

تنوع ملکولی جایگاه‌های ریزماهورهای 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^۱، صدیقه فابریکی اورنگ^{۲*}، علیرضا پورابوقداره^۳، جعفر احمدی^۴

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

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

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

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

Mohammadi Shekhlari M¹, Fabriki-Ourang S^{*2}, Pour-aboughadareh A³, Ahmadi J⁴

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: ۱۴۰۳/۰۱/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۲۶)

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 ریزماهوره، 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 ۶۹ توده نواحی مختلف ایران متعلق به چهار گونه *Triticum aestivum*، *T. boeoticum*، *T. durum* و *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره‌ای صورت گرفت. برای این منظور از ۲۳ جفت آغازگر ریزماهوره استفاده شد و در مجموع ۵۷ آلل چندشکل با میانگین ۳/۱۶۶ آلل به ازای هر جایگاه ریزماهوره تکثیر شد. فاصله ژنتیکی بین توده‌های گونه‌ها با نشانگرهای مورد بررسی، دارای دامنه تغییرات بین ۰/۰۸ تا ۰/۸۸۵ بود که کمترین میزان آن، بین توده‌های *T. boeoticum* و *T. urartu* و بیشترین میزان آن بین توده‌های *T. boeoticum* و *T. aestivum* مشاهده شد. بیشترین میزان تنوع ژنی نی و شاخص اطلاعاتی شانون به ترتیب برابر ۰/۱۲ و ۰/۱۸۸ 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 تأیید نمود. با تجزیه ساختار جمعیت ۶۹ 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 ریزماهوره‌ای، 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

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 پلاسما 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 ۲۴ 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 ژنتیکی و مطالعات اصلاحی می‌توان بهره برد (Ramachandran et al. 2020).

دریکوند و همکاران، ۹۰ ژنوتیپ گندم را با استفاده از ۴۰ 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 ۱۴ جفت آغازگر SSR مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت که ریزماهورها سطح بالایی از چندشکلی را در این مطالعه نشان دادند و در مجموع ۴۵۸ آلل تکثیر شد. در این مطالعه تنوع ژنتیکی بین ارقام گندم با میانگین فاصله ژنتیکی ۱۶ تا ۶۷ درصد گزارش شد (Zeb et al. 2009). Singh و همکاران به‌منظور بررسی نشانگرهای SSR مبتنی بر ژن‌های پاسخگو به شوری در گندم، ۶۵ 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 durum*، *Triticum boeoticum*، *T. urartu* با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره انجام شد. نتایج به‌دست آمده می‌تواند

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 پلاسما مفید در برنامه‌های به‌نژادی گندم مورد استفاده قرار گیرد (Ahmadi and Pour-Aboughadareh 2018). آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی و برآورد آن در ژرم پلاسما 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 مخصوصاً 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، ریزماهورها به‌دلیل چندشکلی بالا کاربرد بیشتری برای مطالعات تنوع ژنتیکی نسبت به سایر نشانگرها پیدا کرده‌اند (Rahmani et al. 2019). ریزماهورها 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، همباز بودن و فراوانی در

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

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۶۹ توده وحشی و بومی گندم متعلق به چهار گونه *T. durum*, *T. urartu*, *T. boeoticum*, *T. aestivum* مورد بررسی قرار گرفت. بذور هر یک از توده‌های مذکور مربوط به مناطق مختلف کشور از بانک ژن دانشگاه ایلام تهیه شدند (جدول ۱). استخراج DNA ژنومی از برگ‌های تازه گیاهچه‌ای بر اساس روش CTAB^۱ اصلاح شده و مطابق با دستورالعمل Doyle and Doyle (1987) انجام شد. به منظور بررسی کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از دو روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد (شکل ۱) 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 RNA Microها در این

^۱ Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide;CTAB

مطالعات مورد بررسی قرار گرفته و توالی‌های نابالغ، توالی‌های بالادست و پایین دست آن‌ها به منظور طراحی آغازگرهای SSR از سایت Mirbase.org استخراج شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم ۱۵ میکرولیتر و با استفاده از ۲۳ جفت آغازگر mir-SSR صورت گرفت (جدول ۲). برای مشاهده الگوهای بانندی، از الکتروفورز ژل آگارز ۳ درصد و ژل پلی‌اکریل‌امید با ولتاژ ۴۰۰ ولت به مدت ۸۰ دقیقه استفاده شد. قطعات تکثیری در نهایت با استفاده از نور UV و دستگاه Gel Doc آشکارسازی شدند. رنگ آمیزی ژل‌های پلی‌اکریل‌امید با استفاده از محلول نیترات نقره ۰/۲ درصد انجام شد. برای ظاهرسازی باندهای حاصل، مقدار ۲۵۰ میلی لیتر از محلول کربنات سدیم سرد با ۵۰۰ میکرولیتر تیوسولفات سدیم ۲ درصد و ۵۰۰ میکرولیتر فرم‌آلدهید ۳۷ درصد ترکیب و محلول به سینی حاوی ژل اضافه شد. پس از اینکه باندها به شکل مطلوبی روی ژل نمایان شدند، مقدار ۱۵۰ میلی لیتر محلول استیک اسید ۶/۵ درصد به محلول ظاهرسازی اضافه شد. در نهایت، به منظور تثبیت باندهای ظاهر شده، ژل‌های پلی‌اکریل-امید به مدت ۱۰ دقیقه با آب مقطر سرد شستشو شدند تا به pH خنثی برسند.

جدول ۱- کد و محل جمع‌آوری ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum*

<i>T. urartu</i>		<i>T. durum</i>		<i>T. boeoticum</i>		<i>T. aestivum</i>	
محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده	محل جمع‌آوری	کد توده
جاده اسلام آباد، کرند	۵۳	گلپایگان	۳۵	مهاباد	۱۸	نقده	۱
سقر- جاده مریوان	۵۴	خرمشهر	۳۶	قروه	۱۹	گنبد کاووس	۲
مریوان	۵۵	اهواز	۳۷	سپید دشت	۲۰	قزوین	۳
مریوان	۵۶	اردبیل	۳۸	طالقان	۲۱	اصفهان- شهر رضا	۴
جاده اسلام آباد	۵۷	یاسوج	۳۹	پاوه	۲۲	سقر	۵
مریوان	۵۸	سنندج	۴۰	طالقان	۲۳	خوی	۶
سی سخت	۵۹	سنندج	۴۱	خلخال	۲۴	زنجان	۷
فرخشهر	۶۰	گرگان	۴۲	اشنویه	۲۵	مهاباد	۸
سقر	۶۱	مشهد	۴۳	اسلام آباد	۲۶	کامیاران	۹
بیستون	۶۲	مشهد	۴۴	سرخون	۲۷	ازومیه	۱۰
شهرکرد	۶۳	گچساران	۴۵	اسلام آباد	۲۸	ایذه	۱۱
جاده سنقر - کرمانشاه	۶۴	مهران- صالح آباد	۴۶	سنقر	۲۹	مهران- صالح آباد	۱۲
کرمانشاه	۶۵	پلدختر	۴۷	اهر- کلیبر	۳۰	بروجرد	۱۳
جاده سقر- مریوان	۶۶	پلدختر	۴۸	فیروزآباد	۳۱	شیروان- چرداول	۱۴
آذربایجان غربی	۶۷	سرپل ذهاب	۴۹	سرخون	۳۲	پلدختر	۱۵
کرمانشاه	۶۸	قصر شیرین	۵۰	خوزستان	۳۳	قصر شیرین	۱۶
مریوان	۶۹	ایلام	۵۱	شهر کرد	۳۴	قصر شیرین	۱۷
		قصر شیرین	۵۲				

فاصله ژنتیکی میان گونه‌های *Triticum* نیز براساس شاخص نی محاسبه شد. توده‌های مورد مطالعه به کمک ماتریس تشابه نی و براساس روش Neighbor-joining، با استفاده از نرم‌افزار MEGA گروه‌بندی شدند. همچنین به منظور ارزیابی و تایید آنالیزهای حاصل از تجزیه کلاستر، تجزیه به مختصات اصلی^۸ (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 به دست 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.

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^۱ (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^۲ (He)، تنوع شانون^۳ (I)، تعداد آلل‌های مشاهده شده^۴ (Na)، تعداد آلل مؤثر^۵ (Ne)، درصد مکان‌های چندشکل^۶ (PPL) و همچنین هتروزیگوستی مورد مشاهده^۷ (uHe) به کمک نرم‌افزار POPGENE انجام شد. ضریب تشابه و

^۱ Analysis of molecular variance analysis; (AMOVA)

^۲ Nei's gene diversity; (He)

^۳ Shannon's information index; (I)

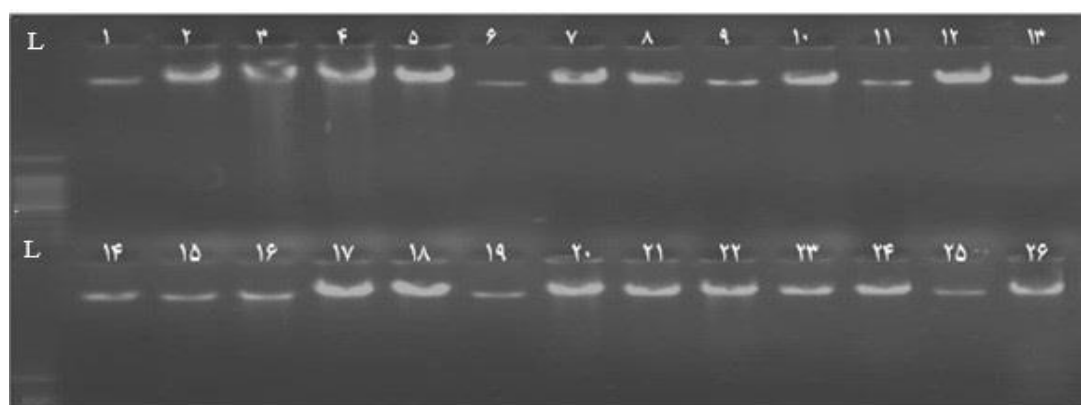
^۴ Observed number of alleles; (Na)

^۵ Effective number of alleles; (Ne)

^۶ Percentage of polymorphic loci; (PPL)

^۷ Unbiased expected heterozygosity; (uHe)

^۸ 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 ریزماهورای 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
۴	(GGGG) _n	(AAGA) ₃	GACTGCGTACGAATTGAC	TATAGCTGTGTTCTCAGGTCG	59
۵	Mir399	(TTAT) ₃	TCTTGCCACTCCTTGTTC	CCGGAGAGCGATAAAATACC	63
۶	P2	(TGGA) ₃	GACACGGAGATGGAGGTTG	GGTGGATTTTGATTGGTGG	59
۷	Mir396a-1	(TAC) ₄	TCTGCTTCGCTAGATCGCT	AACATGGCAGGGAGCATAA	60
۸	Mir164c-1	(GCCG) ₄	TATCCAGGTGGTGGAAATGG	GCGTTGAAGCAAAACTGGT	60
۹	Mir1134-1	(TTC) ₄	GAGCGAACGGAACAAAGA	AGCGATGAAAAGCCAACAG	57
۱۰	Mir1134-2	(TCC) ₄	CTGTTGGCTTTTCATCGCT	GAGGACGACAGTTCGGCTA	62
۱۱	Mir396a-2	(TAG) ₄	TACGGTGCGGTGTCTACAA	TGAATTTGCCCGTGGTTAT	60
۱۲	P8	(GTAG) ₃	TCTACTCCTCGCTGCTGCT	TGCTCGGTGGGTGTCTTAC	62

۱۳	Mir5069a	(AATTC) ₃	TGTGTGCGATTTGATTGG	GCGGGTGAGTTGGATCTTA	59
۱۴	Mir164c-2	(CATG) ₃	GGCTAGTGTGTCGCTCGAT	CGGTCTGCTTCCAAAACAC	62
۱۵	Mir395b	(TAGC) ₃	AGCAGCCGACTATGTGCTC	ACTGTTGATTGCCACCCAG	61
۱۶	Mir159	(CTAG) ₃	GGCCAAACAGGATACGCTA	CCAGGACGAATTGCATCA	59
۱۷	Mir120c	(TA) ₆	CCGGTACTAAATGTTGGGG	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	۶۲
۲۳	Mir160f	(TCCT) ₆	TTGGCATTGAGGGAGTCAT	TAAGGATAAGCCGTCGCAG	۵۷

نتایج و بحث

تمامی نمونه‌ها ۱/۱۴۵ به دست آمد که جمعیت *T. urartu* با میزان ۱/۲۱۶ و جمعیت *T. aestivum* با میزان ۱/۰۴۷ به ترتیب بیشترین و کمترین میزان آلل مؤثر را دارا بودند. از اختلاف بین تعداد آلل کل و آلل مؤثر، 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 (۲۰۱۶) در بررسی ۲۵ ژنوتیپ گندم با استفاده از ۴۵ آغازگر ریزماهوره مرتبط با QTL‌های دخیل در تحمل به شوری، تعداد ۲ تا ۷ آلل با میانگین ۳/۵۲ آلل را در هر جایگاه ریزماهوره تکثیر کردند. محققان دیگری به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی گندم‌های اینکورن، ۲۰ نشانگر ریزماهوره را مورد استفاده قرار دادند که در مجموع ۸۶ آلل چندشکل حاصل شد که تعداد آلل‌ها در مکان‌های چندشکل بین ۲ تا ۹ آلل با میانگین ۴/۱ متغیر بود (Kharestani et al. 2013).

میانگین شاخص شانون برای کل جمعیت‌های مورد مطالعه، ۰/۱۳۲ به دست آمد که بیشترین مقدار مربوط به *T. urartu* با مقدار ۰/۱۸۸ 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 به ترتیب ۰/۴۳ و ۰/۳۴ برآورد شد (Vahdanikia et al. 2021). میزان هتروزیگوسیتی نشانگرها در این مطالعه از ۰/۰۲۶ 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

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 ۴ (TAC) 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* با مقدار ۰/۱۲ می‌باشد. وحدانی‌کیا 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 ۰/۴۴ برای نشانگرهای SSR و ISSR متغیر بود (Vahdanikia et al. 2021). در پژوهش حاضر در کل ۵۷ آلل با میانگین ۳/۱۶۶ آلل به ازای هر جایگاه ریزماهوره 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

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 آلی در هر مکان است.

احتمال متفاوت بودن دو آل 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 به دست آمده بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی و میانگین هتروزیگوسیتی به ترتیب برابر ۰/۸۹ و ۰/۴۳ بود (Rahmani et al. 2019). نتایج حاصل از درصد جایگاه‌های چند

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

گونه	تعداد توده	ژنوم	Na	Ne	I	He	uHe	PPL%
<i>T. aestivum</i>	۱۷	AABBDD	۰/۷۳۷	۱/۰۴۷	۰/۰۳۷	۰/۰۲۵	۰/۰۲۶	۷/۰۲
<i>T. boeoticum</i>	۱۷	A ^b A ^b	۰/۹۳۰	۱/۲۰۷	۰/۱۸۴	۰/۱۲۲	۰/۱۲۶	۳۸/۶۰
<i>T. durum</i>	۱۸	AABB	۱/۰۰۰	۱/۱۰۹	۰/۱۱۸	۰/۰۷۲	۰/۰۷۴	۲۹/۸۲
<i>T. urartu</i>	۱۷	A ^u A ^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 به ترتیب نشان دهنده تعداد آل‌های مشاهده شده، تعداد آل‌های مؤثر، شاخص شانون، شاخص تنوع ژنتیکی نی، شاخص هتروزیگوسیتی مورد انتظار و درصد چندشکلی آل‌ها

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

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس برآورد شده	درصد واریانس
	df	SS	MS		
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

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

جمعیت‌ها توجه 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 ریزماهوره 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 ریزماهوره در تشخیص تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای بسیار کارآمد است و روابط

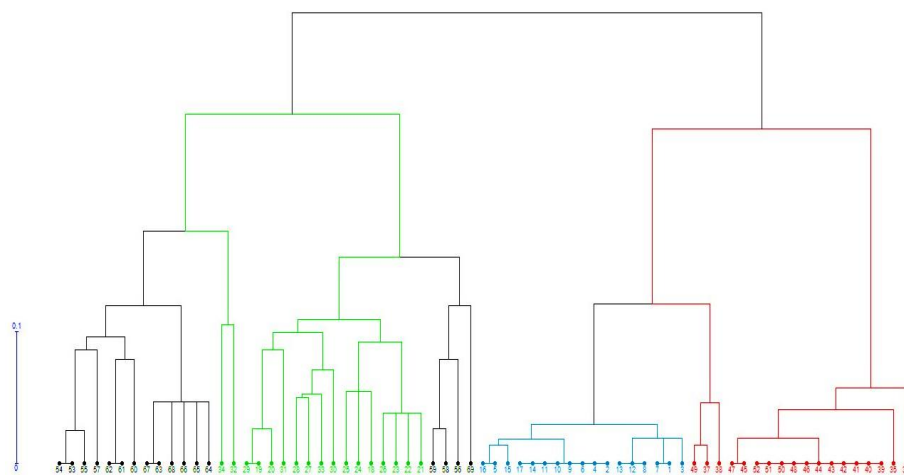
تجزیه واریانس مولکولی یکی از بهترین روش‌های آماری جهت بررسی ساختار جمعیت‌ها و گروه‌ها بر اساس داده‌های مولکولی می‌باشد. در این مطالعه توده‌های موجود در یک گونه به عنوان یک جمعیت مجزا در نظر گرفته شدند. برای تحلیل اختلافات ژنتیکی میان و درون جمعیت‌ها، از تجزیه واریانس مولکولی استفاده شد (جدول ۴) و نتایج نشان داد که ۲۴ درصد از سهم کل تنوع ژنتیکی را واریانس درون جمعیت‌ها و ۷۶ درصد را واریانس بین

۳۳، ۳۰، ۲۵، ۲۴، ۱۸، ۲۶، ۲۳، ۲۲، ۲۱، ۵۹، ۵۸، ۵۶، ۶۹ در گروه دوم، توده‌های ۱۶، ۵، ۱۵، ۱۷، ۱۴، ۱۱، ۱۰، ۹، ۶، ۴، ۲، ۱۳، ۱۲، ۸، ۷، ۱، ۳، ۴۹، ۳۷، ۳۸ در گروه سوم و توده‌های ۴۷، ۴۵، ۵۲، ۵۱، ۵۰، ۴۸، ۴۶، ۴۴، ۴۳، ۴۲، ۴۱، ۴۰، ۳۹، ۳۵، ۳۶ 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 ۳۷، ۳۸، ۴۹ در یک گروه قرار داشتند. همچنین تمام توده‌های *T. aestivum* باهم و در یک گروه دسته‌بندی شدند (شکل ۲). در پژوهشی مشابه تنوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ گندم (*T. aestivum*) با استفاده از ۱۰ 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).

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

برآورد فاصله‌ی ژنتیکی شاخصی مناسبی برای بررسی تنوع ژنتیکی است. در این مطالعه فاصله‌ی ژنتیکی ۶۹ 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 ۵۴، ۵۳، ۵۵، ۵۷، ۶۲، ۶۱، ۶۰، ۶۷، ۶۳، ۶۸، ۶۶، ۶۴ در گروه اول، توده‌های ۳۴، ۳۲، ۲۹، ۱۹، ۲۰، ۳۱، ۲۸، ۲۷



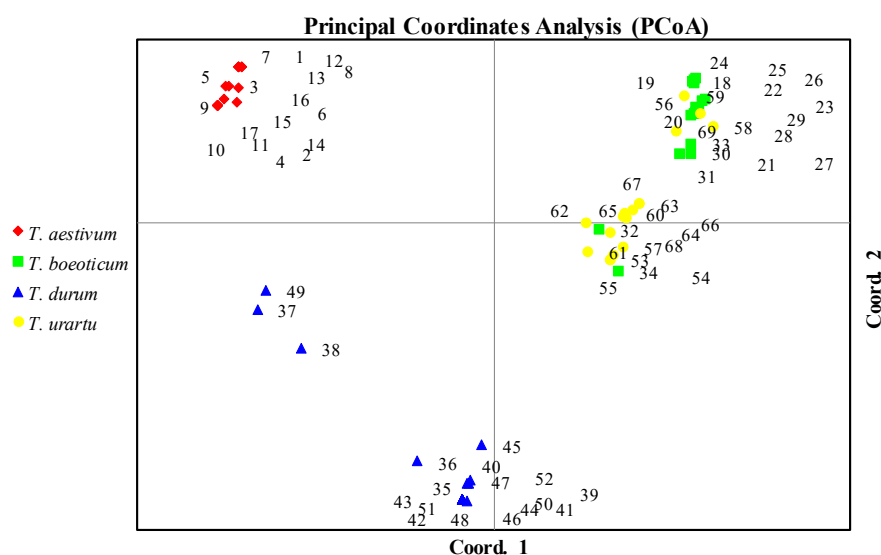
شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهواره

مؤلفه اول مجموعاً ۶۹/۷۵ درصد از تغییرات را توجیه کردند که از این میزان، مؤلفه اول و دوم به‌ترتیب ۴۸/۹۵ و ۲۰/۸۰ درصد از تغییرات را تبیین نمودند. با زیاد شدن همبستگی متغیرهای اولیه،

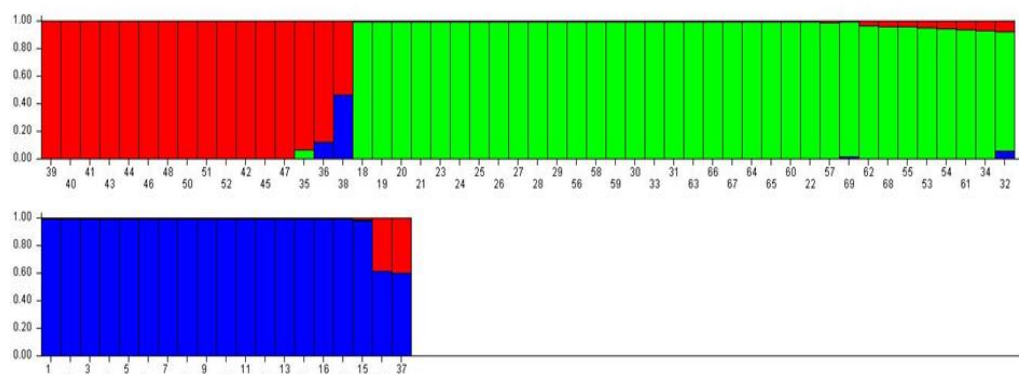
به‌منظور تعیین روابط ژنتیکی بین گونه‌ها و طبقه‌بندی آن‌ها، تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) به عنوان روشی مکمل برای تجزیه خوشه‌ای صورت گرفت. در تجزیه به مختصات انجام گرفته، دو

۵۵، ۵۷، ۶۰، ۶۱، ۶۲، ۶۳، ۶۴، ۶۵، ۶۶، ۶۷، ۶۸ و در گروه پنجم توده‌های ۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲۴، ۲۵، ۲۶، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱، ۳۳، ۵۶، ۵۸، ۵۹، ۶۹ قرار گرفتند (شکل ۳). توده‌های دو گروه آخر مربوط به دو گونه *T. urartu* و *T. boeoticum* 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 ۴۹ 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).

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، ۴۹ و در گروه سوم نیز توده‌های ۳۵، ۳۶، ۴۰، ۴۱، ۴۲، ۴۳، ۴۴، ۴۵، ۴۶، ۴۷، ۴۸، ۵۰، ۵۱، ۵۲ قرار گرفتند، تمام توده‌ها در این دو گروه متعلق به گونه *T. durum* می‌باشند. در گروه چهارم توده‌های ۳۲، ۳۴، ۵۳، ۵۴



شکل ۳- نتایج تجزیه به مختصات اصلی برای ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهور



شکل ۴- نتایج تجزیه ساختار جمعیت برای ۶۹ توده متعلق به چهار گونه *Triticum* با نشانگرهای ریزماهور

امکان بررسی مناسب تنوع و مطالعه ساختار جمعیت‌ها را در سطح گونه و درون گونه امکان‌پذیر کرد. همچنین، تعداد زیاد آل 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 ۳۷، ۳۸ و ۴۹ 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.

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، ۶۹ توده مورد مطالعه در ۳ زیر جمعیت قرار گرفتند. بررسی پراکنش توده‌ها (شکل ۴) نشان داد زیرجمعیت اول شامل توده‌های ۳۹، ۴۰، ۴۱، ۴۳، ۴۴، ۴۶، ۴۸، ۵۰، ۵۱، ۵۲، ۵۳، ۵۴، ۵۵، ۵۶، ۵۸، ۵۹، ۶۰، ۶۱، ۶۲، ۶۳، ۶۴، ۶۵، ۶۶، ۶۷، ۶۸، ۶۹، ۷۰، ۷۱، ۷۲، ۷۳، ۷۴، ۷۵، ۷۶، ۷۷، ۷۸، ۷۹، ۸۰، ۸۱، ۸۲، ۸۳، ۸۴، ۸۵، ۸۶، ۸۷، ۸۸، ۸۹، ۹۰، ۹۱، ۹۲، ۹۳، ۹۴، ۹۵، ۹۶، ۹۷، ۹۸، ۹۹، ۱۰۰، ۱۰۱، ۱۰۲، ۱۰۳، ۱۰۴، ۱۰۵، ۱۰۶، ۱۰۷، ۱۰۸، ۱۰۹، ۱۱۰، ۱۱۱، ۱۱۲، ۱۱۳، ۱۱۴، ۱۱۵، ۱۱۶، ۱۱۷، ۱۱۸، ۱۱۹، ۱۲۰، ۱۲۱، ۱۲۲، ۱۲۳، ۱۲۴، ۱۲۵، ۱۲۶، ۱۲۷، ۱۲۸، ۱۲۹، ۱۳۰، ۱۳۱، ۱۳۲، ۱۳۳، ۱۳۴، ۱۳۵، ۱۳۶، ۱۳۷، ۱۳۸، ۱۳۹، ۱۴۰، ۱۴۱، ۱۴۲، ۱۴۳، ۱۴۴، ۱۴۵، ۱۴۶، ۱۴۷، ۱۴۸، ۱۴۹، ۱۵۰، ۱۵۱، ۱۵۲، ۱۵۳، ۱۵۴، ۱۵۵، ۱۵۶، ۱۵۷، ۱۵۸، ۱۵۹، ۱۶۰، ۱۶۱، ۱۶۲، ۱۶۳، ۱۶۴، ۱۶۵، ۱۶۶، ۱۶۷، ۱۶۸، ۱۶۹، ۱۷۰، ۱۷۱، ۱۷۲، ۱۷۳، ۱۷۴، ۱۷۵، ۱۷۶، ۱۷۷، ۱۷۸، ۱۷۹، ۱۸۰، ۱۸۱، ۱۸۲، ۱۸۳، ۱۸۴، ۱۸۵، ۱۸۶، ۱۸۷، ۱۸۸، ۱۸۹، ۱۹۰، ۱۹۱، ۱۹۲، ۱۹۳، ۱۹۴، ۱۹۵، ۱۹۶، ۱۹۷، ۱۹۸، ۱۹۹، ۲۰۰، ۲۰۱، ۲۰۲، ۲۰۳، ۲۰۴، ۲۰۵، ۲۰۶، ۲۰۷، ۲۰۸، ۲۰۹، ۲۱۰، ۲۱۱، ۲۱۲، ۲۱۳، ۲۱۴، ۲۱۵، ۲۱۶، ۲۱۷، ۲۱۸، ۲۱۹، ۲۲۰، ۲۲۱، ۲۲۲، ۲۲۳، ۲۲۴، ۲۲۵، ۲۲۶، ۲۲۷، ۲۲۸، ۲۲۹، ۲۳۰، ۲۳۱، ۲۳۲، ۲۳۳، ۲۳۴، ۲۳۵، ۲۳۶، ۲۳۷، ۲۳۸، ۲۳۹، ۲۴۰، ۲۴۱، ۲۴۲، ۲۴۳، ۲۴۴، ۲۴۵، ۲۴۶، ۲۴۷، ۲۴۸، ۲۴۹، ۲۵۰، ۲۵۱، ۲۵۲، ۲۵۳، ۲۵۴، ۲۵۵، ۲۵۶، ۲۵۷، ۲۵۸، ۲۵۹، ۲۶۰، ۲۶۱، ۲۶۲، ۲۶۳، ۲۶۴، ۲۶۵، ۲۶۶، ۲۶۷، ۲۶۸، ۲۶۹، ۲۷۰، ۲۷۱، ۲۷۲، ۲۷۳، ۲۷۴، ۲۷۵، ۲۷۶، ۲۷۷، ۲۷۸، ۲۷۹، ۲۸۰، ۲۸۱، ۲۸۲، ۲۸۳، ۲۸۴، ۲۸۵، ۲۸۶، ۲۸۷، ۲۸۸، ۲۸۹، ۲۹۰، ۲۹۱، ۲۹۲، ۲۹۳، ۲۹۴، ۲۹۵، ۲۹۶، ۲۹۷، ۲۹۸، ۲۹۹، ۳۰۰، ۳۰۱، ۳۰۲، ۳۰۳، ۳۰۴، ۳۰۵، ۳۰۶، ۳۰۷، ۳۰۸، ۳۰۹، ۳۱۰، ۳۱۱، ۳۱۲، ۳۱۳، ۳۱۴، ۳۱۵، ۳۱۶، ۳۱۷، ۳۱۸، ۳۱۹، ۳۲۰، ۳۲۱، ۳۲۲، ۳۲۳، ۳۲۴، ۳۲۵، ۳۲۶، ۳۲۷، ۳۲۸، ۳۲۹، ۳۳۰، ۳۳۱، ۳۳۲، ۳۳۳، ۳۳۴، ۳۳۵، ۳۳۶، ۳۳۷، ۳۳۸، ۳۳۹، ۳۴۰، ۳۴۱، ۳۴۲، ۳۴۳، ۳۴۴، ۳۴۵، ۳۴۶، ۳۴۷، ۳۴۸، ۳۴۹، ۳۵۰، ۳۵۱، ۳۵۲، ۳۵۳، ۳۵۴، ۳۵۵، ۳۵۶، ۳۵۷، ۳۵۸، ۳۵۹، ۳۶۰، ۳۶۱، ۳۶۲، ۳۶۳، ۳۶۴، ۳۶۵، ۳۶۶، ۳۶۷، ۳۶۸، ۳۶۹، ۳۷۰، ۳۷۱، ۳۷۲، ۳۷۳، ۳۷۴، ۳۷۵، ۳۷۶، ۳۷۷، ۳۷۸، ۳۷۹، ۳۸۰، ۳۸۱، ۳۸۲، ۳۸۳، ۳۸۴، ۳۸۵، ۳۸۶، ۳۸۷، ۳۸۸، ۳۸۹، ۳۹۰، ۳۹۱، ۳۹۲، ۳۹۳، ۳۹۴، ۳۹۵، ۳۹۶، ۳۹۷، ۳۹۸، ۳۹۹، ۴۰۰، ۴۰۱، ۴۰۲، ۴۰۳، ۴۰۴، ۴۰۵، ۴۰۶، ۴۰۷، ۴۰۸، ۴۰۹، ۴۱۰، ۴۱۱، ۴۱۲، ۴۱۳، ۴۱۴، ۴۱۵، ۴۱۶، ۴۱۷، ۴۱۸، ۴۱۹، ۴۲۰، ۴۲۱، ۴۲۲، ۴۲۳، ۴۲۴، ۴۲۵، ۴۲۶، ۴۲۷، ۴۲۸، ۴۲۹، ۴۳۰، ۴۳۱، ۴۳۲، ۴۳۳، ۴۳۴، ۴۳۵، ۴۳۶، ۴۳۷، ۴۳۸، ۴۳۹، ۴۴۰، ۴۴۱، ۴۴۲، ۴۴۳، ۴۴۴، ۴۴۵، ۴۴۶، ۴۴۷، ۴۴۸، ۴۴۹، ۴۵۰، ۴۵۱، ۴۵۲، ۴۵۳، ۴۵۴، ۴۵۵، ۴۵۶، ۴۵۷، ۴۵۸، ۴۵۹، ۴۶۰، ۴۶۱، ۴۶۲، ۴۶۳، ۴۶۴، ۴۶۵، ۴۶۶، ۴۶۷، ۴۶۸، ۴۶۹، ۴۷۰، ۴۷۱، ۴۷۲، ۴۷۳، ۴۷۴، ۴۷۵، ۴۷۶، ۴۷۷، ۴۷۸، ۴۷۹، ۴۸۰، ۴۸۱، ۴۸۲، ۴۸۳، ۴۸۴، ۴۸۵، ۴۸۶، ۴۸۷، ۴۸۸، ۴۸۹، ۴۹۰، ۴۹۱، ۴۹۲، ۴۹۳، ۴۹۴، ۴۹۵، ۴۹۶، ۴۹۷، ۴۹۸، ۴۹۹، ۵۰۰، ۵۰۱، ۵۰۲، ۵۰۳، ۵۰۴، ۵۰۵، ۵۰۶، ۵۰۷، ۵۰۸، ۵۰۹، ۵۱۰، ۵۱۱، ۵۱۲، ۵۱۳، ۵۱۴، ۵۱۵، ۵۱۶، ۵۱۷، ۵۱۸، ۵۱۹، ۵۲۰، ۵۲۱، ۵۲۲، ۵۲۳، ۵۲۴، ۵۲۵، ۵۲۶، ۵۲۷، ۵۲۸، ۵۲۹، ۵۳۰، ۵۳۱، ۵۳۲، ۵۳۳، ۵۳۴، ۵۳۵، ۵۳۶، ۵۳۷، ۵۳۸، ۵۳۹، ۵۴۰، ۵۴۱، ۵۴۲، ۵۴۳، ۵۴۴، ۵۴۵، ۵۴۶، ۵۴۷، ۵۴۸، ۵۴۹، ۵۵۰، ۵۵۱، ۵۵۲، ۵۵۳، ۵۵۴، ۵۵۵، ۵۵۶، ۵۵۷، ۵۵۸، ۵۵۹، ۵۶۰، ۵۶۱، ۵۶۲، ۵۶۳، ۵۶۴، ۵۶۵، ۵۶۶، ۵۶۷، ۵۶۸، ۵۶۹، ۵۷۰، ۵۷۱، ۵۷۲، ۵۷۳، ۵۷۴، ۵۷۵، ۵۷۶، ۵۷۷، ۵۷۸، ۵۷۹، ۵۸۰، ۵۸۱، ۵۸۲، ۵۸۳، ۵۸۴، ۵۸۵، ۵۸۶، ۵۸۷، ۵۸۸، ۵۸۹، ۵۹۰، ۵۹۱، ۵۹۲، ۵۹۳، ۵۹۴، ۵۹۵، ۵۹۶، ۵۹۷، ۵۹۸، ۵۹۹، ۶۰۰، ۶۰۱، ۶۰۲، ۶۰۳، ۶۰۴، ۶۰۵، ۶۰۶، ۶۰۷، ۶۰۸، ۶۰۹، ۶۱۰، ۶۱۱، ۶۱۲، ۶۱۳، ۶۱۴، ۶۱۵، ۶۱۶، ۶۱۷، ۶۱۸، ۶۱۹، ۶۲۰، ۶۲۱، ۶۲۲، ۶۲۳، ۶۲۴، ۶۲۵، ۶۲۶، ۶۲۷، ۶۲۸، ۶۲۹، ۶۳۰، ۶۳۱، ۶۳۲، ۶۳۳، ۶۳۴، ۶۳۵، ۶۳۶، ۶۳۷، ۶۳۸، ۶۳۹، ۶۴۰، ۶۴۱، ۶۴۲، ۶۴۳، ۶۴۴، ۶۴۵، ۶۴۶، ۶۴۷، ۶۴۸، ۶۴۹، ۶۵۰، ۶۵۱، ۶۵۲، ۶۵۳، ۶۵۴، ۶۵۵، ۶۵۶، ۶۵۷، ۶۵۸، ۶۵۹، ۶۶۰، ۶۶۱، ۶۶۲، ۶۶۳، ۶۶۴، ۶۶۵، ۶۶۶، ۶۶۷، ۶۶۸، ۶۶۹، ۶۷۰، ۶۷۱، ۶۷۲، ۶۷۳، ۶۷۴، ۶۷۵، ۶۷۶، ۶۷۷، ۶۷۸، ۶۷۹، ۶۸۰، ۶۸۱، ۶۸۲، ۶۸۳، ۶۸۴، ۶۸۵، ۶۸۶، ۶۸۷، ۶۸۸، ۶۸۹، ۶۹۰، ۶۹۱، ۶۹۲، ۶۹۳، ۶۹۴، ۶۹۵، ۶۹۶، ۶۹۷، ۶۹۸، ۶۹۹، ۷۰۰، ۷۰۱، ۷۰۲، ۷۰۳، ۷۰۴، ۷۰۵، ۷۰۶، ۷۰۷، ۷۰۸، ۷۰۹، ۷۱۰، ۷۱۱، ۷۱۲، ۷۱۳، ۷۱۴، ۷۱۵، ۷۱۶، ۷۱۷، ۷۱۸، ۷۱۹، ۷۲۰، ۷۲۱، ۷۲۲، ۷۲۳، ۷۲۴، ۷۲۵، ۷۲۶، ۷۲۷، ۷۲۸، ۷۲۹، ۷۳۰، ۷۳۱، ۷۳۲، ۷۳۳، ۷۳۴، ۷۳۵، ۷۳۶، ۷۳۷، ۷۳۸، ۷۳۹، ۷۴۰، ۷۴۱، ۷۴۲، ۷۴۳، ۷۴۴، ۷۴۵، ۷۴۶، ۷۴۷، ۷۴۸، ۷۴۹، ۷۵۰، ۷۵۱، ۷۵۲، ۷۵۳، ۷۵۴، ۷۵۵، ۷۵۶، ۷۵۷، ۷۵۸، ۷۵۹، ۷۶۰، ۷۶۱، ۷۶۲، ۷۶۳، ۷۶۴، ۷۶۵، ۷۶۶، ۷۶۷، ۷۶۸، ۷۶۹، ۷۷۰، ۷۷۱، ۷۷۲، ۷۷۳، ۷۷۴، ۷۷۵، ۷۷۶، ۷۷۷، ۷۷۸، ۷۷۹، ۷۸۰، ۷۸۱، ۷۸۲، ۷۸۳، ۷۸۴، ۷۸۵، ۷۸۶، ۷۸۷، ۷۸۸، ۷۸۹، ۷۹۰، ۷۹۱، ۷۹۲، ۷۹۳، ۷۹۴، ۷۹۵، ۷۹۶، ۷۹۷، ۷۹۸، ۷۹۹، ۸۰۰، ۸۰۱، ۸۰۲، ۸۰۳، ۸۰۴، ۸۰۵، ۸۰۶، ۸۰۷، ۸۰۸، ۸۰۹، ۸۱۰، ۸۱۱، ۸۱۲، ۸۱۳، ۸۱۴، ۸۱۵، ۸۱۶، ۸۱۷، ۸۱۸، ۸۱۹، ۸۲۰، ۸۲۱، ۸۲۲، ۸۲۳، ۸۲۴، ۸۲۵، ۸۲۶، ۸۲۷، ۸۲۸، ۸۲۹، ۸۳۰، ۸۳۱، ۸۳۲، ۸۳۳، ۸۳۴، ۸۳۵، ۸۳۶، ۸۳۷، ۸۳۸، ۸۳۹، ۸۴۰، ۸۴۱، ۸۴۲، ۸۴۳، ۸۴۴، ۸۴۵، ۸۴۶، ۸۴۷، ۸۴۸، ۸۴۹، ۸۵۰، ۸۵۱، ۸۵۲، ۸۵۳، ۸۵۴، ۸۵۵، ۸۵۶، ۸۵۷، ۸۵۸، ۸۵۹، ۸۶۰، ۸۶۱، ۸۶۲، ۸۶۳، ۸۶۴، ۸۶۵، ۸۶۶، ۸۶۷، ۸۶۸، ۸۶۹، ۸۷۰، ۸۷۱، ۸۷۲، ۸۷۳، ۸۷۴، ۸۷۵، ۸۷۶، ۸۷۷، ۸۷۸، ۸۷۹، ۸۸۰، ۸۸۱، ۸۸۲، ۸۸۳، ۸۸۴، ۸۸۵، ۸۸۶، ۸۸۷، ۸۸۸، ۸۸۹، ۸۹۰، ۸۹۱، ۸۹۲، ۸۹۳، ۸۹۴، ۸۹۵، ۸۹۶، ۸۹۷، ۸۹۸، ۸۹۹، ۹۰۰، ۹۰۱، ۹۰۲، ۹۰۳، ۹۰۴، ۹۰۵، ۹۰۶، ۹۰۷، ۹۰۸، ۹۰۹، ۹۱۰، ۹۱۱، ۹۱۲، ۹۱۳، ۹۱۴، ۹۱۵، ۹۱۶، ۹۱۷، ۹۱۸، ۹۱۹، ۹۲۰، ۹۲۱، ۹۲۲، ۹۲۳، ۹۲۴، ۹۲۵، ۹۲۶، ۹۲۷، ۹۲۸، ۹۲۹، ۹۳۰، ۹۳۱، ۹۳۲، ۹۳۳، ۹۳۴، ۹۳۵، ۹۳۶، ۹۳۷، ۹۳۸، ۹۳۹، ۹۴۰، ۹۴۱، ۹۴۲، ۹۴۳، ۹۴۴، ۹۴۵، ۹۴۶، ۹۴۷، ۹۴۸، ۹۴۹، ۹۵۰، ۹۵۱، ۹۵۲، ۹۵۳، ۹۵۴، ۹۵۵، ۹۵۶، ۹۵۷، ۹۵۸، ۹۵۹، ۹۶۰، ۹۶۱، ۹۶۲، ۹۶۳، ۹۶۴، ۹۶۵، ۹۶۶، ۹۶۷، ۹۶۸، ۹۶۹، ۹۷۰، ۹۷۱، ۹۷۲، ۹۷۳، ۹۷۴، ۹۷۵، ۹۷۶، ۹۷۷، ۹۷۸، ۹۷۹، ۹۸۰، ۹۸۱، ۹۸۲، ۹۸۳، ۹۸۴، ۹۸۵، ۹۸۶، ۹۸۷، ۹۸۸، ۹۸۹، ۹۹۰، ۹۹۱، ۹۹۲، ۹۹۳، ۹۹۴، ۹۹۵، ۹۹۶، ۹۹۷، ۹۹۸، ۹۹۹، ۱۰۰۰، ۱۰۰۱، ۱۰۰۲، ۱۰۰۳، ۱۰۰۴، ۱۰۰۵، ۱۰۰۶، ۱۰۰۷، ۱۰۰۸، ۱۰۰۹، ۱۰۱۰، ۱۰۱۱، ۱۰۱۲، ۱۰۱۳، ۱۰۱۴، ۱۰۱۵، ۱۰۱۶، ۱۰۱۷، ۱۰۱۸، ۱۰۱۹، ۱۰۲۰، ۱۰۲۱، ۱۰۲۲، ۱۰۲۳، ۱۰۲۴، ۱۰۲۵، ۱۰۲۶، ۱۰۲۷، ۱۰۲۸، ۱۰۲۹، ۱۰۳۰، ۱۰۳۱، ۱۰۳۲، ۱۰۳۳، ۱۰۳۴، ۱۰۳۵، ۱۰۳۶، ۱۰۳۷، ۱۰۳۸، ۱۰۳۹، ۱۰۴۰، ۱۰۴۱، ۱۰۴۲، ۱۰۴۳، ۱۰۴۴، ۱۰۴۵، ۱۰۴۶، ۱۰۴۷، ۱۰۴۸، ۱۰۴۹، ۱۰۵۰، ۱۰۵۱، ۱۰۵۲، ۱۰۵۳، ۱۰۵۴، ۱۰۵۵، ۱۰۵۶، ۱۰۵۷، ۱۰۵۸، ۱۰۵۹، ۱۰۶۰، ۱۰۶۱، ۱۰۶۲، ۱۰۶۳، ۱۰۶۴، ۱۰۶۵، ۱۰۶۶، ۱۰۶۷، ۱۰۶۸، ۱۰۶۹، ۱۰۷۰، ۱۰۷۱، ۱۰۷۲، ۱۰۷۳، ۱۰۷۴، ۱۰۷۵، ۱۰۷۶، ۱۰۷۷، ۱۰۷۸، ۱۰۷۹، ۱۰۸۰، ۱۰۸۱، ۱۰۸۲، ۱۰۸۳، ۱۰۸۴، ۱۰۸۵، ۱۰۸۶، ۱۰۸۷، ۱۰۸۸، ۱۰۸۹، ۱۰۹۰، ۱۰۹۱، ۱۰۹۲، ۱۰۹۳، ۱۰۹۴، ۱۰۹۵، ۱۰۹۶، ۱۰۹۷، ۱۰۹۸، ۱۰۹۹، ۱۱۰۰، ۱۱۰۱، ۱۱۰۲، ۱۱۰۳، ۱۱۰۴، ۱۱۰۵، ۱۱۰۶، ۱۱۰۷، ۱۱۰۸، ۱۱۰۹، ۱۱۱۰، ۱۱۱۱، ۱۱۱۲، ۱۱۱۳، ۱۱۱۴، ۱۱۱۵، ۱۱۱۶، ۱۱۱۷، ۱۱۱۸، ۱۱۱۹، ۱۱۲۰، ۱۱۲۱، ۱۱۲۲، ۱۱۲۳، ۱۱۲۴، ۱۱۲۵، ۱۱۲۶، ۱۱۲۷، ۱۱۲۸، ۱۱۲۹، ۱۱۳۰، ۱۱۳۱، ۱۱۳۲، ۱۱۳۳، ۱۱۳۴، ۱۱۳۵، ۱۱۳۶، ۱۱۳۷، ۱۱۳۸، ۱۱۳۹، ۱۱۴۰، ۱۱۴۱، ۱۱۴۲، ۱۱۴۳، ۱۱۴۴، ۱۱۴۵، ۱۱۴۶، ۱۱۴۷، ۱۱۴۸، ۱۱۴۹، ۱۱۵۰، ۱۱۵۱، ۱۱۵۲، ۱۱۵۳، ۱۱۵۴، ۱۱۵۵، ۱۱۵۶، ۱۱۵۷، ۱۱۵۸، ۱۱۵۹، ۱۱۶۰، ۱۱۶۱، ۱۱۶۲، ۱۱۶۳، ۱۱۶۴، ۱۱۶۵، ۱۱۶۶، ۱۱۶۷، ۱۱۶۸، ۱۱۶۹، ۱۱۷۰، ۱۱۷۱، ۱۱۷۲، ۱۱۷۳، ۱۱۷۴، ۱۱۷۵، ۱۱۷۶، ۱۱۷۷، ۱۱۷۸، ۱۱۷۹، ۱۱۸۰، ۱۱۸۱، ۱۱۸۲، ۱۱۸۳، ۱۱۸۴، ۱۱۸۵، ۱۱۸۶، ۱۱۸۷، ۱۱۸۸، ۱۱۸۹، ۱۱۹۰، ۱۱۹۱، ۱۱۹۲، ۱۱۹۳، ۱۱۹۴، ۱۱۹۵، ۱۱۹۶، ۱۱۹۷، ۱۱۹۸، ۱۱۹۹، ۱۲۰۰، ۱۲۰۱، ۱۲۰۲، ۱۲۰۳، ۱۲۰۴، ۱۲۰۵، ۱۲۰۶، ۱۲۰۷، ۱۲۰۸، ۱۲۰۹، ۱۲۱۰، ۱۲۱۱، ۱۲۱۲، ۱۲۱۳، ۱۲۱۴، ۱۲۱۵، ۱۲۱۶، ۱۲۱۷، ۱۲۱۸، ۱۲۱۹، ۱۲۲۰، ۱۲۲۱، ۱۲۲۲، ۱۲۲۳، ۱۲۲۴، ۱۲۲۵، ۱۲۲۶، ۱۲۲۷، ۱۲۲۸، ۱۲۲۹، ۱۲۳۰، ۱۲۳۱، ۱۲۳۲، ۱۲۳۳، ۱۲۳۴، ۱۲۳۵، ۱۲۳۶، ۱۲۳۷، ۱۲۳۸، ۱۲۳۹، ۱۲۴۰، ۱۲۴۱، ۱۲۴۲، ۱۲۴۳، ۱۲۴۴، ۱۲۴۵، ۱۲۴۶، ۱۲۴۷، ۱۲۴۸، ۱۲۴۹، ۱۲۵۰، ۱۲۵۱، ۱۲۵۲، ۱۲۵۳، ۱۲۵۴، ۱۲۵۵، ۱۲۵۶، ۱۲۵۷، ۱۲۵۸، ۱۲۵۹، ۱۲۶۰، ۱۲۶۱، ۱۲۶۲، ۱۲۶۳، ۱۲۶۴، ۱۲۶۵، ۱۲۶۶، ۱۲۶۷، ۱۲۶۸، ۱۲۶۹، ۱۲۷۰، ۱۲۷۱، ۱۲۷۲، ۱۲۷۳، ۱۲۷۴، ۱۲۷۵، ۱۲۷۶، ۱۲۷۷، ۱۲۷۸، ۱۲۷۹، ۱۲۸۰، ۱۲۸۱، ۱۲۸۲، ۱۲۸۳، ۱۲۸۴، ۱۲۸۵، ۱۲۸۶، ۱۲۸۷، ۱۲۸۸، ۱۲۸۹، ۱۲۹۰، ۱۲۹۱، ۱۲۹۲، ۱۲۹۳، ۱۲۹۴، ۱۲۹۵، ۱۲۹۶، ۱۲۹۷، ۱۲۹۸، ۱۲۹۹، ۱۳۰۰، ۱۳۰۱، ۱۳۰۲، ۱۳۰۳، ۱۳۰۴، ۱۳۰۵، ۱۳۰۶، ۱۳۰۷، ۱۳۰۸، ۱۳۰۹، ۱۳۱۰، ۱۳۱۱، ۱۳۱۲، ۱۳۱۳، ۱۳۱۴، ۱۳۱۵، ۱۳۱۶، ۱۳۱۷، ۱۳۱۸، ۱۳۱۹، ۱۳۲۰، ۱۳۲۱، ۱۳۲۲، ۱۳۲۳، ۱۳۲۴، ۱۳۲۵، ۱۳۲۶، ۱۳۲۷، ۱۳۲۸، ۱۳۲۹، ۱۳۳۰، ۱۳۳۱، ۱۳۳۲، ۱۳۳۳، ۱۳۳۴، ۱۳۳۵، ۱۳۳۶، ۱۳۳۷، ۱۳۳۸، ۱۳۳۹، ۱۳۴۰، ۱۳۴۱، ۱۳۴۲، ۱۳۴۳، ۱۳۴۴، ۱۳۴۵، ۱۳۴۶، ۱۳۴۷، ۱۳۴۸، ۱۳۴۹، ۱۳۵۰، ۱۳۵۱، ۱۳۵۲، ۱۳۵۳، ۱۳۵۴، ۱۳۵۵، ۱۳۵۶، ۱۳۵۷، ۱۳۵۸، ۱۳۵۹، ۱۳۶۰، ۱۳۶۱، ۱۳۶۲، ۱۳۶۳، ۱۳۶۴، ۱۳۶۵، ۱۳۶۶، ۱۳۶۷، ۱۳۶۸، ۱۳۶۹، ۱۳۷۰، ۱۳۷۱، ۱۳۷۲، ۱۳۷۳، ۱۳۷۴، ۱۳۷۵، ۱۳۷۶، ۱۳۷۷، ۱۳۷۸، ۱۳۷۹، ۱۳۸۰، ۱۳۸۱، ۱۳۸۲، ۱۳۸۳، ۱۳۸۴، ۱۳۸۵، ۱۳۸۶، ۱۳۸۷، ۱۳۸۸، ۱۳۸۹، ۱۳۹۰، ۱۳۹۱، ۱۳۹۲، ۱۳۹۳، ۱۳۹۴، ۱۳۹۵، ۱۳۹۶، ۱۳۹۷، ۱۳۹۸، ۱۳۹۹، ۱۴۰۰، ۱۴۰۱، ۱۴۰۲، ۱۴۰۳، ۱۴۰۴، ۱۴۰۵، ۱۴۰۶، ۱۴۰۷، ۱۴۰۸، ۱۴۰۹، ۱۴۱۰،

- 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 agromorphological 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.