ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۷
صفحه ۸۹ - ۷۹

کاربرد نشانگرهای CBDP در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در برخی از توده‌های گندم زراعی و گونه‌های اجدادی آن

Applicability of CBDP markers to study of genetic diversity among some of the cultivated wheat accessions and their ancestral species

علیرضا اطمینان*[۱]، علی اشرف مهرابی[۲]، لیا شوشتری[۱]، هدی مرادخانی[۱]

۱- به‌ترتیب استادیاران، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران
۲- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ایلام، ایران

Etminan AR*[1], Mehrabi AA[2], Shooshtari L[1], Moradkhani H[1]

1- Assistant Professors, Graduted MSc Student, Department of Plant breeding, College of Agriculture, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran
2- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant breeding, College of Agriculture and Natural resources, Ilam University, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: a.etminan@iauksh.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۶/۷/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۲/۱۳)

چکیده

آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های خویشاوندی گندم اطلاعات مفیدی برای برنامه‌های اصلاحی و مدیریت منابع ژرم‌پلاسمی فراهم خواهد نمود. در این مطالعه، به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در برخی از گونه‌های زراعی و وحشی گندم ۸۰ توده متعلق به گونه‌های *Ae. tauschii*، *T. urartu*، *T. durum*، *T. aestivum* و *Ae. speltoides* با استفاده از ۱۵ آغازگر CBDP مورد بررسی قرار گرفتند. در مجموع ۱۵ آغازگر، ۱۴۱ قطعه تکثیر یافت که تمامی آن‌ها چندشکل بودند. میانگین شاخص‌های اطلاعات چندشکل (*PIC* = ۰/۴۸) و قدرت تمایز (*Rp* = ۱۰/۶۷) بیانگر قابلیت این سیستم نشانگری در ارزیابی تنوع ژنتیکی بود. علاوه بر این، میانگین درصد مکان‌های چند شکل (*PPL*)، تعداد آلل‌های مشاهده شده (*Na*) و مؤثر (*Ne*)، اطلاعات شانون (*I*) و تنوع ژنتیکی (*H*) به‌ترتیب برابر با ۷۲/۴۸ درصد، ۱/۴۴، ۱/۶۴، ۰/۳۸ و ۰/۲۶ بود که این یافته‌ها در تطبیق با نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) می‌باشد، به‌طوری‌که ۳۷ و ۶۳ درصد از تغییرات کل به‌ترتیب مربوط به تنوع بین و درون گونه‌ای بود. روابط ژنتیکی بین توده‌های مورد بررسی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بررسی شد و نتایج به‌دست آمده نشان داد که کلیه توده‌ها درون سه گروه اصلی قرار گرفتند. نتایج تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) نیز تأیید کننده نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای بود و نشان داد که توده‌های مختلف بر اساس ساختار ژنومی خود در گروه‌های مختلف گروه‌بندی شدند. به‌طور کلی، نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد نشانگرهای CBDP به‌طور مفیدی قادر به منعکس نمودن روابط بین گونه‌ای و میزان تنوع ژنتیکی در گونه‌های ژرم‌پلاسمی گندم هستند. از اینرو، استفاده از این تکنیک در سایر برنامه‌های اصلاحی مانند مکان‌یابی و تهیه نقشه‌های ژنتیکی قابل توصیه می‌باشد.

واژه‌های کلیدی
تجزیه واریانس مولکولی
خویشاوندان وحشی
گندم
نشانگرهای CBDP

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

مقدمه

جنس‌های تریتیکوم (*Triticum*) و آژیلوپس (*Aegilops*) از مهم‌ترین جنس‌های موجود در تیره *Triticea* می‌باشند که گونه‌های موجود در آن‌ها مهم‌ترین خویشاوندان وحشی گندم زراعی را تشکیل می‌دهند به‌طوری که برخی از این گونه‌ها به صورت مستقیم و غیر مستقیم به‌عنوان والد بخشنده ژنوم A، B و D شناخته شده‌اند. ایران یکی از مراکز اصلی تنوع، توزیع و پراکنش گونه‌های خویشاوند گندم است به‌طوری که قرارگیری نواحی غرب، شمال‌غربی و بخش‌هایی از جنوب‌غربی در هلال حاصل‌خیز[1] گویای این واقعیت است که این زیستگاه‌ها در تکامل گندم زراعی نقش به‌سزایی داشته است. به‌طوری که اخیراً مطالعات باستانشناسی گیاهی[2] نیز شواهدی از تکامل گندم‌های امر[3] در بخش‌هایی از رشته کوه‌های زاگرس واقع در مناطقی از استان ایلام (نواحی گلان) نشان داده است (Weide et al. 2013). خویشاوندان وحشی به‌دلیل قدمت و سازگاری آن‌ها به شرایط محیطی مختلف به‌عنوان منبع ژنتیکی غنی برای یافتن ژن‌ها و آلل‌هایی برای مقابله با انواع تنش‌های محیطی و زنده و حتی کیفیت دانه در نظر گرفته شده‌اند (Schneider et al. 2008; Pour-Aboughadareh et al. 2017). به‌عنوان مثال، Munns et al. (2012) با انتقال ژن *TmHKT1;5A* از گونه *T. monococcum* به ارقام گندم دوروم نشان دادند تحت شرایط تنش شوری لاین‌های ایزوژنتیک برخوردار از این ژن ۲۵ درصد عملکرد دانه بیشتری نسبت به لاین‌های شاهد دارند. هم‌چنین Byrt et al. (2014) نیز گزارش کردند که انتقال ژن *Kna1* از گونه *T. monococcum* به ارقام اصلاحی گندم موجب افزایش تحمل به تنش شوری و کاهش کمتر عملکرد دانه می‌شود. در رابطه با کیفیت دانه نیز ژن‌های زیادی در گونه‌های خویشاوندی شناسایی و به ارقام اصلاحی منتقل شده‌است. در مطالعه Wang et al. (2018) مشخص شد ژنوم 1U از گونه *Ae. umbellulata* سبب بهبود کیفیت خمیر و نان در ارقام گندم نان خواهد شد. علاوه بر این Wang et al. (2016) نیز با شناسایی ژن *Glu-B3h* در گونه‌های خویشاوند وحشی و انتقال آن به ارقام زراعی سبب بهبود خاصیت کشسانی خمیر و کیفیت نان شدند.

ضعیف شدن پایه ژنتیکی ارقام زراعی از یک سو و تغییرات اقلیمی از سوی دیگر سبب شده‌است تا به‌نژادگران گندم به دنبال منابع جدیدی جهت بهره‌برداری از آن‌ها در راستای بهبود پایه ژنتیکی گندم باشند. با توجه به اینکه تنوع ژنتیکی پایه و اساس هر برنامه اصلاحی می‌باشد (Mohammadi and Prasanna 2003) و نظر به‌وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون منابع ژرم‌پلاسمی گندم موجود در ایران، به‌نظر می‌رسد به‌کارگیری از این منابع عظیم طبیعی مسیر تازه‌ای در به‌کارگیری از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی آینده ایجاد نماید. تنوع ژنتیکی و الگوی ساختار جمعیت در منابع ژرم‌پلاسمی وگونه‌های خویشاوند گندم زراعی با استفاده از طیف وسیعی از نشانگرهای مولکولی مورد بررسی قرار گرفته است. به‌عنوان نمونه، در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌هایی از گونه *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران از نشانگرهای SSR سطح بالایی از سطح بالایی از تنوع ژنتیکی مشاهده شده‌است (Saeidi et al. 2006). در مطالعه‌ای که به‌منظور بررسی روابط فیلوژنتیکی بین گونه‌های وحشی مربوط به جنس تریتیکوم توسط Gulbitti–Onarici et al. (2007) انجام گرفت از نشانگرهای AFLP استفاده شد. با توجه به نتایج مطالعه آن‌ها میزان چندشکلی مشاهده شده در گونه‌های *T. monococcum* و *T. boeoticum* بیشتر از سایر گونه‌های جنس تریتیکوم بود. علاوه بر این، Naghavi et al. (2009) در بررسی تنوع ژنتیکی مجموعه‌ای 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. علاوه بر این، براساس دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داده شد که جمعیت‌های جمع‌آوری شده از نواحی جغرافیایی مختلف مربوط به استان‌های کرمانشاه و لرستان سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را به خود اختصاص دادند به‌طوری که این مناطق سطح وسیعی از زیستگاه این گونه را در غرب ایران به‌عنوان بخشی از حوزه هلال

[1] Fertile crescent
[2] Archaeobotanical
[3] Emmer

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

حاصل‌خیز به خود اختصاص داده‌اند. نتایج حاصل از بررسی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های مختلف *Ae. tauschii* و *T. aestivum* با استفاده از نشانگرهای SSR نشان داده است 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، وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های جمع‌آوری شده از استان‌های گلستان، مازندران نسبت به نمونه‌های مربوط به استان‌های اردبیل، قزوین و سمنان نیز می‌تواند بیانگر قابلیت این نواحی جغرافیایی در تأمین منابع بالقوه‌ای از پتاسیل‌های اصلاحی مفید برای اصلاح گندم باشد (Naghavi et al. 2010). در مطالعه‌ای که به‌منظور نشان دادن میزان تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های دیپلوئید گندم اینکورن نمونه‌برداری شده از نواحی مختلف رشته‌های زاگرس با استفاده از نشانگرهای ISSR انجام گرفت، مشخص شد که گونه‌های *T. boeoticum* و *T. monococcum* به‌ترتیب بیش‌ترین (۹۰ درصد) و کمترین (۶۸/۶۲ درصد) میزان چندشکلی را نشان دادند (Mousavifard et al. 2015). هم‌چنین در این مطالعه، از نقطه نظر تنوع منطقه‌ای نیز، توده‌های مربوط به نواحی غربی (۸۶/۴۴ درصد) نسبت به نواحی جنوبی غربی (۷۴/۷۰ درصد) زاگرس از چند شکلی بیش‌تری برخوردار بودند. در ارزیابی Pour–Aboughadareh et al. (2017) نیز سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های *T. boeoticum* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران گزارش شد، به‌طوری این محققان اظهار داشتند که نواحی غربی ایران به‌ویژه مناطق مربوط به استان‌های کرمانشاه می‌تواند به‌عنوان منبع مفیدی از پتانسیل‌های ژنتیکی و اصلاحی برای کاوش ژن‌های مهم در این گونه در نظر گرفته شود.

امروزه با پیشرفت روش‌های مولکولی انواع مختلفی از سیستم‌های نشانگری در تجزیه تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین گونه استفاده می‌شود. در سال‌های اخیر چندین سیستم نشانگری جدید مبتنی بر PCR توسعه یافته است که در بین آن‌ها نشانگرهای CBDP[1] نیز از جمله نشانگرهای نو ظهور در عرصه بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت به‌شمار می‌آیند. این نشانگرها با استفاده از نقاط حفاظت شده ژنوم می‌توانند چندشکلی مبتنی بر نقاط هدفمند ژنوم ایجاد نمایند. آغازگرهای استفاده شده در این سیستم دارای طول ۱۸ نوکلئوتید بوده و منجر به نشان دادن چندشکلی موجود در ناحیه جعبه CAAT پروموتر ژن‌های گیاهان می‌شوند. علاوه بر این، مقرون به صرفه بودن، تکرارپذیری بالا و ارائه میزان بالایی از چندشکلی سبب شده‌است تا این سیستم نشانگری بتواند در مطالعات مرتبط با تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت و حتی در مکان یابی صفات کمی (QTL[2]) و هم‌چنین اشباع نقشه‌های ژنتیکی مورد توجه قرار گیرد (Singh et al. 2014). تا کنون مطالعات زیادی در رابطه با ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین گونه‌ای در ژرم‌پلاسم گندم با استفاده از انواع گوناگونی از سیستم‌های نشانگری صورت گرفته است، با این حال اطلاعاتی در رابطه با کاربرد سیستم نشانگری CBDP در دسترس نمی‌باشد. از این‌رو، هدف از این پژوهش بررسی میزان تنوع ژنتیکی موجود در برخی از توده‌های گندم زراعی و گونه‌های نیای وحشی آن یعنی *Ae. tauschii*، *Ae. speltoides* و *T. urartu* می‌باشد. علاوه براین، نشان دادن قابلیت این سیستم در تفکیک و گروه‌بندی توده‌های مورد بررسی از دیگر اهداف این تحقیق به‌شمار می‌آید.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۸۰ توده زراعی و وحشی متعلق به گونه‌های *T. aestivum*، *T. urartu*، *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* جمع‌آوری شده از نواحی جغرافیایی مختلف ایران مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفت. کلیه توده‌های مورد مطالعه از بانک ژن غلات واقع در دانشگاه ایلام (Ilam University Gene Bank; IUGB) تهیه و مشخصات ژنومی و محل جمع‌آوری آن‌ها در جدول ۱ درج شده است.

به‌منظور استخراج DNA ژنومی، ابتدا تعداد ۱۰ بذر از هر یک از توده‌های مورد ارزیابی در گلدان کشت شد و نمونه‌های برگی در

[1] CATT-box derived polymorphism
[2] Quantitative traits loci

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

مرحله ۲ برگی به‌صورت بالک برداشت و استخراج DNA ژنومی با استفاده از دستورالعمل CTAB[1] و بر اساس روش Doyle and Doyle (1987) انجام شد. کیفیت DNA استخراجی هر توده توسط الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد مورد بررسی قرار گرفت.

[1] Cethyl Trimenthyl Ammonium Bromide

جدول ۱- کد، محل جمع‌آوری و مشخصات ژنومی توده‌های مورد ارزیابی در این پژوهش

ردیف	گونه	کد	استان	ردیف	گونه	کد	استان
۱	*Ae. tauschii* (D genome)	IUGB-00269	گیلان	٤١		IUGB-01671	لرستان
۲		IUGB-00020	اردبیل	٤٢		IUGB-01695	کرمانشاه
۳		IUGB-00107	گیلان	٤٣		IUGB-01696	کرمانشاه
٤		IUGB-00164	اردبیل	٤٤		-	مرکزی
٥		IUGB-00193	آذربایجان شرقی	٤٥	*T. durum* (AB genome)	-	لرستان
٦		IUGB-00196	مازندران	٤٦		IUGB-00038	اصفهان
۷		IUGB-00198	زنجان	٤٧		IUGB-00268	خوزستان
۸		IUGB-00222	گلستان	٤٨		IUGB-00517	خوزستان
۹		IUGB-00223	مازندران	٤٩		IUGB-00520	اردبیل
۱۰		IUGB-00224	گیلان	٥٠		IUGB-00522	کهگیلویه و بویراحمد
۱۱		IUGB-00245	مازندران	٥١		IUGB-00531	کردستان
۱۲		IUGB-00247	مازندران	٥٢		IUGB-00543	کردستان
۱۳		IUGB-00260	گیلان	٥٣		IUGB-00651	گلستان
١٤		IUGB-00261	مازندران	٥٤		IUGB-00658	خراسان رضوی
١٥		IUGB-00275	اردبیل	٥٥		IUGB-00663	خراسان رضوی
١٦		IUGB-00325	مازندران	٥٦		IUGB-00770	کهگیلویه و بویراحمد
١٧		IUGB-00365	مازندران	٥٧		IUGB-00912	ایلام
١٨		IUGB-00366	گیلان	٥٨		IUGB-01673	لرستان
١٩		IUGB-00369	گیلان	٥٩		IUGB-01677	لرستان
۲۰		IUGB-00402	مازندران	٦٠		IUGB-01859	کرمانشاه
۲۱	*Ae. speltoides* (B genome)	IUGB-00025	کرمانشاه	٦١		IUGB-01692	کرمانشاه
۲۲		IUGB-00083	کرمانشاه	٦٢		IUGB-01731	ایلام
۲۳		IUGB-00337	-	٦٣		IUGB-01688	کرمانشاه
۲٤		IUGB-00416	-	٦٤	*T. urartu* (A genome)	IUGB-00077	کرمانشاه
۲٥		IUGB-00963	ایلام	٦٥		IUGB-00079	کردستان
۲٦		IUGB-01057	ایلام	٦٦		IUGB-00094	کردستان
۲۷	*T. aestivum* (ABD genome)	IUGB-00074	آذربایجان غربی	٦٧		IUGB-00124	کردستان
۲۸		IUGB-00133	خراسان رضوی	٦٨		IUGB-00128	کرمانشاه
۲۹		IUGB-00134	قزوین	٦٩		IUGB-00145	کردستان
۳۰		IUGB-00264	اصفهان	۷۰		IUGB-00154	کهگیلویه و بویراحمد
۳۱		IUGB-00447	کردستان	۷۱		IUGB-00162	چهارمحال و بختیاری
۳۲		IUGB-00453	آذربایجان غربی	۷۲		IUGB-00206	کرمانشاه
۳۳		IUGB-00460	زنجان	۷۳		IUGB-00285	کرمانشاه
۳٤		IUGB-00480	آذربایجان غربی	۷٤		IUGB-00286	چهارمحال و بختیاری
۳٥		IUGB-00482	کردستان	۷٥		IUGB-00324	کرمانشاه
۳٦		IUGB-00485	آذربایجان غربی	۷٦		IUGB-00344	کرمانشاه
۳۷		IUGB-00516	خوزستان	۷۷		IUGB-00346	کردستان
۳۸		IUGB-00911	ایلام	۷۸		IUGB-00347	اردبیل
۳۹		IUGB-01569	لرستان	۷۹		IUGB-00423	کرمانشاه
٤۰		IUGB-01635	ایلام	۸۰		IUGB-00426	کردستان

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

جدول ۲- مشخصات توالی آغازگرهای CBDP و نتایج حاصل از تکثیر PCR در ۸۰ توده مورد مطالعه

آغازگر	Sequence (5′→3′)	درصد GC	تعداد قطعات تکثیر شده	تعداد قطعات چندشکل	درصد چندشکلی	محتوی اطلاعات چندشکل	قدرت تمایز	شاخص نشانگری
CBDP-1	TGAGCACGATCCAATAGC	۵۰	۱۰	۱۰	۱۰۰	۰/۴۹۶	۱۰/۷۵	۴/۹۶
CBDP-2	TGAGCACGATCCAATAAT	۳۸/۸۹	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۹۹	۹/۱۲	۴/۴۹
CBDP-3	TGAGCACGATCCAATACC	۵۰	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۹۶	۹/۷۵	۴/۴۶
CBDP-4	TGAGCACGATCCAATAAG	۴۴/۴۴	۱۰	۱۰	۱۰۰	۰/۴۹۷	۹/۳۵	۴/۹۷
CBDP-5	TGAGCACGATCCAATCTA	۴۴/۴۴	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۹۹	۸/۶۲	۴/۴۹
CBDP-6	TGAGCACGATCCAATCAG	۵۰	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۶۰	۱۱/۵۲	۴/۱۴
CBDP-7	TGAGCACGATCCAATCGA	۵۰	۱۲	۱۲	۱۰۰	۰/۴۶۱	۱۵/۳۲	۵/۵۳
CBDP-8	TGAGCACGATCCAATCGG	۵۵/۵۶	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۶۵	۱۱/۳۴	۴/۱۹
CBDP-9	TGAGCACGATCCAATGAT	۴۴/۴۴	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۸۸	۱۰/۳۵	۴/۳۹
CBDP-10	TGAGCACGATCCAATGTT	۴۴/۴۴	۱۰	۱۰	۱۰۰	۰/۴۹۰	۱۱/۴۰	۴/۹۰
CBDP-11	TGAGCACGATCCAATTGC	۵۰	۸	۸	۱۰۰	۰/۴۸۹	۹/۱۷	۳/۹۱
CBDP-12	TGAGCACGATCCAATATA	۳۸/۸۹	۱۱	۱۱	۱۰۰	۴۹۲	۱۲/۳۷	۵/۴۱
CBDP-13	TGAGCACGATCCAATGAG	۵۰	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۸۳	۱۰/۶۲	۴/۳۵
CBDP-14	TGAGCACGATCCAATGCG	۵۵/۵۶	۹	۹	۱۰۰	۰/۴۷۰	۱۱/۲۰	۴/۲۳
CBDP-15	TGAGCACGATCCAATTGA	۴۴/۴۴	۸	۸	۱۰۰	۰/۴۸۶	۹/۳۰	۳/۸۹
	میانگین		۹/۴۰	۹/۴۰	۱۰۰	۰/۴۸	۱۰/۶۷	۴/۵۵

از بین ۲۵ آغازگر طراحی شده بر اساس مطالعه Singh et al. (2014)، ۱۵ آغازگر که قادر به تولید قطعات چند شکل بودند انتخاب و ارزیابی تنوع ژنتیکی بر اساس آن‌ها انجام شد. مشخصات هر یک از این آغازگرها در جدول ۲ نشان داده شده‌است. پس از بهینه‌سازی شرایط تکثیر، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR[1]) در حجم ۲۰ میکرولیتر شامل ۱۰ میکرولیتر Master mix2X PCR (Ampliqon, ID: 5200300-1250)، ۶ میکرولیتر آب دیونیزه، ۲ میکرولیتر DNA ژنومی و ۲ میکرولیتر آغازگر انجام شد. تکثیر PCR در ترموسایکلر با دمای واسرشت-سازی اولیه ۹۴ درجه سلسیوس به مدت ۴ دقیقه و سپس ۳۰ چرخه با دمای ۹۴ درجه سلسیوس به مدت یک دقیقه، یک دقیقه دمای اتصال هر آغازگر و دو دقیقه در دمای ۷۲ سلسیوس به‌عنوان دمای گسترش و در نهایت ۷ دقیقه دمای ۷۲ درجه سلسیوس جهت بسط نهایی انجام شد. محصولات PCR نیز در ژل آگارز ۱/۵ درصد و با استفاده از رنگ‌آمیزی با Safeview II تفکیک و سپس امتیازدهی شدند. پس از امتیازدهی قطعات تکثیری، معیارهای کارایی نشانگر هم‌چون محتوی اطلاعات چندشکل (*PIC*[2])، شاخص نشانگر (*MI*[3]) و قدرت تمایز (*Rp*[4]) بر اساس روابط ارائه شده توسط Powell et al. (1996) محاسبه شد. به‌منظور تعیین تنوع ژنتیکی بین جنس‌ها و گونه‌ها و هم‌چنین تنوع درون آن‌ها، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA[5]) با استفاده از نرم‌افزار GenAlEX انجام شد. جهت بررسی و مقایسه میزان تنوع ژنتیکی موجود در هر یک از گونه‌های خویشاوندی پارامترهای ژنتیکی درصد لوکوس‌های چندشکل (PPL[6])، شاخص شانون (I[7])، تنوع ژنی نی (H[8])، تعداد آلل‌های مشاهده شده (Na[9]) و تعداد آلل‌های مؤثر (Ne[10]) با استفاده از نرم‌افزار POP-GENE برآورد شدند. گروه‌بندی توده‌های مورد بررسی بر اساس ماتریس تشابه جاکارد و به روش Neighbor-joining با استفاده از نرم‌افزار DARwin ver. 6 صورت گرفت. تجزیه به مختصات اصلی (PCoA[11]) نیز با استفاده از نرم‌افزار GenAlEX و با هدف ارزیابی روابط بین گونه‌های مختلف و تأیید نتایج تجزیه خوشه‌ای انجام شد.

[1] Polymerase chain reaction
[2] Polymorphism information content
[3] Marker index
[4] Resolving power
[5] Analysis of molecular variance
[6] Percentage of polymorphism loci
[7] Shannon's information index
[8] Nei's genetic diversity
[9] Number of observed alleles
[10] Effective number of alleles
[11] Principal coordinate analysis

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

نتایج

در جدول ۲ خلاصه‌ای از نتایج به‌دست آمده از تکثیر ۱۵ آغازگر مورد استفاده در این پژوهش نشان داده شده‌است. در کل آغازگرها ۱٤۱ قطعه تکثیری یافت شد که تمامی آن‌ها چندشکل بودند. تعداد کل قطعات تکثیری از هشت (مربوط به آغازگر CBDP-11 و CBDP-15) تا ۱۲ قطعه (مربوط به آغازگر CBDP-7) با میانگین ۹/٤ قطعه متغیر بود. با توجه به نتایج به‌دست آمده مشخص شد که آغازگرهای CBDP-5 و CBDP-7 به‌ترتیب با مقادیر ۸/٦۲ و ۱۵/۳۲ دارای کم‌ترین و بیش‌ترین قدرت تمایز (*Rp*) در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های مورد مطالعه بودند. شاخص *MI* نیز بین نشانگرهای استفاده شده متغیر و دارای دامنه‌ای بین ۳/۸۹ (آغازگر CBDP-15) و ۵/۵۳ (آغازگر CBDP-7) با میانگین ٤/۵۵ بود. متوسط شاخص *PIC* برابر ۰/٤۸ بود و کلیه آغازگر دارای مقداری بیش از ۰/٤٦ بودند.

تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) بر اساس نشانگرهای CBDP نشان داد که ۳۷ درصد از تغییرات کل، مربوط به تنوع بین گونه‌ای است در حالی‌که ٦۳ درصد از تغییرات با تنوع درون گونه‌ای قابل توجیه می‌باشد. به‌عبارت دیگر آغازگرهای استفاده شده در این تحقیق به خوبی قادر بودند تنوع ژنتیکی معنی‌داری را در بین و درون توده‌های مورد ارزیابی نشان دادند (جدول ۳).

نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی در گونه‌های مختلف در جدول ٤ نشان داده شده‌است. شاخص *Na* با میانگین ۱/٦٤ دارای دامنه تغییراتی بین ۱/۲٤ تا ۱/۷۹ بود به‌طوری که کم‌ترین و بیش‌ترین مقدار آن به‌ترتیب در گونه‌های *Ae. speltoides* و *T. aestivum* مشاهده شد. از نظر شاخص *Ne* نیز گونه *T. durum* دارای بیش‌ترین مقدار بود و به دنبال آن گونه *Ae. tauschii* نسبت به سایر گونه‌ها از شاخص *Ne* بالاتری برخوردار بودند. با این حال کم‌ترین مقدار این شاخص در گونه‌های *Ae. speltoides* مشاهده شد. متوسط مقدار این پارامتر نیز در کلیه گونه‌های مورد مطالعه ۱/٤٤ به‌دست آمد. مقدار شاخص *I* نیز بین گونه‌های مختلف متفاوت و دارای میانگین ۰/۳۸ بود و بیش‌ترین مقدار این پارامتر متعلق به گونه‌های *T. durum*، *T. aestivum* و *Ae. tauschii* بود. شاخص *H* نیز به‌عنوان یکی از مهم‌ترین معیارهای تنوع ژنتیکی باعث نشان دادن الگوی متفاوتی از گونه‌های مورد مطالعه شد. گونه‌های *T. durum*، *T. aestivum* و *Ae. tauschii* به‌ترتیب از بیش‌ترین مقدار تنوع ژنتیکی برخوردار بودند و در مقابل گونه *Ae. speltoides* دارای کم‌ترین مقدار H بود. با این وجود، در بین گونه‌های مورد بررسی *Ae. speltoides* بیش‌ترین میزان چندشکلی در مکان‌های ژنی را نسبت به سایر گونه‌ها نشان داد.

جدول ۳- تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) ۸۰ توده مورد ارزیابی با استفاده از آغازگرهای CBDP

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس برآورد شده	درصد تغییرات
بین گونه	٤	۷٦۹/٦۱	۱۹۲/٤۰	۱۱/۱۰	۳۷
درون گونه	۷۵	۱٤٤٤۵/۲۸	۱۹/۲۷	۱۹/۲۷	٦۳
کل	۷۹	۲۲۱٤/۹۰		۳۰/۳۷	۱۰۰

جدول ٤- نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی در گونه‌های زراعی و گونه‌های نیای وحشی آن‌ها

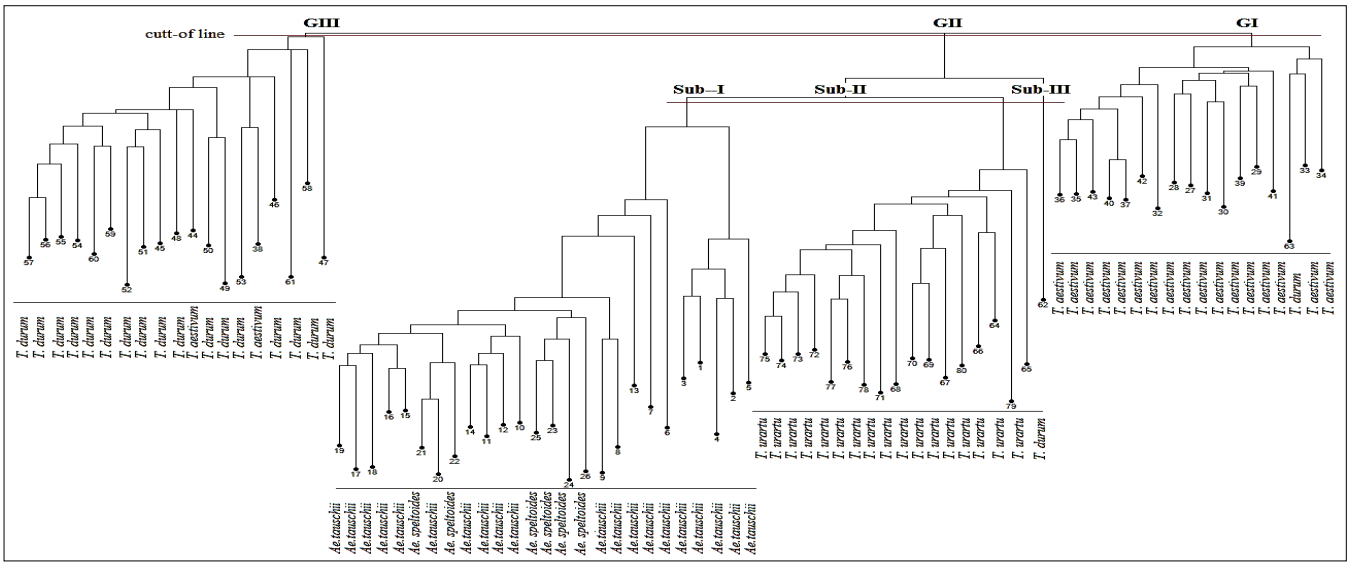
گونه	ژنوم	تعداد نمونه	تعداد آلل‌های مشاهده شده (*Na*)	تعداد آلل‌های مؤثر (*Ne*)	شاخص شانون (*I*)	تنوع ژنتیکی نی (*H*)	درصد مکان‌های چندشکل
T. aestivum	ABD	۱۸	۱/۷۹±۰/۰۴	۱/۴۵±۰/۰۳	۰/۴۱±۰/۰۲	۰/۲۷±۰/۰۱	۸۳/۶۹
T. durum	AB	۱۹	۱/۷۸±۰/۰۴	۱/۵۲±۰/۰۳	۰/۴۵±۰/۰۲	۰/۳۰±۰/۰۱	۸۲/۲۷
T. urartu	A^u	۱۷	۱/۶۳±۰/۰۵	۱/۴۴±۰/۰۳	۰/۳۸±۰/۰۲	۰/۲۶±۰/۰۱	۷۳/۷۶
Ae. speltoides	B	۶	۱/۲۴±۰/۰۱	۱/۲۹±۰/۰۲	۰/۲۴±۰/۰۱	۰/۱۶±۰/۰۱	۹۰/۲۹
Ae. tauschii	D	۲۰	۱/۷۳±۰/۰۵	۱/۴۷±۰/۰۳	۰/۴۱±۰/۰۲	۰/۲۷±۰/۰۱	۸۰/۱۴
	کل	۸۰	۱/۶۴±۰/۰۲	۱/۴۴±۰/۰۳	۰/۳۸±۰/۰۲	۰/۲۶±۰/۰۲	۷۲/۴۸±۷/۶۷

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

جدول ۵- ضرایب فاصله (پایین قطر اصلی) و تشابه (بالای قطر اصلی) ژنتیکی بین گونه‌های زراعی و اجدادی آن‌ها

گونه	*T. urartu*	*Ae. tauschii*	*Ae. speltoides*	*T. durum*	*T. aestivum*
T. aestivum	۰/۷۲٤	۰/۷۳٤	۰/٦٦۱	۰/۹۰	
T. durum	۰/۷۵۹	۰/۸۵٦	۰/۸٦۳		۰/۱۰۵
Ae. speltoides	۰/۷۰۵	۰/۸۹٤		۰/۱٤۷	۰/٤۱٤
Ae. tauschii	۰/۷۲٦		۰/۱۱۲	۰/۱۵٦	۰/۳۰۹
T. urartu		۰/۳۲۱	۰/۳۵۰	۰/۲۷٦	۰/۳۲۲

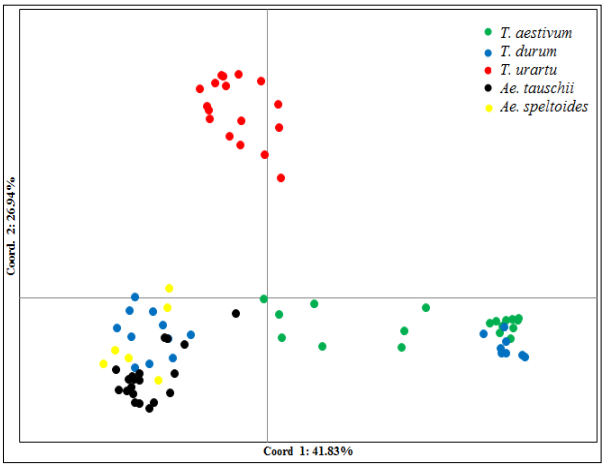


شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس ماتریس ضرایب تشابه ژنتیکی جاکارد با استفاده از روش Neighbor-Joining

با توجه به نتایج حاصل از ماتریس فاصله بین توده‌های مختلف مبتنی بر فاصله نی (Nei's) بیش‌ترین فاصله ژنتیکی و به موازات آن کمترین تشابه ژنتیکی بین دو توده متعلق به گونه *T. durum* و *Ae. tauschii* مشاهده شد (ماتریس فواصل ژنتیکی بین توده‌های ارزیابی شده نشان داده نشده‌است). با این حال، دو توده متعلق به گونه *T. aestivum* دارای کم‌ترین فاصله ژنتیکی با یکدیگر بودند. از نقطه نظر فواصل ژنتیکی بین گونه‌های زراعی و اجداد وحشی آن‌ها مشاهده شد (جدول ۵) که، گونه‌های *T. durum*، *T. urartu* و *Ae. tauschii* دارای بیش‌ترین تشابه ژنتیکی با گونه *T. aestivum* هستند ولی گونه *Ae. speltoides* نسبت به سایر گونه‌ها دارای فاصله ژنتیکی بیش‌تری نسبت به *T. aestivum* می‌باشد که این نتیجه دور از انتظار نیست، زیرا اگرچه در بیشتر منابع گونه *Ae. speltoides* به‌عنوان والد دهنده ژنوم B به گونه‌های *T. aestivum* و *T. durum* در نظر گرفته شده‌است با این حال، این گونه متعلق به بخش Setopsis آژیلوپس بوده و در اکثر مطالعات به‌عنوان گروه جداگانه‌ای از سایر گونه‌ها متمایز می‌شود. به منظور توصیف دقیق‌تر روابط بین گونه‌های ارزیابی شده، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ماتریس تشابه ژنتیکی جاکارد و به روش Neighbor-Joining انجام شد. ضریب کوفنتیک به‌دست آمده برای این روش در مقایسه با سایر روش‌های تجزیه خوشه‌ای دارای بالاترین مقدار خود بود (۰/۹۸٤). با توجه به دندروگرام حاصل از این تجزیه ۸۰ توده زراعی و وحشی گندم در سه گروه اصلی از یکدیگر متمایز شدند (شکل ۱). گروه اول (GI) شامل ۱٦ توده متعلق به گونه *T. aestivum* و یک توده مربوط به گونه *T. durum* بود. گروه دوم (GII) در برگیرنده در برگیرنده کلیه خویشاوندان وحشی بود به طوری‌که از سه زیر گروه تشکیل شد. کلیه توده‌های مربوط به گونه‌های *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* در زیر گروه اول (Sub-I) قرار گرفتند. زیر گروه دوم نیز شامل کلیه توده‌های مربوط به گونه *T. urartu* بود. یک توده متعلق به گونه *T. durum* نیز به تنهایی به‌عنوان زیر گروه سوم (Sub-III) از دیگر توده‌ها متمایز شد. سومین گروه اصلی نیز شامل توده‌های مربوط به گونه *T. durum* به‌همراه دو توده متعلق به گونه *T.*

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

aestivum بود. با توجه به نتایج حاصل از گروه‌بندی توده‌های مورد مطالعه می‌توان عنوان نمود که تفکیک توده‌ها در گروه‌های مختلف منطبق بر ساختار ژنومی آن‌ها می‌باشد. به‌منظور تأیید نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) انجام شد. با توجه به نتایج حاصل از این تجزیه مشخص شد دو مؤلفه نخست قادر به توجیه ٦٨/٧٧ درصد از تغییرات موجود در داده‌های مولکولی بودند که بر این اساس نمودار پراکنش توده‌های مورد بررسی بر مبنای این مؤلفه (Coord 1 و Coord 2) ترسیم شد. همانطور که در شکل ٢ ملاحظه می‌شود، ٨٠ توده مورد بررسی در گروه‌های تقریباً مجزایی از یکدیگر تفکیک شدند که به میزان زیادی تأیید کننده نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای بود. با توجه به بای‌پلات ترسیم شده، توده‌های مربوط به گونه *T. urartu* به صورت یک گروه جداگانه از سایر توده‌ها متمایز شدند. توده‌های مربوط به دو گونه *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* به‌همراه چند توده از گونه *T. durum* در ناحیه مجزایی از مرکز بای پلاست جای گرفتند. در نهایت اکثر توده‌های مربوط به گونه *T. aestivum* نیز به‌همراه تعدادی از توده‌های متعلق به گونه *T. durum* نیز از سایر توده‌ها متمایز شدند.



شکل ٢- نمودار بای‌پلات حاصل از تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) برای ٨٠ توده گندم زراعی و نیای وحشی آن‌ها بر اساس آغازگرهای CBDP

بحث

پیشرفت در ابزارهای مولکولی منجر به تغییر الگوی به‌کارگیری از نشانگرهای تصادفی و مبتنی بر DNA به نشانگرهای مبتنی بر ژن و هم‌چنین ارائه سیستم‌های نشانگری جدید شده‌است (Poczai et al. 2013). از جمله سیستم‌های نشانگری جدید می‌توان به نشانگرهای CBDP اشاره نمود. اگرچه تا کنون مطالعات گوناگونی در رابطه با ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین خویشاوندی در گیاهان مختلف با استفاده از این تکنیک صورت گرفته است، با این حال اطلاعاتی در رابطه با قابلیت این تکنیک در ارزیابی توع ژنتیکی و گروه‌بندی خویشاوندان وحشی گندم موجود نمی‌باشد. از این‌رو، این نتایج می‌تواند نخستین گزارش در این زمینه باشد. نتایج حاصل از این ارزیابی نشان داد ١٥ آغازگر استفاده شده به‌طور کامل قادر به ارائه میزان چندشکلی بالایی بودند به طوری‌که میزان چندشکلی به‌دست آمده با استفاده از این آغازگرها برابر ١٠٠ درصد بود که این میزان نسبت به سایر مطالعات انجام شده در گیاهان مختلف مانند Jojoba با ٥١/٩٠ درصد (Heikrujam et al. 2011)، Fenel با ٦٦/١٤ درصد (Yadav and Malik 2017) و Kalmeg با ٨٥/٥٧ درصد (Tiwari et al. 2017) بیش‌تر بود. بنابراین به‌نظر می‌رسد این سیستم نشانگری دارای قابلیت بالایی در نشان دادن میزان چندشکلی موجود در بین گونه‌های ژرم‌پلاسمی گندم می‌باشد. در بین معیارهای تعیین کننده کارایی سیستم‌های نشانگری، شاخص‌های *PIC* و *Rp* از اهمیت ویژه‌ای برخوردارند زیرا این دو شاخص قابلیت یک سیستم نشانگری در تعیین اثر بخشی و پتانسیل آغازگرهای استفاده شده در ارزیابی تنوع ژنتیکی و قدرت تمایز نمونه‌های مورد بررسی را نشان می‌دهند (Powell et al. 1996). به عبارت دیگر 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. شاخص *Rp* نیز به عنوان معیاری جهت تمایز آغازگرهای به‌کار رفته مورد استفاده قرار می‌گیرد. در حقیقت این شاخص توانایی یک سیستم نشانگری را در ایجاد باندهای قابل امتیازدهی تعیین می‌کند. با این وجود، Prevost and Wilkinson (1999) اظهار داشتند که این شاخص نمی‌تواند اطلاعاتی درباره توانایی یک آغازگر در بازتاب روابط ژنتیکی با تاکسونومی یک گروه ژنوتیپ تحت مطالعه را فراهم کند. بنابراین با توجه به نتایج به‌دست آمده می‌توان اظهار داشت که سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون مجموعه ژرم‌پلاسم

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

گندم مورد مطالعه در این تحقیق وجود دارد. در این رابطه بسیاری از مطالعات قبلی صورت گرفته با استفاده از دیگر نشانگرهای مولکولی نیز سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را بین گونه‌های آژیلوپس و تریتیکوم نشان داده‌اند (Naghavi et al. 2009; Tahernezhad et al. 2010; Hamidi et al. 2014; Mousavifard et al. 2015; Moradkhani et al. 2015; Pour-Aboughadareh et al. 2018).

نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را بین و درون جمعیت‌های بررسی شده نشان داد که به‌نظر می‌رسد این تنوع می‌تواند در برنامه‌های اصلاح گندم مورد استفاده قرار گیرد. در این رابطه، Pour-Aboughadareh et al. (2017a) نیز با بررسی جمعیت‌هایی از گونه‌های زراعی و وحشی جنس تریتیکوم با استفاده از نشانگرهای SCoT سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را گزارش کردند. وجود تنوع ژنتیکی بالا درون گونه‌های ژرم‌پلاسمی با استفاده از نشانگرهای مولکولی متفاوت مانند RAPD، SCoT، SSR و ISSR توسط سایر محققان نیز گزارش شده‌است (Thomas et al. 2010; Etminan et al. 2016; Etminan et al. 2017). بررسی نتایج به‌دست آمده از مقایسه گونه‌های مختلف از نظر مهم‌ترین پارامترهای ژنتیکی نشان داد از نظر کلیه پارامترهای برآورد شده (*Na*، *Ne*، *I*، *H* و *PPL*) گونه‌های *T. aestivum*، *T. durum* و *Ae. tauschii* نسبت به دو گونه اجدادی *T. urartu* و *Ae. speltoides* از میزان تنوع آللی و ژنتیکی بیشتری برخوردارند. در این راستا Huang et al. (2002)، Gulbiti-Onarici et al. (2007)، Etminan et al. (2017) و Pour-Aboughadareh et al. (2018) نیز با استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف سطح قابل توجهی از میزان تنوع ژنتیکی در گونه‌های ذکر شده را گزارش نمودند. با این حال، نتایج مطالعه Wang et al. (2013) در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های خویشاوند وحشی نشان داد که گونه‌های *Ae. tauschii*، *T. urartu* و *Ae. speltoides* دارای بیش‌ترین میزان تنوع ژنتیکی در مقایسه با گونه‌های زراعی هستند. از این‌رو، به‌نظر می‌رسد اختلاف مشاهده شده در میزان سطح تنوع ژنتیکی برآورد شده در بین گونه‌های مختلف ممکن است ناشی از تعداد توده‌های موجود در هر گونه و یا حتی منشأ جغرافیایی نمونه‌های مورد بررسی باشد.

بررسی الگوی گروه‌بندی به‌دست آمده با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و PCoA می‌تواند بیانگر انطباق ساختار ژنومی با روند گروه‌بندی توده‌های مورد بررسی باشد. همان‌گونه که در شکل‌های ۲ و ۳ ملاحظه می‌شود توده‌های زراعی، *T. aestivum* و *T. durum*، به خوبی از سایر خویشاوند وحشی خود در گروه‌های جداگانه‌ای متمایز شده‌اند. از طرف دیگر کلیه توده‌های مربوط به گونه *T. urartu* با ساختار ژنومی A و هم‌چنین توده‌های مربوط به گونه‌های *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* به‌ترتیب با ساختارهای ژنومی D و B از یکدیگر و دو فرم زراعی گندم متمایز شدند. به‌طورکلی نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان داد که سیستم نشانگری CBDP دارای پتانسیل بالایی در نشان دادن روابط بین گونه‌ای و گروه‌بندی افراد بر اساس ساختار ژنومی آن‌ها می‌باشد. از این‌رو می‌توان اظهار داشت که استفاده از این نشانگر مولکولی در آزمایشات تجزیه ارتباط و نقشه‌یابی ژنتیکی می‌تواند به‌طور مؤثری مورد استفاده قرار گیرد. زیرا این نشانگر بر اساس تنوع ناحیه حفاظت شده عمل می‌کند و با توجه به اینکه این مناطق عموماً شامل دامین‌هایی در ارتباط با توالی‌های حفاظت‌شده DNA درون ژن هستند و بر مناطق ژنی متمرکز می‌باشند به‌همین دلیل در برنامه‌های کاربردی نظیر نقشه‌یابی QTL نسبت به نشانگرهای تصادفی برتری دارند (Andersen and Lubberstedt 2003).

سپاسگزاری

بدین وسیله از مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی گیاهی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرمانشاه به‌خاطر فراهم آوردن امکانات و تجهیزات آزمایشگاهی جهت انجام این پژوهش قدردانی می‌شود.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

منابع

Anderson JR, Lubberstedt T (2003) Functional markers in plants. Trends in Plant Science 8:554-560.

Byrt C, Xu B, Krishnan M (2014) The Na^+ transporter, *TaHKT1;5-D*, limits shoot Na+ accumulation in bread wheat. The Plant Journal 80:516-526.

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

Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mohammadi R, Ahmadi-Rad A, Moradi Z, Mahdavian Z, Noori A (2017) Evaluation of genetic diversity in a mini core collection of Iranian durum wheat germplasms. The Journal of Animal and Plant Sciences 27:1582-1587.

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.

Gulbitti-Onarici S, Sumer S, Ozcan S (2007) Phylogenetic relationships among some wild wheat species revealed by AFLP markers. Botanical Journal of the Linnean Society 153:67-72.

Hamidi H, Talebi R, Keshavarz F (2014) Comparative efficiency of functional genebased markers, start codon targeted polymorphism (SCoT) and conserved DNA-derived Polymorphism (CDDP) with ISSR markers for diagnostic fingerprinting in wheat (*Triticum aestivum* L.). Cereal Research Communications 42:558-567.

Heikrujam M, Kumar J, Agrawal V (2015) Genetic diversity analysis among male and female Jojoba genotypes employing gene targeted molecular markers, start codon targeted (SCoT) polymorphism and CAAT box-derived polymorphism (CBDP) markers. Meta Gene 5:90-97.

Huang S, Sirikhachornkit A, Su X, Faris J, Gill B, Haselkorn R, Gornicki P (2002) Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the *Triticum/Aegilops* complex and the evolutionary history of polyploid wheat. Proceedings of the National Academy of Sciences 99:8133-8138.

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.

Mousavifard SS, Saeidi H, Rahiminejad MR, Shamsadini M (2015) Molecular analysis of diversity of diploid *Triticum* species in Iran using ISSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 62:387-394.

Munns R, James RA, Xu B, Athman A, Conn SJ, Jordans C, Byrt C, Hare RA, Tyerman SD, Tester M, Plett D, Gilliham M (2012) Wheat grain yield on saline soils is improved by an ancestral Na^+ transporter gene. Nature Biotechnology 30:360-364.

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(2009) 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.

Poczai P, Varga I, Laos M, Cseh A, Bell N, Valkonen JP, Hyvonen J (2013) Advances in plant gene-targeted and functional markers: a review. Plant Methods 9:1-31.

Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA, Etminan A, Moghaddam M (2017a) Insight into the genetic variability analysis and relationships among some *Aegilops* and *Triticum* species, as genome progenitors of bread wheat, using SCoT markers. Plant Biosystems 152: 694-703.

Pour-Aboughadareh A, Mohmoudi M, Ahmadi J, Moghaddam M, Mehrabi AA, Alavikia SS (2017) Agro–morphological and molecular variability in *Triticum boeoticum* accessions from Zagros Mountains, Iran. Genet Resources and Crop Evolution 64:545-556.

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.

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.

Singh AK, Rana MK, Singh S, Kumar S, Kumar R, Singh R (2014) CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology 23:175-183.

Tahernezhad Z, Zamani MJ, Solouki M, Zahravi M, Imamjomeh AA, Jafaraghaei M and Bihamta MR (2010) Genetic diversity of Iranian *Aegilops tauschii* Coss. using microsatellite molecular markers and morphological traits. Molecular Biology Reports 37:3413–3420.

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.

Tiwari G, Singh R, Singh N, Choudhury DR, Paliwal R (2016) Study of arbitrarily amplified (RAPD and ISSR) and gene targeted (SCoT and CBDP) markers for genetic diversity and population structure in Kalmegh

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]

[*Andrographis paniculata* (Burm. f.) Nees]. Industrial Crops and Products 86:1-11.

Wang J, Wang C, Li X, Yan Y (2018) Low-molecular-weight glutenin subunits from the 1U genome of Aegilops umbellulata confer superior dough rheological properties and improve breadmaking quality of bread wheat. Journal of the Science and Food Agriculture 98:2156-2167.

Wang Y, Wang C, Zhang H, Yue Z, Liu X, Ji W (2013) Genetic analysis of wheat (*Triticum aestivum* L.) and related species with SSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 60:1105-1117.

Wang Y, Zhen S, Luo N, Han C, Lu X, Xia X, He Z, Yan Y (2016) Low molecular weight glutenin subunit gene Glu-B3hconfers superior dough strength and breadmaking quality in wheat (*Triticum aestivum* L). Scientific Reports 6:27182.

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.

Yadav C, Malik CP (2017) Genetic diversity analysis among fennel genotypes employing gene targeted molecular markers, CAAT-box derived polymorphism (CBDP) and conserved DNA derived polymorphism (CDDP) markers. International Journal of Life Sciences 6:107-114.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.8.5]