ژنتیک نوین
دوره نوزدهم، شماره ٤، زمستان ١٤٠٣
صفحه ٢٦٨ - ٢٥٩

تنوع ملکولی جایگاه‌های ریزماهواره‌ای و تجزیه ساختار جمعیت در توده‌های وحشی و بومی گندم نان و ماکارونی

Microsatellite-based molecular diversity and population structure analysis in wild and native bread and durum wheat accessions

مهدی محمدی شیخلری[1]، صدیقه فابریکی اورنگ*[2]، علیرضا پورابوقداره[3]، جعفر احمدی[4]

١- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین، ایران

٢-دانشیار، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین، ایران

٣- استادیار، بخش غلات مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

٤- استاد، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین، ایران

Mohammadi Shekhlari M [1], Fabriki-Ourang S*[2], Pour-aboughadareh A[3], Ahmadi J [4]

1- MSc Student in Genetics and Plant Breeding, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran

2- Associate Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran

3- Assistant Professor, Cereals Department in seed and plant improvement institute, Karaj, Iran

4- Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran

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

(تاریخ دریافت: ١٤٠٣/٠١/١٧ - تاریخ پذیرش: ١٤٠٣/١٢/٢٦)

چکیده

گندم یکی از سه غذای اصلی جمعیت جهان محسوب می‌شود و گام اولیه برای موفقیت در برنامه‌های اصلاحی آن، شناسایی و برآورد تنوع ژنتیکی در خویشاوندان وحشی و بومی این گیاه می‌باشد. استفاده از آغازگرهای ریزماهواره، روشی دقیق و ساده برای شناسایی تنوع و قرابت ژنتیکی ارقام و خویشاوندان وحشی و بومی گندم است. براین اساس، مطالعه حاضر با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط فیلوژنتیکی مابین ٦٩ توده نواحی مختلف ایران متعلق به چهار گونه Triticum aestivum، T. boeoticum، T. durum و T. urartu با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای صورت گرفت. برای این منظور از ٢٣ جفت آغازگر ریزماهواره استفاده شد و در مجموع ٥٧ آلل چندشکل با میانگین ٣/١٦٦ آلل به ازای هر جایگاه ریزماهواره تکثیر شد. فاصله ژنتیکی بین توده‌های گونه‌ها با نشانگرهای مورد بررسی، دارای دامنه تغییرات بین ٠/٠٨ تا ٠/٨٨٥ بود که کمترین میزان آن، بین توده‌های T. boeoticum و T. urartu و بیشترین میزان آن بین توده‌های T. aestivum و T. boeoticum مشاهده شد. بیشترین میزان تنوع ژنی نی و شاخص اطلاعاتی شانون به‌ترتیب برابر ٠/١٢ و ٠/١٨٨ به جمعیت T. urartu تعلق داشت. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای با الگوریتم Neighbour joining، توده‌ها را به چهار گروه اصلی تقسیم کرد و در گروه‌بندی حاصل تمامی توده‌های T. aestivum در یک گروه قرار گرفتند. تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) از طریق نمایش دوبعدی تفکیک توده‌ها براساس دو مولفه اول، گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تایید نمود. با تجزیه ساختار جمعیت ٦٩ توده مورد مطالعه در سه زیرجمعیت قرار گرفتند به‌طوری که توده‌های دو گونه T. boeoticum و T. urartu با بیشترین شباهت و اختلاط ژنتیکی در یک زیرجمعیت واقع شدند. نتایج این تحقیق نشان داد که نشانگرهای ریزماهواره‌ای، علاوه بر قابلیت اتصال و تکثیر در هر چهار گونه، از قدرت تمایز خوبی جهت بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های مورد مطالعه برخوردار بودند.

واژه‌های کلیدی

گندم نان
تنوع ژنتیکی
خویشاوندان وحشی
میکروساتلایت

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

مقدمه

گندم غذای پایه و اصلی اغلب مردم جهان است و همه روزه مقدار زیادی از کالری و پروتئین‌های مورد نیاز بشر را تامین می‌کند (Kafi et al. 2018). خویشاوندان وحشی گندم دارای سازگاری بالایی به تنش‌های حاصل از تغییر شرایط آب و هوایی بوده و منبع ژنتیکی مهمی برای بهبود صفات کمی و کیفی مختلف محسوب می‌شوند و می‌توانند به‌عنوان ژرم پلاسم مفید در برنامه‌های به‌نژادی گندم مورد استفاده قرار گیرد (Ahmadi and Pour–Aboughadareh 2018). آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی و برآورد آن در ژرم پلاسم گیاهان و تعیین روابط ژنتیکی مواد اصلاحی، گام اولیه در برنامه‌های اصلاح نباتات می‌باشد. (Rahmani et al. 2019). بررسی‌های متعدد بیانگر این واقعیت است که هنوز از تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای گندم به‌طور کامل استفاده نشده است، بنابراین به‌نظر می‌رسد که فارغ از تسلط بر فناوری‌های مدرن، موفقیت در بهبود ژنتیکی، متکی به استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های اهلی و وحشی وابسته به آن‌هاست (Pour-Aboughadareh et al. 2016). بررسی تنوع می‌تواند با استفاده از صفات مورفولوژیک و یا نشانگرهای مولکولی صورت گیرد. صفات مورفولوژیک که بازتابی از تغییرات فنوتیپی می‌باشند، تحت تأثیر عوامل محیطی بوده و در نتیجه چندان قابل اعتماد نمی‌باشند. نشانگرهای مولکولی به‌خصوص نشانگرهای مبتنی بر DNA، به متخصصین و به‌نژادگران کمک کرده تا بتوانند مشکلات برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر دورگ‌گیری مخصوصا زمان‌بر بودن برنامه‌ها را برطرف کنند (Ebrahimi et al. 2011). بنابراین، جایگزین مناسبی برای نشانگرهای مورفولوژیکی به حساب می‌آیند و با استفاده از آن‌ها تشخیص ژن، کروموزوم و تنوع ژنی به راحتی امکان‌پذیر می‌باشد. از بین نشانگرهای مبتنی بر DNA، ریز ماهواره‌ها به‌دلیل چندشکلی بالا کاربرد بیشتری برای مطالعات تنوع ژنتیکی نسبت به سایر نشانگرها پیدا کرده‌اند (Rahmani et al. 2019). ریزماهواره‌ها یا توالی‌های تکراری ساده (SSR) و با تکرارهای کوتاه پشت سر هم، بخشی از DNA تکراری بوده که در نواحی رمزکننده و غیر رمزکننده توزیع شده‌اند (Yao et al. 2007). نشانگرهای حاضر به‌دلیل سطوح بالای چند شکلی، توارث پذیری، همبارز بودن و فراوانی در گیاهان نشانگرهای ایده‌آلی برای دامنه‌ی وسیعی از مطالعات از جمله تهیه نقشه ژنتیکی، گزینش به‌کمک نشانگر، مطالعه ژنتیک جمعیت، انگشت نگاری ژنتیکی، تجزیه و تحلیل شجره‌نامه و مشخص کردن میزان تغییرات تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم‌ها می‌باشند (Mohamadi et al. 2014).

MicroRNA (miRNA)، یک RNA تک رشته‌ای غیر کدکننده است که به‌طور گسترده رشد، نمو و پاسخ‌های مرتبط با تنش‌های غیرزیستی را از طریق تنظیم ژن‌های هدف در سطح رونویسی و پس از رونویسی کنترل می‌کند (Chen et al. 2017). miRNAهای بالغ معمولاً ۲۱ تا ۲٤ نوکلئوتید طول دارند و به نواحی 3'UTR و 5'UTR، mRNAها متصل می‌شوند. از آن‌جایی که توالی این RNAهای غیر کدشونده بسیار حفاظت شده است این توالی‌ها گزینه بسیار مناسبی جهت طراحی آغازگرهای SSR می‌باشند. با این استراتژی نه تنها از پتانسیل چند شکلی بالای SSR بلکه از حفاظت شدگی بالای miRNAها در گونه‌ها و حتی جنس‌های مختلف گیاهان جهت بررسی تنوع ژنیتکی و مطالعات اصلاحی می‌توان بهره برد (Ramachandran et al. 2020).

دریکوند و همکاران، ۹۰ ژنوتیپ گندم را با استفاده از ٤۰ آغازگر SSR بررسی کردند که در مجموع ۸۰ آلل شناسایی شد و میزان اطلاعات چند شکلی از ۰/۱۲ – ۰/۸ متغیر بود (Darikvand et al 2013). در مطالعه‌ای دیگر تنوع ژنتیکی ۱۰ رقم گندم (*T. aestivum*) با استفاده از ۱٤ جفت آغازگر SSR مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت که ریزماهواره‌ها سطح بالایی از چندشکلی را در این مطالعه نشان دادند و در مجموع ٤٥۸ آلل تکثیر شد. در این مطالعه تنوع ژنتیکی بین ارقام گندم با میانگین فاصله ژنتیکی ۱٦ تا ٦۷ درصد گزارش شد (Zeb et al. 2009). Singh و همکاران به‌منظور بررسی نشانگرهای SSR مبتنی بر ژن‌های پاسخگو به شوری در گندم، ٦٥ نشانگر SSR مبتنی بر ژن کاندید انتخاب کردند و نتایج حاصل نشان داد که نشانگرهای SSR برای آشکارسازی تنوع در بین توده‌های گندم با پاسخ‌های متفاوت به تنش شوری بسیار مفید بودند (Singh et al. 2018). این تحقیق نیز با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط فیلوژنتیکی در بین توده‌هایی از گونه‌های *Triticum aestivum*، *Triticum boeoticum*، *Triticum durum*، *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره انجام شد. نتایج به‌دست آمده می‌تواند

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

بستر مناسبی را برای تحقیقات بعدی در جهت اصلاح و ارتقاء خصوصیات گندم فراهم کند.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ٦٩ توده وحشی و بومی گندم متعلق به چهار گونه *T. aestivum*، *T. boeoticum*، *T. urartu*، *T. durum* مورد بررسی قرار گرفت. بذور هر یک از توده‌های مذکور مربوط به مناطق مختلف کشور از بانک ژن دانشگاه ایلام تهیه شدند (جدول ١). استخراج DNA ژنومی از برگ‌های تازه گیاهچه‌ای بر اساس روش CTAB[1] اصلاح شده و مطابق با دستورالعمل Doyle and Doyle (1987) انجام شد. به‌منظور بررسی کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از دو روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد (شکل ١) و اسپکتروفتومتر استفاده شد. آغازگرهای مورد استفاده در این پژوهش با استفاده از مطالعات صورت گرفته توسط سایر محققان طراحی شدند (Yao et al. 2007; Eren et al. 2015; Bai et al. 2018). بدین صورت که توالی‌های Micro RNAها در این مطالعات مورد بررسی قرار گرفته و توالی‌های نابالغ، توالی‌های بالادست و پایین دست آن‌ها به‌منظور طراحی آغازگرهای SSR از سایت Mirbase.org استخراج شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم ١٥ میکرولیتر و با استفاده از ٢٣ جفت آغازگر mir-SSR صورت گرفت (جدول ٢). برای مشاهده الگوهای باندی، از الکتروفورز ژل آگارز ٣ درصد و ژل پلی‌اکریل‌آمید با ولتاژ٤٠٠ ولت به مدت ٨٠ دقیقه استفاده شد. قطعات تکثیری در نهایت با استفاده از نور UV و دستگاه Gel Doc آشکارسازی شدند. رنگ آمیزی ژل‌های پلی‌اکریل‌آمید با استفاده از محلول نیترات نقره ٠/٢ درصد انجام شد. برای ظاهرسازی باندهای حاصل، مقدار ٢٥٠ میلی لیتر از محلول کربنات سدیم سرد با ٥٠٠ میکرولیتر تیوسولفات سدیم ٢ درصد و ٥٠٠ میکرولیتر فرم‌آلدهید ٣٧ درصد ترکیب و محلول به سینی حاوی ژل اضافه شد. پس از اینکه باندها به شکل مطلوبی روی ژل نمایان شدند، مقدار ١٥٠ میلی‌لیتر محلول استیک اسید ٦/٥ درصد به محلول ظاهرسازی اضافه شد. در نهایت، به‌منظور تثبیت باندهای ظاهر شده، ژل‌های پلی‌اکریل-آمید به مدت ١٠ دقیقه با آب مقطر سرد شستشو شدند تا به pH خنثی برسند.

[1] Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide;CTAB

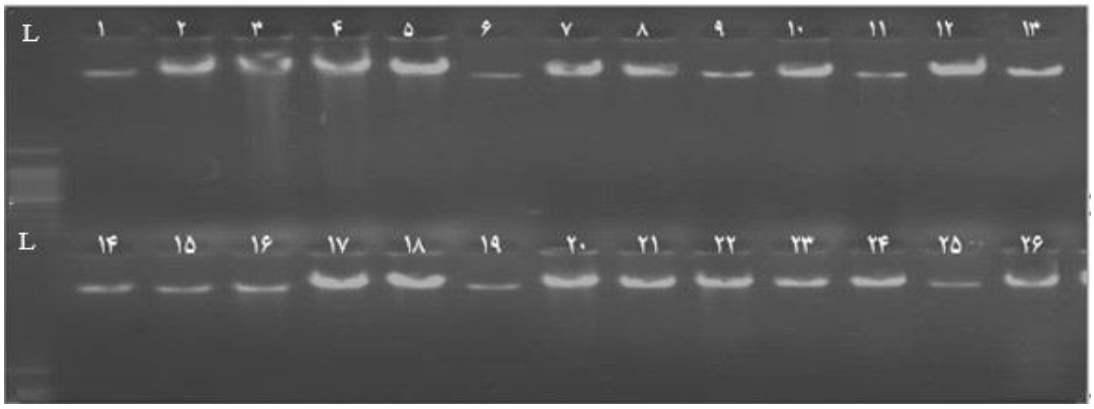
جدول ١- کد و محل جمع‌آوری ٦٩ توده متعلق به چهار گونه *Triticum*

T. aestivum		*T. boeticum*		*T. durum*		*T. urartu*	
کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری
١	نقده	١٨	مهاباد	٣٥	گلپایگان	٥٣	جاده اسلام آباد،کرند
٢	گنبد کاووس	١٩	قروه	٣٦	خرمشهر	٥٤	سقز- جاده مریوان
٣	قزوین	٢٠	سپید دشت	٣٧	اهواز	٥٥	مریوان
٤	اصفهان- شهر رضا	٢١	طالقان	٣٨	اردبیل	٥٦	مریوان
٥	سقز	٢٢	پاوه	٣٩	یاسوج	٥٧	جاده اسلام آباد
٦	خوی	٢٣	طالقان	٤٠	سنندج	٥٨	مریوان
٧	زنجان	٢٤	خلخال	٤١	سنندج	٥٩	سی سخت
٨	مهاباد	٢٥	اشنویه	٤٢	گرگان	٦٠	فرخشهر
٩	کامیاران	٢٦	اسلام آباد	٤٣	مشهد	٦١	سنقر
١٠	ارومیه	٢٧	سرخون	٤٤	مشهد	٦٢	بیستون
١١	ایذه	٢٨	اسلام آباد	٤٥	گچساران	٦٣	شهرکرد
١٢	مهران- صالح آباد	٢٩	سنقر	٤٦	مهران- صالح آباد	٦٤	جاده سنقر - کرمانشاه
١٣	بروجرد	٣٠	اهر-کلیبر	٤٧	پلدختر	٦٥	کرمانشاه
١٤	شیروان- چرداول	٣١	فیروزآباد	٤٨	پلدختر	٦٦	جاده سقز- مریوان
١٥	پلدختر	٣٢	سرخون	٤٩	سرپل ذهاب	٦٧	آذربایجان غربی
١٦	قصر شیرین	٣٣	خوزستان	٥٠	قصرشیرین	٦٨	کرمانشاه
١٧	قصر شیرین	٣٤	شهر کرد	٥١	ایلام	٦٩	مریوان
				٥٢	قصرشیرین		

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

برای امتیازدهی باندها از یک برای وجود قطعات تکثیر شده و صفر برای عدم وجود باند استفاده شد. جهت تعیین تنوع ژنتیکی درون و بین گونه‌ها و تجزیه واریانس مولکولی[1] (AMOVA) از نرم‌افزار Gen ALEX ver.6.503 استفاده گردید. مقایسه و بررسی میزان تنوع ژنتیکی در گونه‌های وحشی و خویشاوند با استفاده از پارامترهای تنوع ژنی نی[2] (He)، تنوع شانون[3] (I)، تعداد آلل‌های مشاهده شده[4] (Na)، تعداد آلل مؤثر[5] (Ne)، درصد مکان‌های چندشکل[6] (PPL) و همچنین هتروزیگوستی مورد مشاهده[7] (uHe) به‌کمک نرم‌افزار POPGENE انجام شد. ضریب تشابه و فاصله ژنتیکی میان گونه‌های *Triticum* نیز براساس شاخص نی محاسبه شد. توده‌های مورد مطالعه به‌کمک ماتریس تشابه نی و براساس روش Neighbor-joianing، با استفاده از نرم‌افزار MEGA گروه‌بندی شدند. همچنین به‌منظور ارزیابی و تایید آنالیزهای حاصل از تجزیه کلاستر، تجزیه به مختصات اصلی[8] (PCoA) با استفاده از نرم‌افزار Gen ALEX انجام شد. برای تجزیه ساختار جمعیت، تعداد K (زیر جمعیت‌های واقعی) با استفاده از نرم‌افزار تحت وب STRUCTURE HARVESTER به‌دست آمد. تجزیه ساختار جمعیت بر اساس آغازگرهای اختصاصی استفاده شده با روش Bayesian با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE 2.3.4 انجام شد. در این تجزیه ۱۰ تکرار مستقل با شرایط Burn-in = 100000 و MCMC = 100000 در نظر گرفته شد.

[1] Analysis of molecular variance analysis; (AMOVA)
[2] Nei's gene diversty; (He)
[3] Shannon's information index; (I)
[4] Observed number of alleles; (Na)
[5] Effective number of alleles; (Ne)
[6] Percentage of polymorphic loci; (PPL)
[7] Unbiased expected heterozygosity; (uHe)
[8] Principal coordinate analysis



شکل ۱- کیفیت DNA ژنومی استخراج شده برای تعدادی از توده‌های Triticum روی ژل آگارز یک درصد.
L شاخص استاندارد (سینا ژن ۱۰۰bp).

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای ریزماهواره طراحی شده و دمای بهینه اتصال آن‌ها

ردیف	نام آغازگر	موتیف	توالی رفت (۵´-۳´)	توالی برگشت (۵´-۳´)	دمای اتصال (°C)
۱	Mir160-b	$(CCT)_3$	ACGGACCGAGGACAACGGA	TGCCTGGCTCCCTGTATGCCA	63
۲	Mir160-b2	$(GGT)_3$	GACTGCGTACGAATTCAC	CTCCTGTATGCCACTCCATC	63
۳	Mir169g	$(TTA)_3$	GACTGCGTACGAATTCAC	GGCTGCGAAGAAATGAATAA	63
٤	$(GGGG)_n$	$(AAGA)_3$	GACTGCGTACGAATTGAC	TATAGCTGTGTTCTCAGGTCG	59
٥	Mir399	$(TTAT)_3$	TCTTGCCACTCCTTGTTCC	CCGGAGAGCGATAAAATACC	63
٦	P2	$(TGGA)_3$	GACACGGAGATGGAGGTTG	GGTGGATTTTGATTGGTGG	59
٧	Mir396a-1	$(TAC)_4$	TCTGCTTCGCTAGATCGCT	AACATGGCAGGGAGCATAA	60
٨	Mir164c-1	$(GCCG)_4$	TATCCAGGTGGTGGAATGG	GCGTTGAAGCAAAACTGGT	60
٩	Mir1134-1	$(TTC)_4$	GAGCGAACGGAAACAAAGA	AGCGATGAAAAGCCAACAG	57
١٠	Mir1134-2	$(TCC)_4$	CTGTTGGCTTTTCATCGCT	GAGGACGACAGTTCGGCTA	62
١١	Mir396a-2	$(TAG)_4$	TACGGTGCGGTGTCTACAA	TGAATTTGCCCGTGGTTAT	60
١٢	P8	$(GTAG)_3$	TCTACTCCTCGCTGCTGCT	TGCTCGGTGGGTGTCTTAC	62

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

۱۳	Mir5069a	$(AATTC)_3$	TGTGTGCGATTTGATTTGG	GCGGGTGAGTTGGATCTTA	59
۱٤	Mir164c-2	$(CATG)_3$	GGCTAGTGTGTCGCTCGAT	CGGTCTGCTTCCAAAACAC	62
۱٥	Mir395b	$(TAGC)_3$	AGCAGCCGACTATGTGCTC	ACTGTTGATTGCCACCCAG	61
۱٦	Mir159	$(CTAG)_3$	GGCCAAACAGGATACGCTA	CCAGGACGAATTGCATCA	59
۱۷	Mir1120c	$(TA)_6$	CCGGTACTAAATGTTTGGGG	TCCTACCAACAGAGCGCAT	62
۱۸	P14	$(CCAC)_3$	CGAACATAGAATCGGACGG	CCTCGTTGCGTCAATCTTT	59
۱۹	Mir319b	$(ATTC)_3$	AACTTGCTTCCTCGTGTGC	CACCCTTCAGTCCAACCAC	62
۲۰	Mir164d	$(GATG)_3$	TTCTCCAGCATGGCTTCTC	TTGGAATAAATGGGCCTTG	-
۲۱	Mir156k-1	$(GCA)_4$	CCGTTTTGGGTGGGATATT	TGGTTTTGGAGCAGAGGAG	57
۲۲	Mir156k-2	$(AAAAT)_3$	TCTCCGACTTTACCATGCC	AGTGTACCGGCAGCATCTC	٦۲
۲۳	Mir160f	$(TCCT)_6$	TTGGCATTGAGGGAGTCAT	TAAGGATAAGCCGTCGCAG	٥۷

نتایج و بحث

جهت تکثیر قطعات اختصاصی، بهینه‌سازی شرایط PCR برای اجزاء مختلف و مواد واکنش، مانند DNA الگو، $MgCl_2$، dNTPs و دمای اتصال آغازگر اجرا شد. از میان ۲۳ آغازگر طراحی شده، آغازگر mir164d هیچ‌گونه قطعه‌ای تکثیر نکرد و آغازگر mir396a-1 با توالی تکراری $(TAC)_4$ نیز تنها قادر به تکثیر یک قطعه بود. به‌منظور مقایسه میزان تنوع موجود در هر یک از گونه‌ها، برخی از پارامترهای ژنتیکی مانند تعداد آلل‌های مؤثر، شاخص اطلاعات شانون، تنوع ژنی نی و درصد چند شکلی مکان‌های ژنی درون جمعیت‌ها مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۳). تنوع ژنی نی میزان هتروزیگوسیتی را بیان می‌کند و مقدار آن از صفر تا ۰/۵ متغیر می‌باشد که به تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌ها بستگی دارد. هر اندازه تنوع ژنی جمعیتی به ۰/۵ نزدیک‌تر باشد هتروزیگوتی در آن جمعیت افزایش می‌یابد (Nei 1973). میانگین تنوع ژنی نی در این مطالعه برابر ۰/۰۸ بود که کمترین میزان مربوط به جمعیت *T. aestivum* با مقدار ۰/۰۲ و بیشترین میزان مربوط به جمعیت *T. urartu* به مقدار ۰/۱۲ می‌باشد. وحدانی کیا و همکاران نیز در ارزیابی ۵۲ ژنوتیپ گندم با استفاده از دو نشانگر SSR و ۱۰ نشانگر ISSR از معیار تنوع ژنی نی استفاده کردند که مقدار آن از ۰/۲۲ تا ۰/٤٤ برای نشانگرهای SSR و ISSR متغیر بود (Vahdanikia et al. 2021). در پژوهش حاضر در کل ۵۷ آلل با میانگین ۳/۱٦٦ آلل به ازای هر جایگاه ریزماهواره تکثیر شد که دامنه‌ی ۱ تا ۸ آللی را برای هر جایگاه دارا بودند. تعداد آلل مشاهده شده برای جمعیت‌های مورد بررسی از ۰/۷۳۷ تا ۱/۰ با میانگین ۰/۹۱۲ متغیر بود. کمترین میزان آلل متعلق به جمعیت *T. aestivum* و بیشترین آن متعلق به جمعیت *T. durum* بود. میانگین تعداد آلل مؤثر نیز برای تمامی نمونه‌ها ۱/۱٤٥ به‌دست آمد که جمعیت *T. urartu* با میزان ۱/۲۱٦ و جمعیت *T. aestivum* با میزان ۱/۰٤۷ به‌ترتیب بیشترین و کمترین میزان آلل مؤثر را دارا بودند. از اختلاف بین تعداد آلل کل و آلل موثر، آلل‌های نادر حاصل می‌شوند که در تفکیک و تمایز افراد نقش به‌سزایی دارند. با ترکیب نشانگرهایی با آلل‌های نادر بالا می‌توان ژنوتیپ‌های با خویشاوندی نزدیک را به‌طور مؤثر تفکیک نمود (Ribeiro et al. 2004).

امینی و همکاران (۲۰۱٦) در بررسی ۲۵ ژنوتیپ گندم با استفاده از ٤٥ آغازگر ریزماهواره مرتبط با QTLهای دخیل در تحمل به شوری، تعداد ۲ تا ۷ آلل با میانگین ۳/۵۲ آلل را در هر جایگاه ریزماهواره تکثیر کردند. محققان دیگری به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی گندم‌های اینکورن، ۲۰ نشانگر ریزماهواره را مورد استفاده قرار دادند که در مجموع ۸٦ آلل چندشکل حاصل شد که تعداد آلل‌ها در مکان‌های چندشکل بین ۲ تا ۹ آلل با میانگین ٤/۱ متغیر بود (Kharestani et al. 2013).

میانگین شاخص شانون برای کل جمعیت‌های مورد مطالعه، ۰/۱۳۲ به‌دست آمد که بیشترین مقدار مربوط به *T. urartu* با مقدار۱۸۸/ ۰ و کمترین مقدار مربوط به *T. aestivum* با مقدار ۰/۰۳۷ بود. در مطالعه وحدانی‌کیا و همکاران مقدار شاخص شانون برای نشانگرهای SSR و ISSR به‌ترتیب ۰/٤۳ و ۰/۳٤ برآورد شد (Vahdanikia et al. 2021). میزان هتروزیگوسیتی نشانگرها در این مطالعه از ۰/۰۲٦ تا ۰/۱۲۸ با میانگین ۰/۰۸۸ متغیر بود. کمترین میزان هتروزیگوسیتی مربوط به *T. aestivum* و بیشترین میزان هتروزیگوسیتی مربوط به *T. urartu* می‌باشد که نشان دهنده ارتباط مستقیم میزان هتروزیگوسیتی و شاخص شانون است. هتروزیگوسیتی مورد انتظار یکی از معیارهای مهم ارزیابی تنوع آللی نشانگرها و میزان اطلاعات نشانگری بوده و

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

احتمال متفاوت بودن دو آلل تصادفی در دو فرد را نشان می‌دهد (Haliloglu et al. 2023). در پژوهشی دیگر تنوع ژنتیکی ۹۹ لاین و ۴۹ رقم گندم با استفاده از نشانگرهای SSR بررسی شد. بر اساس نتایج به‌دست آمده بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی و میانگین هتروزیگوستی به‌ترتیب برابر ۰/۸۹ و ۰/۴۳ بود (Rahmani et al. 2019). نتایج حاصل از درصد جایگاه‌های چند شکلی نشان داد که بیشترین میزان چند شکلی در جمعیت *T. urartu* و کمترین میزان در جمعیت *T. aestivum* وجود دارد (جدول ۵). میزان اطلاعات چند شکلی، یکی از شاخص‌های مهم جهت مقایسه قدرت تمایز نشانگرها بوده و معیاری برای تنوع آللی در هر مکان است.

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی برای ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره

گونه	تعداد توده	ژنوم	Na	Ne	I	He	uHe	PPL%
T. aestivum	۱۷	AABBDD	۰/۷۳۷	۱/۰۴۷	۰/۰۳۷	۰/۰۲۵	۰/۰۲۶	۷/۰۲
T. boeoticum	۱۷	A^bA^b	۰/۹۳۰	۱/۲۰۷	۰/۱۸۴	۰/۱۲۲	۰/۱۲۶	۳۸/۶۰
T. durum	۱۸	AABB	۱/۰۰۰	۱/۱۰۹	۰/۱۱۸	۰/۰۷۲	۰/۰۷۴	۲۹/۸۲
T. urartu	۱۷	A^uA^u	۰/۹۸۲	۱/۲۱۶	۰/۱۸۸	۰/۱۲۴	۰/۱۲۸	۴۰/۳۵
	۶۹	میانگین	۰/۹۱۲	۱/۱۴۵	۰/۱۳۲	۰/۰۸۶	۰/۰۸۸	۲۸/۹۵

Na، Ne، I، He، uHe و PPL به‌ترتیب نشان‌دهنده تعداد آلل‌های مشاهده شده، تعداد آلل‌های مؤثر، شاخص شانون، شاخص تنوع ژنتیکی نی، شاخص هتروزیگوستی مورد انتظار و درصد چندشکلی آلل‌ها

جدول ۴- تجزیه واریانس مولکولی برای ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره

منبع تغییرات	درجه آزادی df	مجموع مربعات SS	میانگین مربعات MS	واریانس برآورد شده	درصد واریانس
بین گونه‌ها	۳	۵۰۷.۳۶۶	۱۶۹/۱۲۲	۹/۶۲۹	۷۶
درون گونه‌ها	۶۵	۱۹۸/۹۹۷	۳/۰۶۱	۳/۰۶۱	۲۴
کل	۶۸	۷۰۶/۳۶۲		۱۲/۶۹۰	۱۰۰

جدول ۵- ضرایب فاصله ژنتیکی (پایین قطر اصلی) و تشابه ژنتیکی (بالای قطر اصلی) بین جمعیت‌های مورد مطالعه

	T. aestivum	*T. boeoticum*	*T. durum*	*T. urartu*
T. aestivum	**	۰/۴۲۵	۰/۶۳۰	۰/۴۷۴
T. boeoticum	۰/۸۵۵	**	۰/۶۴۱	۰/۹۲۳
T. durum	۰/۴۶۳	۰/۴۴۵	**	۰/۷۰۳
T. urartu	۰/۷۴۶	۰/۰۸۰	۰/۳۵۳	**

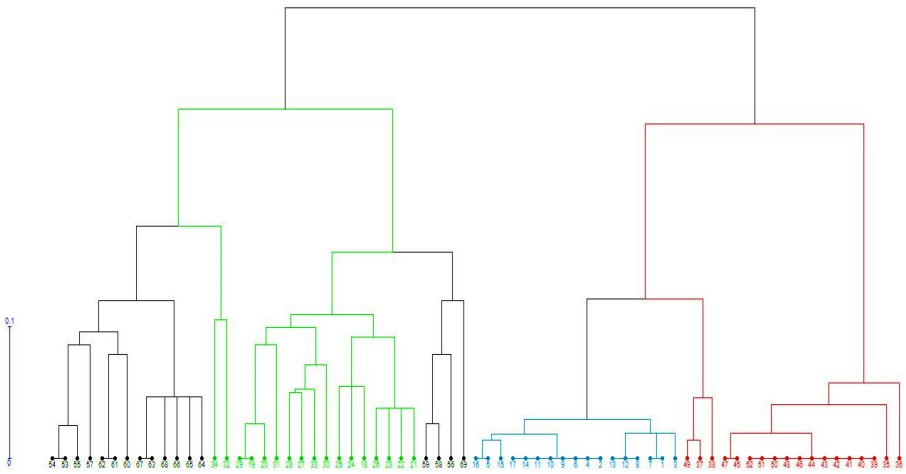
تجزیه واریانس مولکولی یکی از بهترین روش‌های آماری جهت بررسی ساختار جمعیت‌ها و گروه‌ها بر اساس داده‌های مولکولی می‌باشد. در این مطالعه توده‌های موجود در یک گونه به‌عنوان یک جمعیت مجزا در نظر گرفته شدند. برای تحلیل اختلافات ژنتیکی میان و درون جمعیت‌ها، از تجزیه‌ی واریانس مولکولی استفاده شد (جدول ۴) و نتایج نشان داد که ۲۴ درصد از سهم کل تنوع ژنتیکی را واریانس درون جمعیت‌ها و ۷۶ درصد را واریانس بین جمعیت‌ها توجیه نمود. اختلاف سه برابری سهم تنوع بین گونه‌ای نسبت به تنوع درون گونه‌ای بیانگر اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌ها (گونه‌ها) و صحت تفکیک توده‌ها بر اساس نشانگرهای ریزماهواره می‌باشد. در این راستا سفالیان و همکاران نیز در بررسی خود تنوع میان توده‌های گندم بومی ایران را بالا گزارش کردند و بیان داشتند که نشانگرهای ریزماهواره در تشخیص تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای بسیار کارآمد است و روابط

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

ژنتیکی بین جمعیت‌ها را منعکس می‌کنند (Sofalian et al. 2008).

برآورد فاصله‌ی ژنتیکی شاخصی مناسبی برای بررسی تنوع ژنتیکی است. در این مطالعه فاصله‌ی ژنتیکی ٦٩ توده گندم با استفاده از روش Neighbor joining و براساس داده‌های حاصل از امتیازدهی باندها برآورد شد. فاصله‌ی ژنتیکی بین توده‌ها دارای دامنه تغییراتی بین ۰/۰۸ تا ۰/۸۸۵ بود که کمترین میزان آن، بین جمعیت‌های *T. boeoticum* و *T. urartu* و بیشترین میزان آن نیز بین جمعیت‌های *T. aestivum* و *T. boeoticum* مشاهده شد (جدول ۵). افزایش دامنه فاصله ژنتیکی بیانگر کارایی مناسب این نشانگر جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی می‌باشد.

دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها و واریته‌های مختلف، به‌منظور پی‌بردن به فاصله ژنتیکی و استفاده از تنوع موجود در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Rahmani et al. 2019). برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس داده‌های ریزماهواره از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از الگوریتم Neighbor-joining استفاده شد. در دندروگرام حاصل، جمعیت‌ها به چهار گروه اصلی تقسیم شدند. توده‌های ٥٤، ٥٣، ٥٥، ٥٧، ٦٢، ٦١، ٦٠، ٦٧، ٦٣، ٦٨، ٦٦، ٦٤ در گروه اول، توده‌های ٣٤، ٣٢، ٢٩، ١٩، ٢٠، ٣١، ٢٨، ٢٧، ٣٣، ٣٠، ٢٥، ٢٤، ١٨، ٢٦، ٢٣، ٢٢، ٢١، ٥٩، ٥٨، ٥٦، ٦٩ در گروه دوم، توده‌های ١٦، ٥، ١٥، ١٧، ١٤، ١١، ١٠، ٩، ٦، ٤، ٢، ١٣، ١٢، ٨، ٧، ١، ٣، ٤٩، ٣٧، ٣٨ در گروه سوم و توده‌های ٤٧، ٤٥، ٥٢، ٥١، ٥٠، ٤٨، ٤٦، ٤٤، ٤٣، ٤٢، ٤١، ٤٠، ٣٩، ٣٥، ٣٦ در گروه چهارم قرار گرفتند. در گروه اول، توده‌هایی از مناطق جغرافیایی مختلف شامل اصفهان، خوزستان، گلستان، خراسان رضوی، و ایلام قرار داشت که نشان می‌دهد نمونه‌هایی که از لحاظ جغرافیایی دور از هم هستند لزوماً از لحاظ ژنتیکی از هم دور نمی‌باشند. در گروه‌بندی حاصل، توده‌هایی از جمعیت *T. durum* در کنار توده‌هایی از جمعیت *T. boeoticum* قرار گرفتند که نشان دهنده قرابت بالای این دو گونه می‌باشد. کلیه‌ی توده‌های گونه *T. durum* به‌جز توده‌های ٣٧، ٣٨، ٤٩ در یک گروه قرار داشتند. همچنین تمام توده‌های *T. aestivum* باهم و در یک گروه دسته‌بندی شدند (شکل۲). در پژوهشی مشابه تنوع ژنتیکی ٤٠ ژنوتیپ گندم (*T. aestivum*) با استفاده از ١٠ نشانگر SSR مورد بررسی قرار گرفت و از تجزیه خوشه‌ای برای تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد که ژنوتیپ‌ها در سه گروه مجزا قرار گرفتند (Nazari and Abdolshahi 2014).

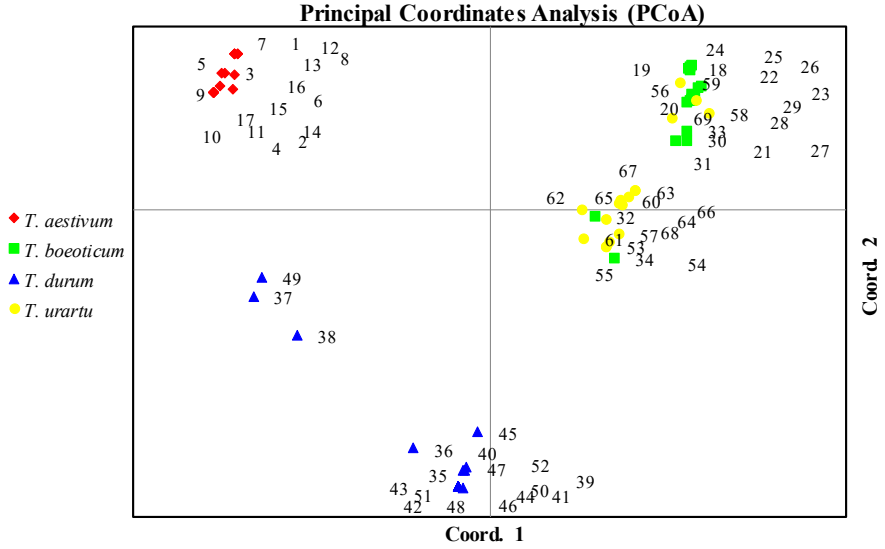


شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ٦٩ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره

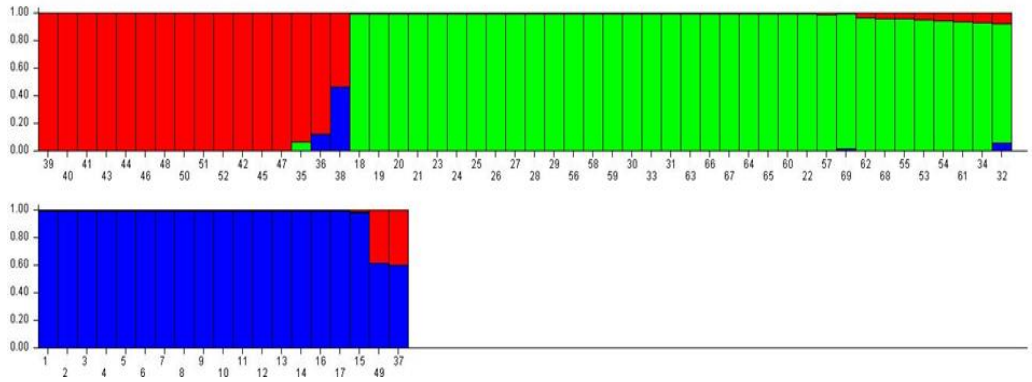
به‌منظور تعیین روابط ژنتیکی بین گونه‌ها و طبقه‌بندی آن‌ها، تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) به عنوان روشی مکمل برای تجزیه خوشه‌ای صورت گرفت. در تجزیه به مختصات انجام گرفته، دو مؤلفه اول مجموعا ٦٩/٧٥ درصد از تغییرات را توجیه کردند که از این میزان، مؤلفه اول و دوم به‌ترتیب ٤٨/٩٥ و ٢٠/٨٠ درصد از تغییرات را تبیین نمودند. با زیاد شدن همبستگی متغیرهای اولیه،

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

چند مولفه اول به میزان بیشتری درصد تغییرات موجود در نمایش ترسیمی دندروگرام را توجیه می‌کنند (Mohammadi et al. 2003). در مطالعه حاضر، نمودار دوبعدی حاصل از PCoA برای تفکیک توده‌ها بر اساس دو مؤلفه اول، گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تایید نمود. در نمودار دوبعدی حاصل از PCoA، توده‌ها در پنج گروه دسته‌بندی شدند. گروه اول شامل توده‌های ۱ تا ۱۷ بود که همگی متعلق به گونه *T. aestivum* می‌باشند. در گروه دوم توده‌های ۳۷، ۳۸، ٤۹ و در گروه سوم نیز توده‌های ۳۵، ۳٦، ٤۰، ٤۱، ٤۲، ٤۳، ٤٤، ٤٥، ٤٦، ٤۷، ٤۸، ٥۰، ٥۱، ٥۲ قرار گرفتند، تمام توده‌ها در این دو گروه متعلق به گونه *T. durum* می‌باشند. در گروه چهارم توده‌های ۳۲، ۳٤، ٥۳، ٥٤، ٥٥، ٥۷، ٦۰، ٦۱، ٦۲، ٦۳، ٦٤، ٦٥، ٦٦، ٦۷، ٦۸ و در گروه پنجم توده‌های ۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲٤، ۲٥، ۲٦، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱، ۳۳، ٥٦، ٥۸، ٥۹، ٦۹ قرار گرفتند (شکل۳). توده‌های دو گروه آخر مربوط به دو گونه *T. boeoticum* و *T. urartu* بودند که با هم دسته‌بندی شدند. در این تحقیق تجزیه به مختصات اصلی توانست همانند تجزیه‌ی خوشه‌ای توده‌های *T. aestivum* را به‌طور مجزا در یک گروه قرار دهد. در پژوهشی مشابه از تجزیه به مختصات اصلی در گروه‌بندی ۹۹ لاین و ٤۹ رقم گندم با استفاده از نشانگرهای SSR استفاده شد که با توجه به گروه‌بندی صورت گرفته، ژنوتیپ‌ها در دو گروه اصلی دسته‌بندی شدند (Rahmani et al. 2019).



شکل۳- نتایج تجزیه به مختصات اصلی برای ٦۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره



شکل ٤- نتایج تجزیه ساختار جمعیت برای ٦۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

به‌منظور گروه‌بندی توده‌های مورد بررسی و یافتن تعداد واقعی زیرجمعیت‌ها، تجزیه ساختار جمعیت بر اساس ماتریس داده‌ها صورت گرفت. با توجه به نتایج به‌دست آمده، ٦٩ توده مورد مطالعه در ٣ زیر جمعیت قرار گرفتند. بررسی پراکنش توده‌ها (شکل ٤) نشان داد زیرجمعیت اول شامل توده‌های ٣٩، ٤٠، ٤١، ٤٣، ٤٤، ٤٦، ٤٨، ٥٠، ٥١، ٥٢، ٤٢، ٤٥، ٤٧، ٣٥، ٣٨ می‌باشند. توده‌های ١٨، ١٩، ٢٠، ٢١، ٢٣، ٢٤، ٢٥، ٢٦، ٢٧، ٢٨، ٢٩، ٥٦، ٥٨، ٥٩، ٣٠، ٣٣، ٣١، ٦٣، ٦٦، ٦٧، ٦٤، ٦٥، ٦٠، ٢٢، ٥٧، ٦٩، ٦٢، ٦٨، ٥٥، ٥٣، ٥٤، ٦١، ٣٤، ٣٢ در زیرجمعیت دوم و توده‌های ١ تا ١٧، ٣٧، ٣٨ و ٤٩ در زیرجمعیت سوم قرار گرفتند (شکل ٤). در مقایسه، گروه‌بندی حاصل از تجزیه ساختار جمعیت، همخوانی بالایی با تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مختصات اصلی نشان داد. همچنین نتایج به‌دست آمده از سه گروه‌بندی با تجزیه‌های آماری مختلف نیز نشان دهنده عدم جدایش توده‌های گونه‌ها براساس منطقه جغرافیایی آن‌ها می‌باشد، بطوری که، در اکثر گروه‌بندی‌ها توده‌هایی از استان‌های اصفهان، خوزستان، اردبیل، کردستان در یک گروه حضور داشتند.

نتیجه‌گیری کلی

طراحی نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق بر اساس توالی‌های حاصل از ناحیه micro RNAهای مختلف صورت گرفت. به لحاظ حفاظت شدگی بالای این توالی‌ها، استفاده از آن‌ها به‌عنوان آغازگر، تکثیر توالی‌های تکراری مشخص را در هر ٤ گونه Triticum موجب شد. پتانسیل حاصل از این توالی‌ها امکان بررسی مناسب تنوع و مطالعه ساختار جمعیت‌ها را در سطح گونه و درون گونه امکان‌پذیر کرد. همچنین، تعداد زیاد آلل به ازای هر جایگاه ریزماهواره امکان بررسی تنوع ژنتیکی در درون جمعیت‌ها را نیز میسر نمود. از آن‌جایی که، گونه‌های *T. boeoticum* و *T. urartu* نسبت به دیگر گونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش مقادیر بالاتری از تنوع ژنی نی و شانون را دارا بودند، بر این اساس می‌توان نتیجه گرفت نشانگرهای مورد بررسی برای این گونه‌ها متنوع‌تر بوده و گزینه مناسبی برای برنامه‌های به‌نژادی محسوب می‌شوند. بر اساس هر سه روش گروه‌بندی، توده‌های ٣٧، ٣٨ و ٤٩ به‌صورت مجزا از دیگر توده‌های گونه *T. durum* دسته‌بندی شدند که نشان دهنده اختلاف ژنتیکی این توده‌ها نسبت به بقیه توده‌های این گونه می‌باشد، و بنابراین در صورت داشتن صفات مطلوب می‌توان از آن‌ها به‌عنوان والد با زمینه ژنتیکی متفاوت در برنامه‌های اصلاحی و دورگ‌گیری استفاده نمود. در مجموع نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این پژوهش از قدرت تمایز خوبی جهت تعیین تنوع ژنتیکی توده‌های گونه‌های گندم برخوردار می‌باشند.

سپاسگزاری

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

منابع

Ahmadi J, Pour-Aboughadareh AR (2018) Expression pattern of anti-oxidant genes in wheat wild relatives under water Deficit stress. Modern Genetics Journal 3:351-361. (In Farsi)

Amini A, Gazvini H, Amirnia R (2016) Study on salinity tolerance and allelic diversity of microsatellite markers associated with salinity in Iranian wheat genotypes. Crop Biotech 16: 75-89.

Bai Q, Wang X, Chen X, Shi G, Liu Z, Guo C, Xiao K, (2018) Wheat miRNA TaemiR408 acts as an essential mediator in plant tolerance to Pi deprivation and salt stress via modulating stress-associated physiological processes. Frontiers in plant science 9: 1-17.

Chen X Y, Yang Y, Yu X R, Xiong F (2017) Novel insights into miRNA regulation of storage protein biosynthesis during wheat caryopsis development under drought stress. Frontiers in Plant Science 8: 284883.

Darikvand R, Bihamt MR, Najafian G, Ebrahimi A (2013) Investigation of genetic diversity among bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) using SSR markers. Journal of Agricultural Science 1: 122-129.

Ebrahimi A, Fatahi R, Zamani Z (2011) Analysis of genetic diversity among some Persian walnut genotypes (*Juglans regia* L.) using morphological traits and SSRs markers. Scientia Horticulturae 130: 146-151.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]

Eren H, Pekmezci MY, Okay SE, Turktas M, Inal B, Ilhan E, Atak M, Erayman M, Unver T (2015) Hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) root miRNome analysis in response to salt stress. Annals of Applied Biology 167:208-216.

Haliloglu K, Türkoğlu A, Öztürk A, Niedbała G, Niazian M, Wojciechowski T, Piekutowska M (2023) Genetic diversity and population structure in bread wheat germplasm from Turkey using iPBS-retrotransposons-based markers. Agronomy 13:255.

Kafi H, Navabpour S, Zaynali Nezhad KH, Pahlavani M H (2018) Evaluation of genetic diversity in Iranian and exotic wheat genotypes using SSR markers. Modern Genetics Journal 2:308-311. (In Farsi)

Kharestani H, Nasrolah Nejad AA, Qomi S, Mehrabi S (2013) Genetic diversity assessment of Einkorn wheat by using microsatellite markers. Electronic journal of crop production 2:1-15. (In Farsi)

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

Mohammadi M, Mirfakhraee SRG, Abbasi AR (2014) Genetic diversity in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) as revealed by microsatellite markers and association analysis of physiological traits related to spring cold stress. Modern Genetics Journal 3:279-288. (In Farsi)

Nazari M, Abdolshahi R (2014) Evaluation of genetic diversity in bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) using morpho-physiological traits and SSR markers. Agricultural Biotechnology Journal 6: 215-231. (In Farsi)

Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations, Proceedings of the National Academy of Sciences 70:3321-3323.

Pour-Aboughadareh AR, Moghaddam M, Alavikia SS, Mehrabi AA (2016) Assessing heritability of agro-morphological characters and relationship between genetic diversity with geographical factors in Einkorn wild wheat populations collected from West and Northwest of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research 2:287-304.

International Journal of Agriculture and Biology 10:465-468.

Rahmani M, Rahimi M, AbdoliNasab M, Maleki M (2019). Evaluation of genetic diversity of different bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties using molecular markers ISSR and RAPD. Iranian Journal of Biology 34:248-262.

Ramachandran S R, Mueth N A, Zheng P, Hulbert S H (2020) Analysis of miRNAs in two wheat cultivars infected with *Puccinia striiformis* f. sp. tritici. Frontiers in Plant Science 10:494589.

Ribeiro-Carvalho C, Guedes-Pinto H, Igrejas G, Stephenson P, Schwarzacher T, Heslop-Harrison J S (2004) High levels of genetic diversity throughout the range of the Portuguese wheat landrace 'Barbela'. Annals of Botany 94:699-705.

Singh AK, Chaurasia S, Kumar S, Singh R, Kumari J, Yadav MC, Singh N, Gaba S, Jacob SR (2018) Identification, analysis and development of salt responsive candidate gene based SSR markers in wheat. BMC plant biology 18:1-15.

Sofalian O, Chaparzadeh N, Javanmard A and Hejazi MS (2008) Study the genetic diversity of wheat landraces from northwest of Iran based on ISSR molecular markers.

Vahdanikia FS, Samizadeh Lahiji H, Zahravi M, Mohsenzadeh Golfazani M (2021) Evaluating genetic diversity of some wheat genotypes using SSR and ISSR molecular markers. Cereal Research 11:43-54.

Wei Y M, Hou Y C, Yan Z H, Wu W, Zhang Z Q, Liu D C, Zheng Y L (2005) Microsatellite DNA polymorphism divergence in Chinese wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces highly resistant to Fusarium head blight. Journal of Applied Genetics 46:3-9.

Yao Y, Guo G, Ni Z, Sunkar R, Du J, Zhu JK, Sun Q (2007) Cloning and characterization of microRNAs from wheat (*Triticum aestivum* L.). Genome biology 8:1-13.

Zeb B, Khan I, Ali S, Bacha S, Mumtaz S, Swati Z (2009) Study on genetic diversity in Pakistani wheat varieties using simple sequence repeat (SSR) markers. African Journal of Biotechnology 8:17-27.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-17]