT)3	٣	٢	٠/٨١	٠/٢٩	١/٩٨
SSR27	(GGAGA)3	٥	٤	٠/٩٥	١/٥٢	١/٩٤
SSR28	(CCT)5	٥	٤	٠/٩٥	١/٥٢	١/٩٠
SSR29	(GGAC)3	٣	٢	٠/٥٢	٠/١٩	١/٩٨
SSR30	(GTA)4	٢	٢	٠/٥٥	/١/١	١/٩٨
SSR31	(CCCTCT)4	٢	٢	٠/٨٥	١/٧	١/٢٢
SSR32	(GAGAGG)4	٣	٢	٠/٧١	٠/٢٦	١/٩٦
میانگین				٠/٨١	١/٨٢	١/٨٨

پس از انجام واکنش تکثیر، محصول PCR با الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۳ درصد تفکیک و رنگ‌آمیزی ژل ها با SafeView انجام و عکس‌برداری از آن‌ها صورت گرفت.

کل توده‌ها به دو جمعیت ایرانی و غیرایرانی تقسیم‌بندی شدند. امتیازدهی الگوهای باندی هم به‌صورت غالب به صورت صفر (عدم حضور باندها) و یک (حضور باندها) برای استفاده در تجزیه‌های خوشه‌ای و مختصات اصلی و هم به‌صورت همبارز بر اساس آلل‌ها برای محاسبه شاخص‌های ژنتیکی انجام شد. مقادیر هر یک از شاخص‌های تعیین کننده کارایی سیستم نشانگری مانند تعداد آلل‌های تکثیر شده، تعداد آلل‌های چند شکل، محتوای چند شکلی (PIC)، شاخص نشانگری (MI) و شاخص تفکیک (RP) برای هرآغازگر محاسبه شد. تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA)، شاخص تمایز بین جمعیت‌ها (Fst) و محاسبه شاخص‌های مربوط به تنوع ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار Gen Alex ver. 6.503 انجام شد (Peakall and Samouse 2006). مقادیر فاصله ژنتیکی بین جفت توده‌ها بر اساس ضریب فاصله

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

جاکارد محاسبه و به جهت گروه‌بندی توده‌ها، تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA (به‌دلیل دارا بودن بالاترین ضریب همبستگی کوفنتیک) با استفاده از نرم‌افزار NTSYS (Version 2.02g, Exeter Software, Setauket, NY) و تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از نرم‌افزار Structure Version 2.3.4 صورت گرفت.

نتایج و بحث

یکی از مهم‌ترین اقدامات اولیه در شناسایی نشانگرهای کارآمد و مفید برای استفاده از آن‌ها در ارزیابی تنوع ژنتیکی، تعیین ساختار جمعیت و بررسی روابط فیلوژنتیکی، ارزیابی میزان کارایی آغازگرها در ارائه سطح چند شکلی موجود در نمونه‌های مورد بررسی است (Ahmadi et al. 2019). در این مطالعه از مجموع ۳۲ جفت آغازگر SSR، ۳۱ آغازگر دارای تکثیر مناسب و قابل امتیازدهی بودند به‌طوری که در مجموع ۹۱ قطعه چند شکل تکثیر نمودند.

مقدار میانگین محتوای اطلاعات چند شکلی (PIC) محاسبه شده برابر ۰/۸۱ بود و دامنه تغییرات آن بین ۰/۵۲ (SSR29) تا ۰/۹۵ (SSR27 و SSR28) متغیر بود. طبق گزارش (1980) .Botstain et al، آغازگرهایی که PIC بالاتراز ۰/۵ داشته باشند دارای اطلاعات سودمند زیادی هستند و در تمایز توده‌ها بسیار کارآمد می‌باشند، آغازگرهایی که مقدار PIC آن‌ها بین ۰/۲۵ تا ۰/۵ باشد آغازگرهای سودمندی هستند و آغازگرهایی که PIC آن‌ها کمتر از ۰/۲۵ باشد حاوی اطلاعات سودمند اندکی هستند. نتایج این تحقیق نشان داد آغازگرهای مورد مطالعه قدرت تشخیص بالایی در تعیین فاصله ژنتیکی در مقایسه با سایر آغازگرهای دیگر دارند و نیز نشان دهنده کارایی بالا و انتخاب درست آن‌ها در تمایز و ارزیابی توده‌های وحشی آژیلوپس تائوشی مورد بررسی می‌باشد. میزان شاخص نشانگری (MI) به‌دست آمده برای نشانگرهای SSR مورد مطالعه بین ۰/۱۹ برای آغازگر SSR29 و٤/٧ برایSSR20 با مقدار میانگین MI برابر ۱/۸۲ بود. بررسی میزان قدرت تفکیک نشانگر (RP) نشان داد آغازگرهای SSR استفاده شده در این مطالعه دارای قدرت تمایز متفاوتی می‌باشند که کمترین و بیشترین قدرت تمایز آغازگری به‌ترتیب برابر ۰/٦٦ برای آغازگر SSR5 و ۳/۱۸ برای آغازگر SSR7 با میانگین RP برابر با ۱/۸۸ بود.

در مطالعه‌ای (2020) .Daneshvar et al مقدار محتوای اطلاعات چند شکل در دو جمعیت *Ae. cylindrica* و *Ae. crassa* را با استفاده از نشانگرهای SSR، از حداقل ۰/۰۰۱ تا حداکثر ۰/۳۷ و میانگین PIC را برابر ۰/۲٦ گزارش کرده‌اند. همچنین متوسط شاخص نشانگر (MI) برابر۰/۵۱ و قدرت تفکیک نشانگر (RP) برابر ۱/۲۹ نشان دهنده این بود که SSRهای مورد بررسی آن‌ها نسبت به نتایج این تحقیق دارای کارایی و قدرت تمایز بسیار کمتری هستند.

با تجزیه واریانس مولکولی، تنوع ژنتیکی مشاهده شده در توده‌های آژیلوپس تائوشی مورد بررسی به دو بخش تنوع بین و درون گونه‌ای تفکیک شد که نتایج آن در جدول ۳ نشان داده شده است. بر اساس این نتایج میزان واریانس درون گونه‌ای برآورد شده (٩٤ درصد) بیشتر از واریانس بین گونه‌ای (٦ درصد) بود. بالا بودن تنوع ژنتیکی درون گروهی مشاهده شده بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌تواند به‌دلیل زمینه ژنتیکی بسیار متفاوت درون توده‌های آژیلوپس تائوشی و همچنین منشاء ژنتیکی متفاوت آن‌ها باشد که نشانگرهای SSR مورد استفاده در این تحقیق به خوبی توانستند این تنوع را نشان دهند. استفاده از این تنوع ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی می‌تواند بسیار کارآمد باشد. در مطالعات (2019) .Etminan et al نتایج تجزیه واریانس مولکولی AMOVA برای توده‌های گندم وحشی *Triticum boeoticum* با استفاده از نشانگرهای ISSR نیز نشان داد که ٩٤٪ از تنوع برآورد شده مربوط به درون جمعیت‌ها و ٦ ٪ آن مربوط به بین جمعیت‌ها می‌باشد که با نتایج به‌دست آمده از پژوهش فوق کاملاً همخوانی دارد. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در توده-های *Ae. tauschii* برخی از پارامترهای تنوع ژنتیکی مانند تعداد آلل‌های مشاهده شده (Na)، تعداد آلل‌های مؤثر (Ne)، شاخص اطلاعات شانون (I)، هتروزیگوتی مورد انتظار (He)، هتروزیگوتی مشاهده شده (Ho) و شاخص تثبیت (F) برای دو جمعیت ایرانی و غیرایرانی محاسبه و نتایج آن‌ها در جدول ٤ نشان داده شده است.

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

جدول ۳- تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) بر اساس آغازگرهای SSR در توده‌های *Ae. tauschii* مورد بررسی

منبع تغییرات	درجه ازادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس براورد شده	%درصد تغییرات
بین گروه ها	۱	٦۱/٦۳۱	٦۱/٦۳۱	۱/۹۳٦	٦٪
درون گزوه‌ها	۸۷	۲٦۳٦/۷۷٤	۳۰/۳۰۸	۳۰/۳۰۸	۹٤٪
کل	۸۸	۲٦۹۸/٤۰٤		۳۲/۲٤٤	۱۰۰٪

جدول ٤- مقایسه شاخص‌های تنوع ژنتیکی درتوده‌های *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده ایرانی و غیرایرانی

جمعیت	Na	Ne	I	He	Ho	F
ایرانی	۳/۱۸۸	۲/۱۱۱	۰/۸۰۵	۰/٤٦٦	۰/۰۲۹	۰/۹۵
غیرایرانی	۲/۱۵٦	۱/٦٦۹	۰/۵٤۷	۰/۳۳٤	۰/۰۲۷	۰/۹٤۲
کل	۲/٦۷۲	۱/۸۹	۰/٦۷٦	۰/٤	۰/۰۲۸	۰/۹٤٦

Na، Ne، I، He، Ho و F به‌ترتیب نشان‌دهنده تعداد آلل‌های مشاهده شده، تعداد آلل‌های موثر، شاخص شانون، هتروزیگوتی مورد انتظار، هتروزیگوتی مشاهده شده و شاخص تثبیت می‌باشند.

تعداد آلل مشاهده شده (Na)، تعداد آلل مؤثر (Ne) و شاخص اطلاعات شانون (I) در جمعیت ایرانی در مقایسه با جمعیت غیرایرانی بیشتر بود که این نتایج نشان می‌دهد تنوع ژنتیکی و آللی در ارقام ایرانی بیشتر از ارقام غیرایرانی است. شاید این را بتوان به‌دلیل بیشتر بودن تعداد ژنوتیپ‌های ایرانی نسبت به غیرایرانی و یا سطح بالای تنوع ژنتیکی در ارقام ایرانی بیان کرد، از طرف دیگر خواستگاه هر یک از توده‌های مورد بررسی ایرانی مربوط به نواحی جغرافیایی متفاوتی بوده و با توجه فرآیند سازگاری که آن‌ها به شرایط محل رویش خود داشته‌اند ممکن است در طی زمان از لحاظ محتوای ژنتیکی باهم متمایز شده باشند. میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) کل برابر۰/٤ و مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده (HO) در دو جمعیت برابر ۰/۰۲۸ به‌دست آمد که نشان دهنده درصد بسیار پایین هتروزیگوتی در جمعیت‌های مورد مطالعه می‌باشد. همچنین میانگین شاخص تثبیت (F) در کل توده‌ها برابر۰/۹٤ مشاهده شد.

روش‌های متعددی برای برآورد تفاوت‌های ژنتیکی بین و درون جمعیت‌ها وجود دارد که یکی از آن‌ها شاخص F می‌باشد. شاخص Fst همبستگی ژن‌های افراد مختلف در یک جمعیت و دوری و نزدیکی بین جمعیت‌ها را از طریق میزان هتروزیگوسیتی آلل‌ها و فراوانی آن‌ها و نیز تنوع در جمعیت‌ها را نشان می‌دهد. زمانی که افراد کاملاً از لحاظ فراوانی آللی مشابه باشند مقدار این شاخص برابر با صفر و زمانی که افراد از نظر آللی کاملاً متفاوت باشند این مقدار برابر یک می‌شود (Wier et al. 1996). به‌طور کلی میانگین Fst (همبستگی ژن‌های افراد زیر جمعیت به کل جمعیت) در توده‌های آژیلوپس تائوشی مورد بررسی برابر با ۰/۰۹۱، میانگین Fit (همبستگی ژن‌های افراد در کل جمعیت) برابر با ۰/۹۵٦ و میانگین Fis (همبستگی ژن‌های افراد درون جمعیت) برابر با ۰/۹۵۲ بود که در جدول ۵ نشان داده شده است. با توجه به میانگین Fst که بین ۰/۰۵-۰/۱۵ است (۰/۰۹۱) می‌توان نتیجه گرفت که در کل تمایز بین جمعیت‌ها متوسط و زیرجمعیت‌ها به‌هم شبیه هستند. بیشترین میزان Fst در آغازگر SSR2 برابر با ۰/۲ و کمترین در SSR29 برابر با صفر بود. به‌عبارت دیگر SSR2 توانسته است بیشترین تمایز را بین جمعیت‌ها نشان دهد و SSR29 عملاً نمی‌تواند هیچ تمایزی بین جمعیت‌ها نشان دهد.

جدول ۵- شاخص‌های Fst (همبستگی ژن‌های افراد زیر جمعیت به کل جمعیت)، شاخص Fis (همبستگی ژن‌های افراد در درون جمعیت) و شاخص Fit (همبستگی ژن‌های افراد در کل جمعیت) و شاخص جریان ژنی (Nm).

شاخص F	F_{ST}	F_{IT}	F_{IS}	Nm
میانگین	۰/۰۹۱	۰/۹۵٦	۰/۹۵۲	۳/۹۱٤

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

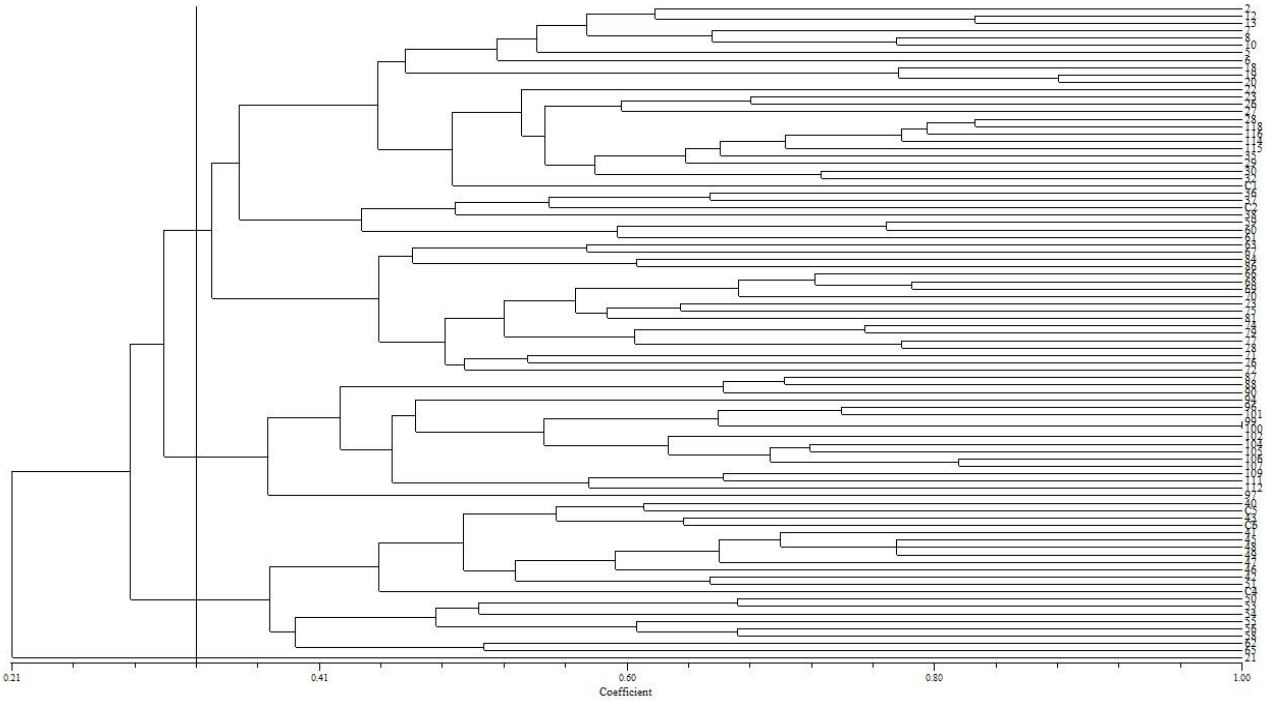
با توجه به میانگین به‌دست آمده برای شاخص‌های Fit و Fis می‌توان بیان کرد که ژنوتیپ‌های آژیلوپس مورد بررسی دارای همبستگی بسیار زیادی در درون و کل جمعیت می‌باشند. در این پژوهش میانگین شاخص Nm که میزان جریان ژنی بین جمعیت‌ها را نشان می‌دهد برابر ۳/۹۱٤ بود. لذا با توجه به اعداد به‌دست آمده می‌توان بیان کرد که مقدار هتروزیگوتی در ۸۹ ژنوتیپ آژیلوپس تائوشی مورد مطالعه بسیار کم می‌باشد و نیز با توجه به مقدار Nm به‌دست آمده (بیشتر از یک) می‌توان گفت جمعیت‌ها در حال برقراری و حفظ ارتباط ژنتیکی در دراز مدت و در طول زمان هستند. Lowe et al. (2004) اظهار داشتند زمانی که Nm بالاتر از یک باشد جمعیت‌ها در حال حفظ ارتباط ژنتیکی خود در دراز مدت هستند و زمانی که کمتر از یک باشد جمعیت‌ها در دراز مدت در حال دور شدن ژنتیکی و تمایز از یکدیگر می‌باشند. در این تحقیق میانگین شاخص Fst و Nm به‌ترتیب برابر ۰/۰۹۱ و۳/۹۱٤ بود و نشان دهنده این است که جمعیت‌ها از نظر ساختاری و فراوانی آللی بسیار به هم شباهت دارند که ممکن است به‌دلیل مهاجرت‌ها یا تلاقی‌های تصادفی صورت گرفته بین دو جمعیت در طول زمان باشد. Fabriki-ourang et al. (2022) روابط ژنتیکی توده‌های متعلق به هشت گونه مختلف آژیلوپس را با استفاده از نشانگرهای مولکولی CoRAP مبتنی بر ژن‌های هدفمند مورد بررسی قرار دادند و نتایج حاصل از بررسی ساختار جمعیت، نشان داد جریان ژنی (Nm) پایین و برابر ۰/٤۷ و مقدار شاخص Fst برابر ۰/٤٥ بود که این نتایج بیانگر تنوع بالای بین جمعیت‌ها بوده و در مجموع جمعیت‌های مورد بررسی آن‌ها کاملاً از هم متمایز شده‌اند.

به‌منظور بررسی میزان شباهت بین توده‌های مختلف *Ae. tauschii* و همچنین گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از داده‌های حاصل از ماتریس تشابه جاکارد و الگوریتم UPGMA تجزیه خوشه‌ای انجام و دندروگرام آن در شکل ۱ نشان داده شده است. دامنه میزان تشابه به‌دست آمده بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از ضریب تشابه جاکارد از ۰/۱۱۱ تا ۱ متغیر بود که این دامنه تشابه بالا نشان دهنده تنوع بالای بین توده‌های مورد مطالعه بود. نمودار درختی حاصل از داده‌های SSR، ۸۹ توده آژیلوپس مورد بررسی را به ٤ زیر گروه اصلی تقسیم‌بندی کرد. دلیل پراکندگی کل توده‌ها در گروه‌های گوناگون را می‌توان به شباهت و یا تفاوت‌های ژنتیکی آن‌ها نسبت داد به‌طوری که افرادی که بیشترین شباهت را داشتند در یک گروه و توده‌هایی با بیشترین فاصله در گروه‌های مجزا قرار گرفتند که از این نتایج می‌توان در برنامه‌های هتروزیس و دورگ‌گیری بهره برد. خط برش دندروگرام تجزیه خوشه‌ای با توجه به پراکنش توده‌ها در نمودار بای پلات حاصل از تجزیه به مختصات اصلی که به ٤ گروه اصلی تقسیم شدند از ناحیه‌ای لحاظ شد که توده‌ها را به چهار گروه تفکیک نماید. زیرگروه اول متشکل از ۵۰ توده که توده‌های غیرایرانی مانند افغانستان، ارمنستان، ترکیه و آذربایجان با توده‌هایی از نقاط مختلف ایران در یک گروه قرار گرفتند، زیرگروه دوم متشکل از ۱۷ توده که همه شامل توده‌های ایرانی بود، زیر گروه سوم متشکل از ۲۱ توده که توده‌های غیرایرانی ترکیه، افغانستان، ارمنستان و سوئد در کنار توده‌های متعلق به نواحی مختلف ایران در کنار هم و در یک گروه قرار گرفتند و زیر گروه چهارم فقط شامل تک توده ۲۱ (سلمانشهر مازندران) بود. باتوجه به الگوی گروه‌بندی توده‌های مورد بررسی، دیده می‌شود که در برخی موارد توده‌های آژیلوپس تائوشی بر اساس منشاء جغرافیایی خود در گروه‌های جداگانه‌ایی از یکدیگر متمایز شده‌اند و نیز حضور توده‌های غیرایرانی در کنار توده‌های ایرانی در یک گروه زیاد دور از انتظار نبود زیرا با توجه به شباهت اقلیم جغرافیایی و شرایط آب و هوایی مناطق مختلف ایران به کشورهای دیگر خصوصاً کشورهای همسایه، نتیجه فوق قابل پیش‌بینی بود.

جهت بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های مختلف آژیلوپس تائوشی از روش تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) با داده‌های مولکولی برای گروه‌بندی نمونه‌ها استفاده شد. نتایج نشان داد سه مؤلفه نخست در مجموع ٤۱/۸۸ درصد از اطلاعات مولکولی را توجیه نمودند (جدول ٦). این می‌تواند بیانگر پراکندگی مناسب آغازگرهای مختلف بر روی ژنوم آژیلوپس تائوشی باشد زیرا سهم هر مؤلفه نشان دهنده توزیع مناسب آغازگرها بر روی ژنوم است. در ارزیابی تنوع ژنتیکی بهترین حالت زمانی است که نشانگرها توزیع مناسب و یکنواختی در کل ژنوم داشته باشند تا بتوانند از کل ژنوم نمونه‌برداری کنند. در صورتی‌که نشانگرها از بخش‌های مختلف ژنوم انتخاب شده باشند همبستگی بین آن‌ها

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

کم می‌شود و در نتیجه به مؤلفه‌های بیشتری جهت تغییرات کلی نیاز است (Jafari et al. 2023). نمودار دو بعدی حاصل از تجزیه به مختصات اصلی (شکل ۲)، پراکنش توده‌ها را به چهار دسته اصلی تقسیم کرد. در مجموع تجزیه به مختصات اصلی PCoA نتوانست به‌خوبی دو جعیت ایرانی و غیرایرانی مورد بررسی را از هم تفکیک کند و این با توجه به قدمت کشت و احتمال حضور ارقام ایرانی و غیرایرانی در کنار هم در گذشته و یا شرایط جغرافیایی مشابه قابل پیش‌بینی بود. نتایج حاصل از این گروه‌بندی تا حد زیادی با نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای مطابقت دارد و تجزیه به مختصات اصلی تأیید کننده تجزیه خوشه‌ای به‌دست آمده است. به‌منظور یافتن زیرجمعیت‌های واقعی در توده‌های مورد مطالعه، تجزیه ساختار جمعیت انجام شد. نتایج حاصل از این تجزیه نشان داد، تعداد سه زیرجمعیت واقعی در مجموعه ۸۹ ژنوتیپ مورد بررسی وجود دارد. به‌عبارت دیگر مقدار K در حالت بهینه برابر با ۳ برآورد شد (K= ۳). در نتایج به‌دست آمده از این تجزیه نیز توده‌های غیرایرانی در کنار توده‌های ایرانی در گروه اول و دوم جای گرفتند (شکل ۳).

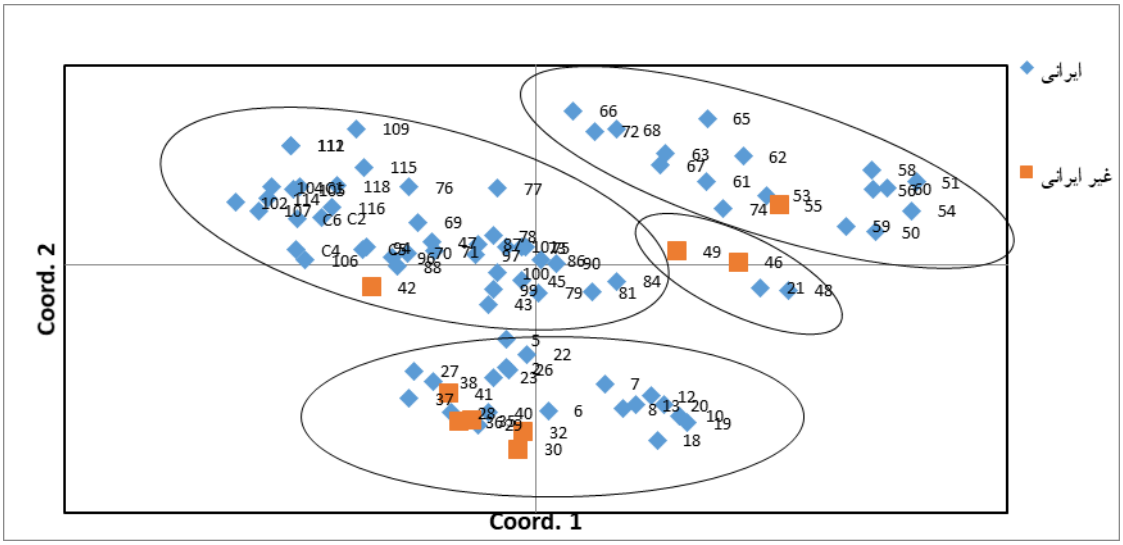


شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۸۹ توده گندم وحشی *Ae. tauschii* به روش UPGMA

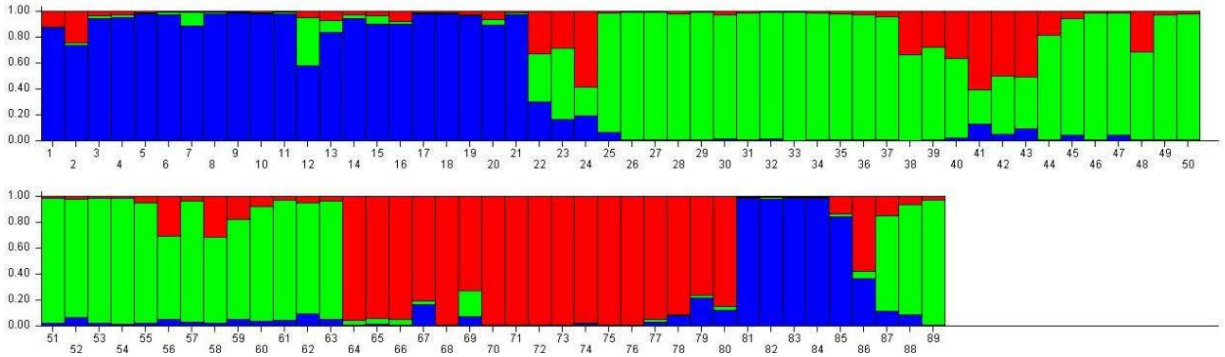
جدول ٦- تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) ۸۹ توده *Ae. tauschii* با استفاده از نشانگرهای SSR

مؤلفه	۱	۲	۳
٪واریانس	۱۷/۸۷	۱۳/۰۸	۱۰/۹۲
٪واریانس تجمعی	۱۷/۸۷	۳۰/۹۵	٤۱/۸۸

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



شکل ۲- نمودار تجزیه به مختصات اصلی (PCOA) در ۸۹ توده مختلف آژیلوپس تائوشی بر اساس داده‌های SSR.



شکل ۳- زیرجمعیت‌های به‌دست آمده از تجزیه ساختار جمعیت در ۸۹ توده *Ae. tauschii* با نشانگرهای SSR. ترتیب سیستماتیک شماره ۱ تا ۸۹ توده‌ها در شکل به‌ترتیب مطابق با کدهای ۲ تا C٦ جدول ۱ می‌باشد.

در واقع با توجه به الگوی به‌دست آمده از تفکیک جمعیت‌ها می‌توان اظهار داشت که گاهی طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها مستقل از زیستگاه آن‌هاست که آن را می‌توان به بالا بودن میزان تنوع ژنتیکی موجود در هر یک از جمعیت‌ها و نیز به شباهت زیاد ژنتیکی آن‌ها نسبت داد. در این راستا در پژوهشی ساختار جمعیت در توده‌های اصلاحی و بومی گندم دوروم با استفاده از آغازگرهای ISSR مورد ارزیابی قرار گرفت و در نتایج به‌دست آمده از این پژوهش نیز توده‌های بومی و اصلاحی در ٦ زیر جمعیت اصلی در کنار یکدیگر قرار گرفتند (Aslanparviz et al. 2022). ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان برای برنامه‌های حفاظت از ذخایر توارثی و اصلاح نباتات کاربردی حیاتی دارد. به‌طوری که اطلاع از میزان تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب نژادهای والدینی در جمعیت حصول ارقام امری ضروری می‌باشد (Pour-Aboghadare et al. 2017). تنوع ژنتیکی بالا بیان کننده عدم یکنواختی است و سبب یافتن منابع جدید آللی و معرفی آلل‌های مطلوب می‌شود که برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک شایانی به به نژادگران خواهد کرد.

به‌طور کلی با توجه به نتایج به‌دست آمده از این مطالعه مشخص شد که آغازگرهای SSR قابلیت بسیار بالایی در تولید قطعات چند شکل دارند و باتوجه به اینکه یکی از مهم‌ترین پارامترهای تعیین کننده سودمندی یک سیستم نشانگری شاخص PIC است و میزان PIC محاسبه شده در این مطالعه نشان دهنده سودمندی زیاد و کارایی بسیار زیاد این آغازگر می‌باشد. همچنین نتایج حاصل از بررسی ساختار جمعیت‌ها اختلاط و تبادل ژنتیکی بسیار زیاد جمعیت‌ها را تأیید می‌نماید که نشان می‌دهد طبقه‌بندی توده‌های مورد بررسی مستقل از منشاء جغرافیایی آن‌هاست. آغازگرهای

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

SSR استفاده شده در این پژوهش تنوع ژنتیکی بالایی را در درون جمعیت‌های آژیلوپس تائوشی نشان داد و مشخص شد تنوع آللی کافی در مجموعه مورد ارزیابی وجود دارد که امکان غربال کردن ژنوتیپ‌ها از نظر صفات کیفی و کمی مختلف در شرایط محیطی را فراهم می‌آورد. از این رو از این مجموعه می‌توان به‌عنوان یک منبع ژنی بسیار ارزشمند بهره جست. از سوی دیگر با در نظر گرفتن نتایج به‌دست آمده از تجزیه‌های آماری مختلف مشخص شد سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون توده‌های وحشی *Ae. tauschi*i بر اساس داده‌های SSR وجود دارد که این میزان تنوع ژنتیکی می‌تواند به‌عنوان ابزاری کارآمد و مفید جهت بهره‌برداری از این منابع ژرم پلاسمی در برنامه‌های اصلاحی گندم به‌کار گرفته شود. لذا توصیه می‌شود برای درک بهتر از تنوع ژنتیکی موجود در این جنس از تعداد بیشتری نمونه شامل گونه‌های متعدد از نقاط متفاوت جهان استفاده کرد تا به‌طور گسترده‌تری تنوع ژنتیکی مورد بررسی قرار گیرد. با توجه به بالا بودن میزان محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق، پیشنهاد می شود از آن‌ها برای تشخیص تنوع بین تمامی ارقام آژیلوپس تائوشی و تفکیک و تمایز دقیق آن‌ها بهره برد. همچنین با توجه به تنوع زیاد به‌دست آمده پیشنهاد می‌شود مطالعات تکمیلی چه در سطح مورفولوژیکی و چه در سطح مولکولی برای غربال تعداد بیشتری توده آژیلوپس با هدف شناسایی ژن‌ها و آلل‌های مرتبط با انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی صورت گیرد.

سپاسگزاری

بدین‌وسیله از اساتید و مسئولان محترم دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره) بابت حمایت‌های مالی و معنوی این تحقیق تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع

Abbasov M, Brueggeman R, Raupp J (2019) Genetic diversity of Aegilops L. species from Azerbaijan and Georgia using SSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 66:453-463.

Ahmadi J, Fabriki-Ourang S, Pour-Aboughadareh A (2019) Evaluation of genetic diversity in Aegilops populations possessing D genome using SCoT and TRAP marker. Modern Genetics Journal 14:221-230. (In Farsi)

Aslanparviz M, Rashidi V, Omidi M, Etminan A, Ahmadzadeh A (2022) Evaluation of population structure and estimation of genetic parameters in breeding lines landraces populations of Durum wheat using ISSR markers. Plant Genetic Research 8:23-32. (In Farsi)

Blake NK, Lehfeldt BR, Lavin M, Talbert LE (1999) Phylogenetic reconstruction based on low copy DNA sequence data in an alloploid: the B genome of wheat. Genome 42:351-360.

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

Daneshvar Z, Omidi M, Etminan A, Ebrahimi A (2020) Assessment of genetic diversity and population structure in two wild wheat species *Aegilops cylindrica* and *Ae. crassa*using microsatellite (SSR) markers. Modern Genetics Journal 15:267-276. (In Farsi)

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

Dvorak J, Diterlizzi P, Zhang H-B, Resta P (1993) The evolution of polypoid wheats: Identification of the A genome donor species. Genome 36:21-31.

Eslamzadeh Hesari M, Rashidi V, Omidi M, Etminan A, Ahmadzade A (2021) Evaluation of genetic diversity and population structure analysis in some Aegilops species using CBDP markers. Modern Genetics Journal 16:1-8. (In Farsi)

Fabriki orang S, Karimi H, Ahmadi J, Mehrabi A (2022) Fingerprinting of Aegilops species using genes-targeted derived and conserved regiens CoRAP markers. Iranian Journal of Rangelands and Forests. Plant breeding and Genetic Research 58: 207-220. (In Farsi)

FA0 (2009) Global agriculture towards 2050. Rome, FAO.

Jafari F, Fakhari M, Siahpoosh A, Bagheri M, Qanavati M (2023) Evaluation of genetic diversity of some quinoa genotypes *Chenopodium quinoa* using ISSR markers. Crop Breeding Research Paper 45:125-134 (In Farsi)

Jaiswal P, Ni J, Yap I, Ware D, Spooner W, Younes-clark W, Ren L (2006) Germane: a birds eye view of cereal genomes. Nucleic Acids Research 34:717-723.

Kihara H (1944) Discovery of the DD-analyzer, one of the ancestors of Triticum vulgare. Agriculture and Horticulture 19:13-14.

Kozomara A, Griffiths-Jones S (2011) MiRBase: integrating micro RNA annotation and deep- sequencing data. Nucleic Acids Research 34:152-157.

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

Lowe A, Harris S, Ashton P (2004) Ecological genetics: design, analysis and application. Black well Publishing. Pages:325.

Mekapogau M, Song H, Lim S, Jung J (2023) Assessment of genetic diversity in the white-colored variants of spray-type chrysanthemum cultivars using SSR markers. Horticulturae 9:798.

Mirmohamadi-maybodi A, Golkar P (2019) Application of DNA molecular markers in plant breeding. Plant Genetic Research 6:1-30. (In Farsi)

Mosavi=shabestari A, Etminan A, Khosroshaheli M (2019) Assessment of genetic diversity in *Triticum boeoticum* populations using CBDP and ISSR molecular markers. Modern Genetics Journal 14:163-170. (In Farsi)

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 A, Etminan A, Moghadam M (2018) Assessment of agro-morphological diversity existing in some of Aegilops species. Cereal Research Journal 7:533-549. (In Farsi)

Pour-Aboughadareh A, Gadidi O, Shoshtari L, Poczae P, Mehrabi A (2022) Association analysis for some biochemical Traits in wild relatives of wheat under drought stress condition. Gene 13:1491.

Pour-Aboughadareh A, Kianersi F, Poczae P, Moradkhani H (2021) Potential of wild relatives of wheat: Ideal Genetic Resources for Future Breeding Program. Agronomy. 11:1656.

Redden R (2013) New Approaches for crop genetic adaptation to the abiotic stresses predicted with climate change. Agronomy 3:419-432.

Vieria M, Santini L, Diniz A, Munhoz C (2016) Microsatellite marker: What they mean and why they are so useful, Genetic and Molecular Biology 39(3): 312-328.

Weir BS (1996) Intraspecific differentiation. In: D.M. Hillis et al. (Ed). Molecular systematics, 2nd edition. Sunderland: Sinauer Associates Pub 385-403

Zhao X, Guo Y, Kang L, Kang L, Bi, A (2022) Population genomics unravels the Holocene history of Triticum-Aegilops species. Biorxiv, 10.1101/2022/04.07.487499.

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