

بررسی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های ایرانی و خارجی آزیلوپس

نأوشی (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، علی اشرف مهرابی^۲

- ۱- به ترتیب 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 N¹, Ahmadi J^{*1}, Fabriki-Ourang S¹, Mehrabi AA²

- 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

آزیلوپس 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 آزیلوپس 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) به ترتیب برابر با ۰/۸۱، ۱/۸۲ و 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) تأیید شد. باتوجه به الگوی گروه‌بندی خوشه‌ای حاصل، در برخی موارد توده‌ها بر اساس منشأ 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 منشأ 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 آلی و معرفی آل‌های مطلوب می‌شود که برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک شایانی به به‌نژادگران گندم خواهد کرد.

واژه‌های کلیدی

آزیلوپس
تنوع ژنتیکی
گندم وحشی
میکروساتلایت

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 العاده‌ای 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 عمده‌تأ 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. آزیلوپس‌ها (*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 گونه‌ای همواره مورد توجه متخصصین به‌نژادی گیاهی بوده است. بنابراین حفاظت و بهره‌برداری ذخایر ژنتیکی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. دو جنس آزیلوپس 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; Kihara 1944; 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 تأثیر 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). SSRها پرکاربردترین نشانگرهایی هستند که به‌ویژه برای گونه‌های وحشی، مفید می‌باشند. ریزماهورها 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. ریزماهورها (۱- ۱۰ نوکلئوتید) و مینی ماهواره‌ها (بیش از ۱۰ نوکلئوتید) زیر

¹ Simple sequence repeats

توده را به ۶ 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 آریلوپس است و گونه‌های *Ae. tauschii* و *Ae. biuncialis* و *Ae. trincialis* از این کشور بوده‌اند، توده‌های بسیار متنوع از این گونه می‌توانند آل‌های 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 آریلوپس 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 آریلوپس تائوشی از دیگر اهداف تحقیق حاضر بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد مطالعه در این تحقیق شامل ۸۹ توده آریلوپس 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

مجموعه‌های تکرارهای پشت سرهم (TRs) هستند که همراه 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 ۴ گونه گندم *Triticum* و *Aegilops* را با استفاده از ۳ نشانگر SCoT، CDBP و SSR مورد بررسی قرار دادند. نتایج آن‌ها نشان داد که نشانگر CDBP کارایی بیشتری نسبت به SCoT داشت و نشانگرهای SSR به‌دلیل محتوای اطلاعات چند شکل (PIC^۱) بالا و قدرت تفکیک (RP^۲) و شاخص نشانگر (MI^۳) 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 ۴۹ 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 ۶ گونه مختلف آریلوپس جمع‌آوری شده از گرجستان و آذربایجان با استفاده از نشانگر مولکولی ریزماهواره SSR بررسی شد. نتایج تجزیه خوشه‌ای ۷۲

^۱ Polymorphism information content

^۲ Resolving power

^۳ Marker index

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 ۴/۵ 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 واسرشت‌سازی به مدت ۱ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگر به مدت ۴۵ ثانیه در دمای بهینه‌سازی شده برای هر آغازگر (بین ۵۷-۶۵)، 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	۴۷	00309	ایران	۸۱	0562	ایران (سمنان)
۵	00107	ایران (گیلان)	۴۸	00310	ایران	۸۴	0667	ایران (آذربایجان شرقی)
۶	00108	ایران	۴۹	00311	سوئد	۸۶	0804	ایران (گلستان)
۷	00141	ایران	۵۰	00312	ایران	۸۷	0836	ایران (مازندران)
۸	00143	ایران	۵۱	00313	ایران	۸۸	0945	ایران (مازندران)
۱۰	00151	ایران (اردبیل-سرعین)	۵۳	00315	ایران	۹۰	1559	ایران (سمنان)
۱۲	00164	ایران (آستارا- اردبیل)	۵۴	00325	ایران (کرج- چالوس)	۹۴	1970	ایران (خراسان)
۱۳	00193	ایران (اهر- کلپیر)	۵۵	00362	ارمنستان	۹۶	2115	ایران (مازندران)
۱۸	00238	ایران (کرج- چالوس)	۵۶	00365	ایران (مازندران)	۹۷	2120	ایران (مازندران)
۱۹	00245	ایران (کرج- چالوس)	۵۸	00367	ایران (کلپیر)	۹۹	Aladozge h	ایران (رشت)
۲۰	00247	ایران (مازندران- آمل)	۵۹	00369	ایران (گیلان- کلچای)	۱۰۰	Aladozge h	ایران (رشت)
۲۱	00249	ایران (مازندران)	۶۰	00370	ایران	۱۰۱	Gilan	ایران (رشت)
۲۲	00260	ایران (۳ km آستارا)	۶۱	00371	ایران	۱۰۲	1	ایران
۲۳	00261	ایران (کرج- چالوس)	۶۲	00374	ایران (آستانه)	۱۰۴	3	ایران
۲۶	00273	ایران (سرعین- اردبیل)	۶۳	-00375	ایران (دشت مغان)	۱۰۵	18	ایران (برغان)
۲۷	00274	ایران (چالوس)	۶۵	00386	ایران (کلپیر)	۱۰۶	23	ایران (رضوانشهر)
۲۸	00276	ایران (۲۰ km بهشهر)	۶۶	00396	ایران (مازندران)	۱۰۷	24	ایران (رضوانشهر)
۲۹	00279	ایران (اهر- تبریز)	۶۷	00400	ایران (جاده چالوس)	۱۰۹	26	ایران (جاده پونل)
۳۰	00289	افغانستان	۶۸	00401	ایران (نور)	۱۱۱	28	ایران (جاده پونل)
۳۲	00291	آذربایجان	۶۹	00402	ایران (نور)	۱۱۲	29	ایران (جاده پونل)
۳۵	00295	ترکیه	۷۰	00404	ایران (رشت- تالش)	۱۱۴	33	ایران (جاده رشت)
۳۶	00296	ارمنستان	۷۱	00405	ایران (کرج- چالوس)	۱۱۵	34	ایران (جاده رشت)
۳۷	00297	ایران	۷۲	00429	ایران	۱۱۶	35	ایران (جاده رشت)
۳۸	00298	ایران	۷۳	01746	ایران (آذربایجان شرقی)	۱۱۸	43	ایران (فومن)
۴۰	00300	ایران	۷۴	50006	ایران (آذربایجان غربی)		0205	ایران (اردبیل)
۴۱	00302	افغانستان	۷۵	50037	ایران (خراسان)		0222	ایران (گلستان)
۴۲	00303	ترکیه	۷۶	50084	ایران (آذربایجان شرقی)		0381	ایران (آستارا)
۴۳	00305	ایران	۷۷	50133	ایران (خراسان)		0382	ایران (نورآباد)
۴۵	00307	ایران	۷۸	50136	ایران (خراسان)		2076	ایران
۴۶	00308	آذربایجان	۷۹	0312	ایران (آذربایجان غربی)			

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 تکثیر شده	آلل‌های چند شکل	PIC	MI	RP
SSR1	(GCAT)3	۵	۴	۰/۸۸	۱/۴	۱/۹۶
SSR2	(CATG)3	۳	۳	۰/۸۶	۲/۵۸	۱/۹۴
SSR3	(GAA)11	۴	۴	۰/۹۲	۳/۶۸	۱/۹۴
SSR5	(CT)7	۳	۳	۰/۷۷	۲/۳۱	۰/۶۶
SSR6	(AGTGGG)5	۴	۳	۰/۹۱	۰/۸۵	۱/۹۶
SSR7	(CTCCC)5	۵	۵	۰/۸۶	۴/۳	۳/۱۸
SSR8	(CT)7CA(CT)3(GT)4(GC)6	۴	۳	۰/۹۱	۰/۸۵	۱/۹۶
SSR9	(TC)16	۴	۴	۰/۹۲	۳/۶۸	۱/۹۲
SSR10	(AC)6ATGCAGCGC(GCAGG)4	۴	۳	۰/۹۲	۳/۸۶	۱/۹۸
SSR11	(GCCG)4	۳	۳	۰/۹۴	۲/۲۸	۱/۲۴
SSR12	(CTG)7	۲	۲	۰/۸۴	۱/۶۸	۱/۳۸
SSR13	(CT)13	۳	۳	۰/۷۳	۲/۱۹	۱/۹۴
SSR14	(AAATCC)3	۴	۳	۰/۸۶	۰/۸	۱/۹۶
SSR15	(CT)8	۴	۳	۰/۸	۰/۷۵	۱/۹۲
SSR16	(TGAGA)4	۴	۳	۰/۹۱	۰/۸۵	۱/۹۶
SSR17	(CGGC)4	۳	۲	۰/۸	۰/۲۹	۱/۹۸
SSR18	(TA)6	۲	۲	۰/۷۱	۱/۴۲	۱/۹۸
SSR19	(AG)6	۲	۲	۰/۶۹	۱/۳۸	۱/۹۸
SSR20	(TC)21	۵	۵	۰/۹۴	۴/۷	۱/۹۶
SSR21	(GATG)3	۳	۳	۰/۸۴	۲/۵۲	۱/۸۸
SSR22	(TTC)5	۳	۳	۰/۸۴	۲/۵۲	۱/۹۶
SSR23	(GAGC)3	۲	۲	۰/۵۵	۱/۱	۱/۹۸
SSR24	(TTC)4	۲	۲	۰/۷۵	۱/۵	۱/۹۸
SSR25	(CATG)3	۳	۳	۰/۸۶	۲/۵۸	۱/۹۰
SSR26	(AGCT)3	۳	۲	۰/۸۱	۰/۲۹	۱/۹۸
SSR27	(GGAGA)3	۵	۴	۰/۹۵	۱/۵۲	۱/۹۴
SSR28	(CCT)5	۵	۴	۰/۹۵	۱/۵۲	۱/۹۰
SSR29	(GGAC)3	۳	۲	۰/۵۲	۰/۱۹	۱/۹۸
SSR30	(GTA)4	۲	۲	۰/۵۵	۱/۱	۱/۹۸
SSR31	(CCCTCT)4	۲	۲	۰/۸۵	۱/۷	۱/۲۲
SSR32	(GAGAGG)4	۳	۲	۰/۷۱	۰/۲۶	۱/۹۶
میانگین				۰/۸۱	۱/۸۲	۱/۸۸

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 هر آغازگر 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

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

کل توده‌ها به دو جمعیت ایرانی و غیرایرانی تقسیم‌بندی شدند. امتیازدهی الگوهای باندهای هم به صورت غالب به صورت صفر (عدم حضور باندها) و یک (حضور باندها) برای استفاده در تجزیه‌های خوشه‌ای و مختصات اصلی و هم به صورت همباز بر اساس آلل‌ها برای محاسبه شاخص‌های ژنتیکی انجام شد. مقادیر

به‌ترتیب برابر ۰/۶۶ برای آغازگر SSR5 و ۳/۱۸ برای آغازگر SSR7 با میانگین RP برابر با ۱/۸۸ بود.

در مطالعه‌ای (Daneshvar et al. 2020) مقدار محتوای اطلاعات چند شکل در دو جمعیت *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica* را با استفاده از نشانگرهای SSR، از حداقل ۰/۰۱ تا حداکثر ۰/۳۷ و میانگین PIC را برابر ۰/۲۶ گزارش کرده‌اند. همچنین متوسط شاخص نشانگر (MI) برابر ۰/۵۱ 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 آریلوپس 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 (۹۴ درصد) بیشتر از واریانس بین گونه‌ای (۶ درصد) بود. بالا بودن تنوع ژنتیکی درون گروهی مشاهده شده بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌تواند به دلیل زمینه ژنتیکی بسیار متفاوت درون توده‌های آریلوپس 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 (Etminan et al. 2019) نتایج تجزیه واریانس مولکولی AMOVA برای توده‌های گندم وحشی *Triticum boeoticum* با استفاده از نشانگرهای ISSR نیز نشان داد که ۹۴٪ از تنوع برآورد شده مربوط به درون جمعیت‌ها و ۶٪ آن مربوط به بین جمعیت‌ها می‌باشد که با نتایج به‌دست آمده از پژوهش فوق کاملاً همخوانی دارد. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در توده‌های *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 ۴ نشان داده شده است.

جاکارد محاسبه و به جهت گروه‌بندی توده‌ها، تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA (به‌دلیل دارا بودن بالاترین ضریب همبستگی کوفاکتیک) 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 (Botstain et al. 1980)، آغازگرهایی که PIC بالاتر از 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 آریلوپس تائوشی مورد بررسی می‌باشد. میزان شاخص نشانگری (MI) به‌دست آمده برای نشانگرهای SSR مورد مطالعه بین ۰/۱۹ برای آغازگر SSR29 و ۴/۷ برای SSR20 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

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

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس برآورد شده	% درصد تغییرات
بین گروه‌ها	۱	۶۱/۶۳۱	۶۱/۶۳۱	۱/۹۳۶	۶٪
درون گروه‌ها	۸۷	۲۶۳۶۷۷۴	۳۰/۳۰۸	۳۰/۳۰۸	۹۴٪
کل	۸۸	۲۶۹۸/۴۰۴		۳۲/۲۴۴	۱۰۰٪

جدول ۴- مقایسه شاخص‌های تنوع ژنتیکی در توده‌های *Ae. tauschii* جمع‌آوری شده ایرانی و غیرایرانی

جمعیت	Na	Ne	I	He	Ho	F
ایرانی	۳/۱۸۸	۲/۱۱۱	۰/۸۰۵	۰/۴۶۶	۰/۰۲۹	۰/۹۵
غیرایرانی	۲/۱۵۶	۱/۶۶۹	۰/۵۴۷	۰/۳۳۴	۰/۰۲۷	۰/۹۴۲
کل	۲/۶۷۲	۱/۸۹	۰/۶۷۶	۰/۴	۰/۰۲۸	۰/۹۴۶

Na، Ne، I، He، Ho و F به ترتیب 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 به دلیل 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 برابر ۰/۴ و مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) در دو جمعیت برابر ۰/۰۲۸ به دست آمد که نشان دهنده درصد بسیار پایین هتروزیگوتی در جمعیت‌های مورد مطالعه می‌باشد. همچنین میانگین شاخص تثبیت (F) در کل توده‌ها برابر ۰/۹۴ 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). به طور کلی میانگین Fst (همبستگی ژن‌های افراد زیر جمعیت به کل جمعیت) در توده‌های آرژیلوپس تائوشی مورد بررسی برابر با ۰/۰۹۱، میانگین Fit (همبستگی ژن‌های افراد در کل جمعیت) برابر با ۰/۹۵۶ 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 به هم شبیه هستند. بیشترین میزان Fst در آغازگر SSR2 برابر با ۰/۲ و کمترین در SSR29 برابر با صفر بود. به عبارت 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 درون جمعیت) و شاخص Fit (همبستگی ژن‌های افراد در کل جمعیت) و شاخص جریان ژنی (Nm).

شاخص F	Fst	FIT	FIS	Nm
میانگین	۰/۰۹۱	۰/۹۵۶	۰/۹۵۲	۳/۹۱۴

با توجه به میانگین به‌دست آمده برای شاخص‌های *Fis* و *Fit* می‌توان بیان کرد که ژنوتیپ‌های آریلوپس 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 $3/914$ بود. لذا با توجه به اعداد به‌دست آمده می‌توان بیان کرد که مقدار هتروزیگوتی در 89 ژنوتیپ آریلوپس 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 $0/091$ و $3/914$ بود و نشان دهنده این است که جمعیت‌ها از نظر ساختاری و فراوانی آللی بسیار به هم شباهت دارند که ممکن است به دلیل مهاجرت‌ها یا تلاقی‌های تصادفی صورت گرفته بین دو جمعیت در طول زمان باشد. (2022) Fabriki-ourang et al. روابط ژنتیکی توده‌های متعلق به هشت گونه مختلف آریلوپس 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 $0/47$ و مقدار شاخص *Fst* برابر $0/45$ بود که این نتایج بیانگر تنوع بالای بین جمعیت‌ها بوده و در مجموع جمعیت‌های مورد بررسی آن‌ها کاملاً از هم متمایز شده‌اند.

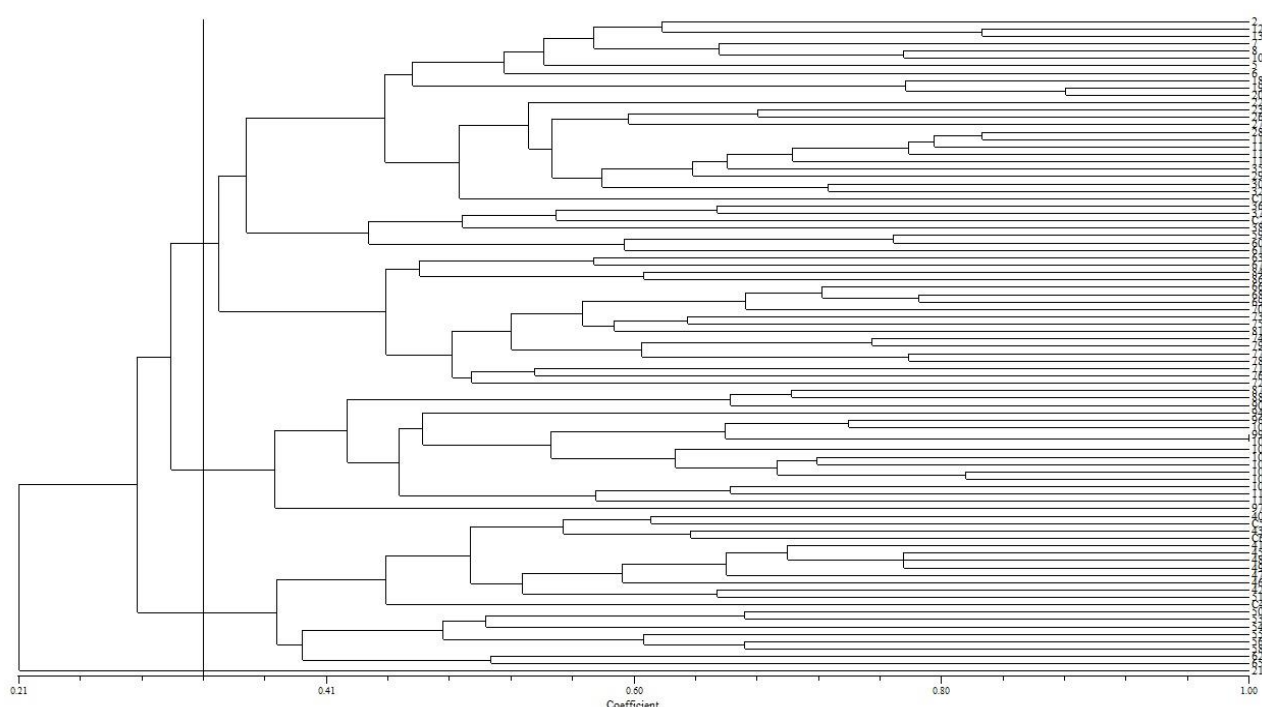
به‌منظور بررسی میزان شباهت بین توده‌های مختلف *Ae. tauschii* و همچنین گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از داده‌های حاصل از ماتریس تشابه جاکارد و الگوریتم *UPGMA* تجزیه خوشه‌ای انجام و دندروگرام آن در شکل ۱ نشان داده شده است. دامنه میزان تشابه به‌دست آمده بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از ضریب تشابه جاکارد از $0/111$ تا ۱ متغیر بود که این دامنه تشابه بالا نشان دهنده تنوع بالای بین توده‌های مورد مطالعه بود. نمودار درختی حاصل از داده‌های *SSR*، 89 توده آریلوپس مورد بررسی را به ۴ 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 ۴ 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 آریلوپس 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 آریلوپس تائوشی از روش تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) با داده‌های مولکولی برای گروه‌بندی نمونه‌ها استفاده شد. نتایج نشان داد سه مؤلفه نخست در مجموع $41/88$ درصد از اطلاعات مولکولی را توجیه نمودند (جدول ۶). این می‌تواند بیانگر پراکندگی مناسب آغازگرهای مختلف بر روی ژنوم آریلوپس 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

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 ($K=3$). در نتایج به‌دست آمده از این تجزیه نیز توده‌های غیرایرانی در کنار توده‌های ایرانی در گروه اول و دوم جای گرفتند (شکل ۳).

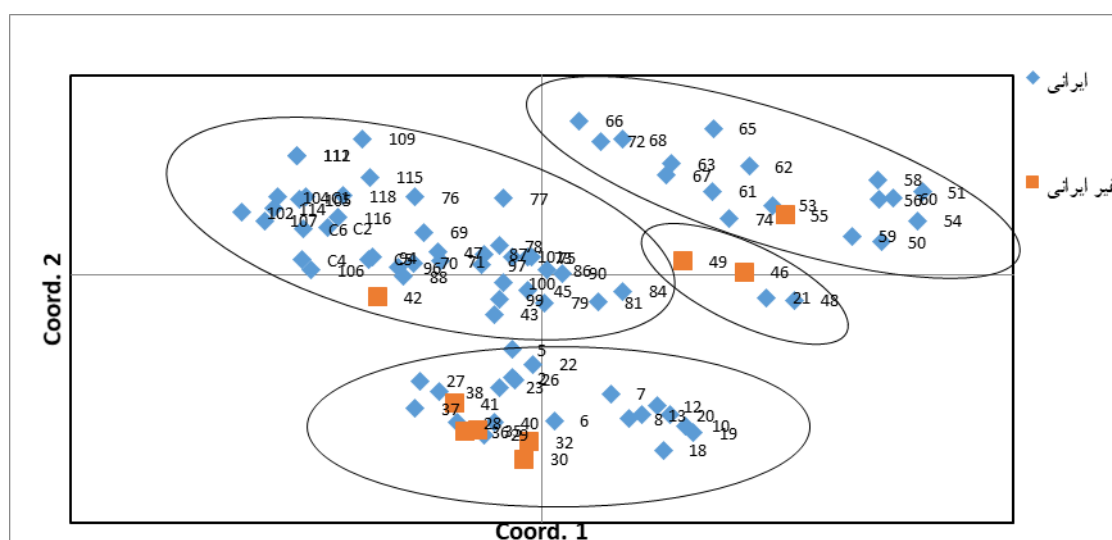
کم می‌شود و در نتیجه به مؤلفه‌های بیشتری جهت تغییرات کلی نیاز است (Jafari et al. 2023). نمودار دو بعدی حاصل از تجزیه به مختصات اصلی (شکل ۲)، پراکنش توده‌ها را به چهار دسته اصلی تقسیم کرد. در مجموع تجزیه به مختصات اصلی PCoA نتوانست به‌خوبی دو جمعیت ایرانی و غیرایرانی مورد بررسی را از هم تفکیک کند و این 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



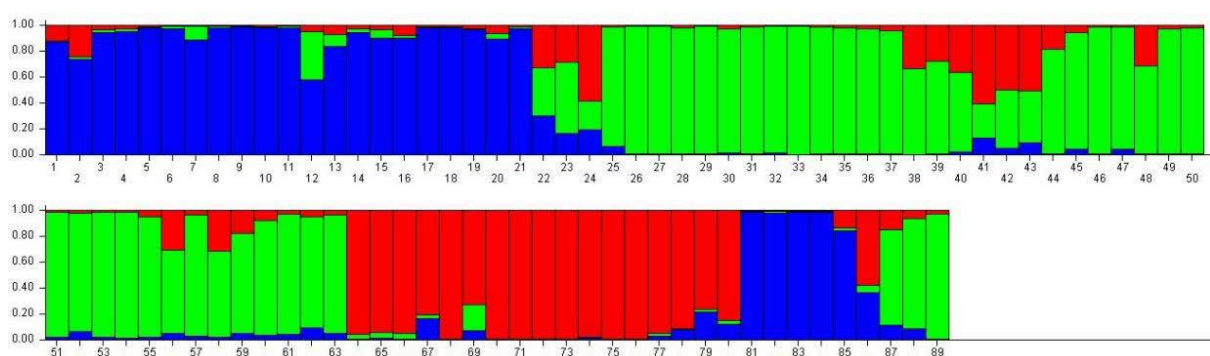
شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۸۹ توده گندم وحشی *Ae. tauschii* به روش UPGMA

جدول ۶- 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	۴۱/۸۸



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



شکل ۳- زیرجمعیت‌های به دست آمده از تجزیه ساختار جمعیت در ۸۹ توده *Ae. tauschii* با نشانگرهای SSR. ترتیب سیستماتیک شماره ۱ تا ۸۹ توده‌ها در شکل به ترتیب مطابق با کدهای ۲ تا ۶۶ جدول ۱ می‌باشد.

در واقع با توجه به الگوی به دست 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 به دست آمده از این پژوهش نیز توده‌های بومی و اصلاحی در ۶ 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 آلی و معرفی آل‌های مطلوب می‌شود که برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک شایانی به به نژادگران خواهد کرد. به‌طور کلی با توجه به نتایج به دست آمده از این مطالعه مشخص شد که آغازگرهای SSR قابلیت بسیار بالایی در تولید قطعات چند شکل دارند و با توجه 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

ژنتیکی مورد بررسی قرار گیرد. با توجه به بالا بودن میزان محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق، پیشنهاد می‌شود از آنها برای تشخیص تنوع بین تمامی ارقام آزیلوپس 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 آزیلوپس 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, Omid 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, Leffeldt BR, Lavin M, Talbert LE (1999) Phylogenetic reconstruction based on low copy DNA sequence data in an allopolyploid: the B genome of wheat. *Genome* 42:351-360.
- Botstein 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, Omid M, Etminan A, Ebrahimi A (2020) Assessment of genetic diversity and population structure in two wild wheat species *Aegilops cylindrica* and *Ae. crassius* 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 polyploid wheats: Identification of the A genome donor species. *Genome* 36:21-31.
- Eslamzadeh Hesari M, Rashidi V, Omid 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 regions CoRAP markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests. Plant breeding and Genetic Research* 58: 207-220. (In Farsi)
- FAO (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.

- 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.