

بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما گندم با استفاده از نشانگرهای RAPD

حسین دشتی*^۱، محمدرضا نقوی^۲، علی اکبر شاه‌نجات بوشهری^۳، حسین شیرانی^۴

۱-۴- استادیار دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان

۲-۳- دانشیار دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: dashti@mail.vru.ac.ir

(تاریخ دریافت: - تاریخ پذیرش:)

چکیده

اطلاع کافی از تشابه‌های ژنومیکی، به برنامه‌ریزی و استراتژی‌های اصلاحی در حفاظت از ژرم پلاسما و انتقال ژن‌ها از گونه‌ای به گونه‌ی دیگر کمک می‌نماید. به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما، ۳۰ نمونه از گندم‌های هگزاپلوئید (نان)، تتراپلوئید (دوروم) و دیپلوئیدهای وحشی با ژنوم‌های (AA) و (DD) به‌طور تصادفی انتخاب و با استفاده از ۱۱ آغازگر ۱۰ نوکلئوتیدی مورد تجزیه RAPD قرار گرفتند. تمامی آغازگرها، مناطقی از ژنوم گندم‌های مختلف را تکثیر نمودند که در مجموع ۱۰۵ مکان ژنی تکثیر و ۹۵۳ باند تولید گردید. آغازگرهای C و E بیشترین مکان را تکثیر نمودند و آغازگر UBC64 بیشترین تعداد باند را تولید کرد. آغازگرهای مورد استفاده، توانستند تفاوت ژنتیکی موجود در نمونه‌ها را نشان دهند. آغازگر F دو باند اختصاصی در ژنوم D تولید کرد. تجزیه کلاستر بر اساس ضریب تشابه جاکارد با استفاده از روش UPGMA، نشان داد که میزان تشابه بین ۰/۹ برای نزدیک‌ترین افراد و ۰/۵ برای دورترین افراد تغییر می‌کند و در تشابه ۰/۷، تمامی نمونه‌ها در ۴ گروه و در تشابه ۰/۶۵ در دو قرار گرفتند. این آزمایش نشان داد که ژنوتیپ‌های تحت بررسی، از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار نیستند. گروه‌بندی نمونه‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی حاصل از PCoA مطابقت نسبی خوبی را با تجزیه کلاستر نشان داد.

واژه‌های کلیدی

تنوع ژنتیکی،
ژرم پلاسما،
گندم،
RAPD،
تجزیه کلاستر

مقدمه

بیش از هزاران سال است که نمونه‌های بومی گندم هگزاپلوئید (AABBDD) که در طول تکامل از تلاقی گونه‌های دیپلوئیدی با ژنوم AA و DD و گونه ناشناخته با ژنوم BB حاصل شده، در محیط‌های مختلف اقلیمی بوجود آمده‌اند و تعداد زیادی از اکوتیپ‌های سازگار شده به مکان خاصی، تولید شده‌اند (۱۴ و ۲۲). در گذشته، مطالعه تفاوت‌های اکوتیپ‌های گندم از طریق صفات زراعی و مورفولوژیکی انجام می‌شد (۱۴ و ۲۲). حفاظت و استفاده پایدار از منابع ژنتیکی جهت تامین امنیت غذایی آینده، یک ضرورت است (۹). در این بین، تکنیک‌های مولکولی توانسته‌اند حفاظت و مدیریت منابع ژنتیکی گیاهی^۱ را خصوصاً در زمینه اطلاعات مربوط به تنوع ژنتیکی، بهبود بخشند (۹) و به‌طور فزاینده‌ای در شناسایی روابط فیلوژنی، مورد استفاده قرار گیرند. اطلاع کافی از تشابهات ژنومی، به برنامه‌ریزی و استراتژی‌های اصلاحی در حفاظت از ژرم پلاسم و انتقال ژن‌ها از گونه‌ای به گونه‌ی دیگر کمک می‌نماید (۱۵). پیشرفت‌های اخیر با استفاده از PCR، روش‌های مؤثر و سریعی را برای بررسی چندشکلی در سطح DNA فراهم نموده است. تا کنون بیش از هزار نشانگر ریزماهوره (SSR) تولید شده، نقشه آن‌ها بر روی ژنوم گندم تعیین شده است که اطلاعات به‌دست آمده از آن، می‌تواند در شناسایی ژن‌های مقاومت و نشاندار کردن و تشخیص QTL ها، انتخاب به کمک مارکر^۲ و بهبود مدیریت ژرم پلاسم، مورد استفاده قرار گیرند (۲۰).

نشانگرهای RAPD به‌علت مزایایی چون تولید تعداد زیادی باند، چندشکلی زیاد، عدم استفاده از مواد رادیواکتیو و عدم نیاز به وجود اطلاعاتی در مورد توالی ژنومی گیاه، همواره در بررسی تنوع ژنتیکی مخازن ژنی، مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۲۰ و ۲۳). تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی بین گونه‌های وحشی توسط نشانگرهای RAPD بررسی شده و نتایج به‌دست آمده، مشابه نتایج حاصل از مطالعات مورفولوژیکی و سیتوژنتیکی بوده است (۱۸). نشانگرهای RAPD رابطه خویشاوندی بین دیپلوئیدها و آمفی دیپلوئیدهای براسیکاها (مثلت U) را به‌خوبی نشان داده‌اند

(۵). هم‌چنین این نشانگرها، توان خوبی در تشخیص چندشکلی بین بیوتیپ‌های گندم و یولاف نشان داده‌اند (۷). تنوع ژنتیکی ۷۸ نژاد بومی گندم جمع‌آوری شده از ۲۲ کشور، با استفاده از سه نوع مارکر RAPD، AFLP و SSR بررسی شد و نتایج نشان داد، هر سه مارکر می‌توانند تنوع ژنتیکی و روابط بین آن‌ها را نشان دهند (۲۰). تنوع ژنتیکی و قرابت خویشاوندی ۱۰ نمونه از گونه‌های دیپلوئید (AA) و تتراپلوئید (AABB) در انستیتو گیاه‌شناسی و منابع ژنتیکی آذربایجان ترکیه با استفاده از ۱۵ آغازگر RAPD بررسی گردید و در تجزیه کلاستر، گونه‌ها در دو گروه اصلی، گروه‌بندی شدند (۱۶). عبدالهی و همکاران (۱۳۸۲)، تنوع ژنتیکی ۲۸ رقم و لاین ایرانی گندم نان را با استفاده از تجزیه RAPD مورد مطالعه قرار دادند که دامنه ضریب تشابه از ۰/۴ تا ۰/۹۱ متغیر بود و تشابه ژنتیکی زیادی بین لاین‌ها دیده شد (۲). هم‌چنین طباطبایی و بوشهری (۱۳۸۰) ۱۶ رقم از ارقام ایرانی فوق را توسط مارکر AFLP بررسی نمودند و تنوع ژنتیکی پایی را بین آن‌ها گزارش کردند (۳). سفالیان و همکاران (۲۰۰۸)، تنوع ژنتیکی گندم‌های بومی شمال غرب ایران را با استفاده از ۳۹ نمونه و مارکر ISSR بررسی کردند، تجزیه‌ی خوشه‌ای نشان داد که تمام نمونه‌ها در فاصله ژنتیکی ۲۵ در یک گروه قرار گرفتند (۱۹). با توجه به وجود ارقام بومی گندم نان و خویشاوندان وحشی آن در ایران و اهمیت استفاده از آن‌ها در اصلاح گندم، هدف از انجام این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ نمونه از ژرم پلاسم گندم موجود در بانک ژن دانشکده کشاورزی کرج با استفاده از مارکر RAPD بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

۳۰ نمونه از ژرم پلاسم گندم، شامل گونه‌های دیپلوئید (AA: *T. boeoticum*) و (DD: *T. tauschii*)، تتراپلوئید (AABBDD: *T. aestivum*) و هگزاپلوئید (AABB: *T. turgidum*) که از نقاط مختلف ایران جمع‌آوری شده‌اند (جدول ۱)، در سال ۱۳۸۷ از کلکسیون دانشکده کشاورزی کرج دریافت و به آزمایشگاه مرکزی دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج)

^۱. Plant Genetic Resources (PGR).

^۲. Marker Assistant Selection (MAS)

شد. محصول واکنش همراه با نشانگر لدر در ژل آگاروز ۱/۵ درصد و بافر TAE به مدت ۲/۵ ساعت با ولتاژ ۸۰ ولت الکتروفورز شد و سپس ژل موجود در محلول اتیدیم بروماید به مدت ۳۰ دقیقه رنگ آمیزی و با استفاده از Gel doc (ساخت UVITEC انگلستان) عکس برداری گردید. تصاویر حاصل از ژلها با استفاده از نرم افزار UVIDocMW تجزیه و تحلیل و باندها بر اساس حضور و عدم حضور، به کد صفر و یک تبدیل شد و پس از انتقال داده ها به برنامه Excel، ماتریس تشابه توسط نرم افزار NTSYS, Ver.2.02e (۱۷) بر اساس ضریب تشابه جاکارد محاسبه و تجزیه خوشه ای با استفاده از زیرمنوی SAHN به روش میانگین حسابی غیر وزنی (UPGMA^۳) انجام و دندروگرام رسم گردید. به منظور استخراج حداکثر اطلاعات از داده های مارکری، می توان همراه با تجزیه کلاستر از تجزیه به مؤلفه های اصلی (PCA) و یا (PCoA) به ویژه زمانی که دو یا سه مؤلفه اول بیش از ۲۵٪ از کل واریانس را توجیه می نمایند، استفاده کرد (۱۱). لذا گروه بندی ژنوتیپها با استفاده از PCoA نیز انجام شد.

منتقل و در گلدان کشت گردیدند. نمونه برگ از گیاهان هفت روزه (۰/۲ گرم از هر نمونه گیاهی) برداشت و DNA آن ها به روش دلاپورتا و همکاران (۱۹۸۳) استخراج و کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از روش اسپکتروفتومتری (اندازه گیری جذب در طول موج های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر) با دستگاه اسپکترومتر Cintra 5 ساخت استرالیا تعیین گردید.

تجزیه RAPD

یازده آغازگر ۱۰ نوکلئوتیدی که پلی مورفیسم قابل توجهی را نشان دادند، از بین ۳۰ آغازگر انتخاب شد (جدول ۲). واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر حاوی ۱/۹ میلی مول $MgCl_2$ ، ۱/۶ میلی مول dNTP، ۱ واحد آنزیم تک پلی مرز و بافر PCR با غلظت ۱X (از شرکت سدیمان آزما)، آغازگر ۱۰ نوکلئوتیدی با غلظت ۰/۵ میکرومول و ۲۵ نانوگرم DNA الگو به علاوه آب دوبار تقطیر با اضافه نمودن ۲۵ میکرولیتر روغن معدنی تهیه شد. سپس PCR با برنامه حرارتی ۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی گراد و برای ۴۵ سیکل: ۱ دقیقه در ۹۲ درجه سانتی گراد، ۱ دقیقه در ۳۵ یا ۳۶ درجه سانتی گراد (با توجه به آغازگر) و ۲ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد، و در نهایت جهت بسط تکمیلی ۵ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام گرفت (۲۴). PCR توسط دستگاه ترموسایکلر (ساخت CORBET RESEARCH استرالیا) انجام

جدول ۱- نمونه گندم های مورد مطالعه. (* شماره داخل پرانتز، کد نمونه در کلکسیون است)

شماره ردیف	گونه	محل جمع	شماره ردیف	گونه	محل جمع آوری
۱	T.aestivum(7654-1)	کاشان	۱۶	durum(59)*	ایران
۲	T.aestivum(6546-3)	محلات	۱۷	durum(106)	ایران
۳	T.aestivum(2780-3)	قزوین	۱۸	durum(23)	ایران
۴	T.aestivum(6853-2.2)	ساوه	۱۹	Ae.tauschii(64)	ترکمستان
۵	T.aestivum(500-5.2)	تهران	۲۰	Ae.tauschii(51)	ایران
۶	T.aestivum(6834-1.1)	فومن	۲۱	Ae.tauschii(15)	ترکیه
۷	T.aestivum(6548-4.1)	اراک	۲۲	Ae.tauschii(19)	آذربایجان
۸	T.aestivum(7141-4.1)	گرگان	۲۳	Ae.tauschii(35)	ایران
۹	durum(51)	ایران	۲۴	Ae.tauschii(17)	تاجیکستان
۱۰	durum(18)	ایران	۲۵	Ae.tauschii(44)	تاجیکستان
۱۱	durum(27)	ایران	۲۶	T.boeoticum(3)	تتحرک
۱۲	durum(31)	ایران	۲۷	T.boeoticum(5)	فیروزآباد
۱۳	durum(34)	ایران	۲۸	T.boeoticum(48)	آذربایجان(سقز)
۱۴	durum(40)	ایران	۲۹	T.boeoticum(14)	الشتر
۱۵	durum(47)	ایران	۳۰	T.boeoticum(2)	کامیاران

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده و نتایج تجزیه RAPD.

نام*	توالی	تعداد کل باند تولید شده	تعداد مکان تکثیر شده	متوسط باند در مکان
A	5'-GGTCTCCTAG-3'	۵۹	۷	۸/۴
B	5'-GCGTCACAAG-3'	۵۸	۸	۷/۲۵
C	5'-CCGGCATAGA-3'	۸۳	۱۲	۶/۹
D	5'-TGGGCTCGCT-3'	۶۹	۱۱	۶/۲۷
E	5'-ACTTGTGCGG-3'	۷۴	۱۲	۶/۱۶
G	5'-CTGAGGAGTG-3'	۵۸	۱۰	۵/۸
H	5'-GGTCAACCCT-3'	۷۷	۹	۸/۵
I	5'-GCGGGAGACC-3'	۶۲	۱۱	۵/۶
J	5'-CCTCACCTGT-3'	۷۲	۸	۹
F	5'-CCCCTGACG-3'	۱۲۸	۶	۲۱/۳
UBC64	5'-GAGGGCGGGA-3'	۲۱۲	۱۱	۱۹/۲۷
	جمع کل	۹۵۳	۱۰۵	۹

*- آغازگرهای A-F ساخت شرکت سیناژن و آغازگر UBC64 ساخت (British Columbia University)

نتایج و بحث

آغازگرهای مورد استفاده در کل ۳۰ نمونه (ژنوتیپ)، ۹۵۳ باند تولید کردند که از ۱۰۵ مکان ژنی تکثیر شدند (جدول ۲). ۹۸ مکان از ۱۰۵ مکان دارای چندشکلی بودند (۹۳٪) از مکان‌ها چندشکلی نشان دادند) و محدوده اندازه باندهای به دست آمده بین ۲۹۰ تا ۲۱۰۰ جفت باز بود. آغازگر UBC64 بیشترین تعداد باند را تولید نمود و آغازگرهای A، B و G دارای کمترین باند بودند. به طور متوسط هر آغازگر ۹/۵ مکان را شناسایی و تکثیر نمود که آغازگرهای C و E تعداد مکان (آلل) بیشتری را نسبت به بقیه آغازگرها تکثیر کردند که نشان‌دهنده محتوای چندشکلی^۵ (PIC) و قدرت تفکیک ژنوتیپ‌ها توسط آن‌ها می‌باشد (۱). چون بین تعداد آلل، PIC و قدرت تفکیک، رابطه مستقیم وجود دارد (۱)، بنابراین می‌توان گفت آغازگرهای C، D، E، I و UBC64 بیشترین قابلیت تفکیک و بیان چندشکلی را در بین گونه‌ها و درون گونه‌های خویشاوند گندم داشته‌اند. تعداد باند در هر مکان در قدرت تفکیک و جداسازی افراد نیز مؤثر است، زیرا تعداد باند

در هر مکان نشان می‌دهد که یک مکان در چه تعداد از افراد تحت مطالعه تکثیر شده است. از بین باندهای تولید شده توسط آغازگرهای مختلف، دو باند اختصاصی با اوزان ۵۰۰bp و ۹۰۰bp دیده شد که فقط در نمونه‌های گونه *Ae. Tauschii* (DD) و توسط آغازگر F تولید شده‌اند (شکل ۱). تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و براساس ماتریس تشابه جاکارد انجام و محاسبه ضریب همبستگی کوفنتیک^۶ ($r_{coph} = 0.821 < 0.9$) نشان داد، الگوریتم UPGMA دارای کارایی بالا در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بوده و تطابق خوبی با ماتریس تشابه دارد (۱۱ و ۱۷). تجزیه خوشه‌ای نشان داد که میزان تشابه بین ۰/۹ برای نزدیک‌ترین افراد (دوروم ۱۸ و دوروم ۳۴) و ۰/۵ برای دورترین افراد (گندم نان "ساوه" و بوئتیکم "کامیاران") تغییر می‌نماید (شکل ۲) و این بیانگر تنوع ژنتیکی کم در بین گونه‌ها و درون گونه‌های گندم نان و خویشاوندان آن می‌باشد. تجزیه خوشه‌ای، گندم‌های مختلف را در تشابه ۰/۷ در چهار گروه قرار داد، بوئتیکم‌های متعلق به مناطق سقز، الشتر و کامیاران در گروه ۱، اجیلوپس‌ها و دو نمونه

⁶ Cophenetic correlation

⁵ Polymorphism Information Content

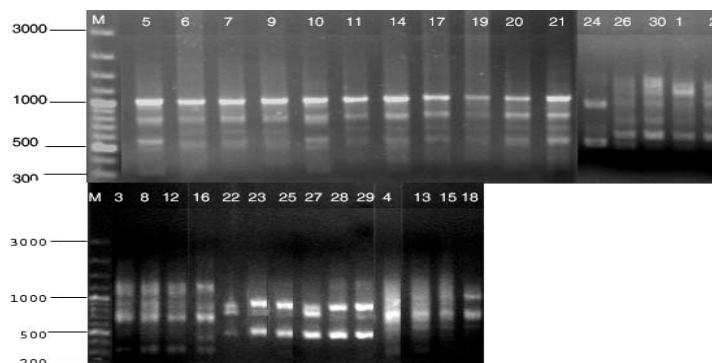
می‌گیرند که یک گروه شامل گندم‌های نان و دو عدد دوروم ۲۳ و ۴۷ بوده و بقیه در گروه دیگر قرار دارند و در تشابه کمتر از ۵۰٪ در یک گروه قرار می‌گیرند که حاکی از آن است که در درون و بین سایر گونه‌های خویشاوند گندم که در این پژوهش مطالعه شده‌اند، تنوع قابل توجهی مشاهده نشده است. از آنجا که ایران از مراکز تنوع گندم به‌شمار می‌رود (۱۳، ۲۲، ۸ و ۲۱)، انتظار می‌رفت که تنوع بین گونه‌ای بیشتری حاصل شود. شاید تنوع پایین به علت تعداد کم ژنوتیپ و آغازگر مورد استفاده باشد، لذا لازم است نمونه‌های بیشتری از گونه‌های وحشی خویشاوند گندم، مورد ارزیابی قرار گیرند.

گروه‌بندی نمونه‌ها بر اساس دو مؤلفه حاصل از تجزیه PCoA که دارای مقادیر ویژه بیش از یک بودند و در مجموع ۴۸/۵٪ از واریانس کل را توجیه کردند، انجام گرفت و نتایج به دست آمده مطابقت نسبی خوبی با نتایج تجزیه خوشه‌ای داشت (شکل ۴). فراوانی باند تولید شده در هر ژنوتیپ (شکل ۳)، همبستگی معنی‌داری با مؤلفه‌های اول و دوم حاصل از PCoA نشان داد و بیانگر این است که تعداد باند تولید شده در هر ژنوتیپ توسط آغازگرهای مختلف، در تفکیک و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها مؤثر است (جدول ۳).

در نهایت، نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که با توجه به ضرایب تشابه در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، تنوع ژنتیکی بین گونه‌ای و درون گونه‌ای قابل توجهی در گندم‌های بومی ایران و خویشاوندان وحشی آن‌ها به دست نیامد و گونه‌های گندم نان و دوروم از تنوع درون گونه‌ای پائین‌تر از بقیه برخوردار بودند. تنوع کم به دست آمده احتمالاً به علت کم بودن تعداد نمونه و تعداد آغازگر مورد استفاده در این بررسی می‌باشد. لذا اظهار نظر قطعی در این زمینه، نیازمند بررسی تعداد نمونه بیشتری از هر گونه، استفاده تعداد آغازگر بیشتر و همچنین استفاده از نشانگرهای دیگری مثل SSR که توان بیشتری در بروز تنوع ژنتیکی گندم دارد، می‌باشد (۲۰). چون ایران از مراکز تنوع گندم است (۱۳، ۲۲، ۸ و ۲۱) و انتظار می‌رود تنوع بیشتر از آنچه که در این پژوهش به دست آمده، در ژرم پلاسم گندم نان ایران وجود داشته باشد.

از بوئتیکم (تخرک و فیروزآباد) در گروه ۲، دوروم‌ها با شماره‌های ۱۸، ۳۴، ۲۷، ۳۱، ۵۱، ۱۰۶، ۴۰ و ۵۹ در گروه ۳ و گندم‌های نان و دوروم‌های ۲۳ و ۴۷ در گروه ۴، قرار گرفتند. با توجه به زیرگروه‌های مربوط به چهار گروه فوق، میزان تشابه گندم‌های نان از ۰/۸۷ تا ۰/۷۰ متغیر بود که نشان‌دهنده پایه ضعیف تنوع ژنتیکی در گندم‌های نان ایران است که با نتایج عبدالهی و همکاران (۱۳۸۲)، طباطبائی و بوشهری (۱۳۸۰) و سفالیان و همکاران (۲۰۰۸) مطابقت دارد (۲، ۳ و ۱۹). دوروم‌های ۱۸ و ۳۴ دارای ۹۰٪ تشابه می‌باشند که احتمالاً یک نوع می‌باشند. تجزیه خوشه‌ای، تنوع موجود در داخل گونه‌ها را به خوبی نشان می‌دهد. قرار گرفتن دوروم‌های ۴۷ و ۲۳ در گروه گندم نان، می‌تواند به دلیل وجود ژنوم‌های مشترک (A و B) در آن‌ها باشد و احتمالاً گندم‌های نان در ایران، ژنوم‌های A و B را از جد وحشی دوروم‌ها (*T. dicoccoids*) گرفته‌اند. چون توزیع جغرافیایی جد وحشی دوروم در جنوب شرق ترکیه، ایران و عراق گسترده است (۱۳)، بوئتیکم‌ها در تشابه بیش از ۰/۶۷ در دو گروه قرار گرفتند. دندروگرام نشان می‌دهد که بوئتیکم‌های سقز، الشتر و کامیاران شباهت ژنتیکی زیادی دارند و با تخرک و فیروزآباد متفاوتند که این نتیجه با نتایج نقوی و همکاران (۲۰۰۸) در خصوص تنوع ژنتیکی بوئتیکم‌های ایران با استفاده از مارکر SSR مطابقت دارد (۱۲). قرار گرفتن بوئتیکم‌های تخرک و فیروزآباد در گروه آجیلوپس‌ها با ژنوم (DD) نشان‌دهنده شباهت ژنتیکی ژنوم A و D در اثر وقوع موتاسیون‌های یکسان و احتمالاً تبادل ماده ژنتیکی بین آن‌ها از طریق اینترورگسیون و همبولگ^۷ بودن آن‌ها می‌باشد (۴ و ۱۰). به طور کلی دندروگرام نشان می‌دهد که در مطالعه حاضر، تنوع ژنتیکی اعم از بین گونه‌ای و درون گونه‌ای پایین است. البته در خصوص تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای هگزاپلوئید در مطالعه لاین‌ها و ارقام تجاری و بومی ایران، نتایج مشابهی توسط سایر محققان نیز گزارش شده (۲، ۳ و ۱۹) که نشان‌دهنده پایه ژنتیکی باریک در هگزاپلوئیدهای ایران است. بنابراین به نظر می‌رسد گسترش و توسعه پایه ژنتیکی گندم نان ضروری است. هم‌چنین در سطح تشابه ۰/۶۵ تمام ۳۰ نمونه در دو گروه قرار

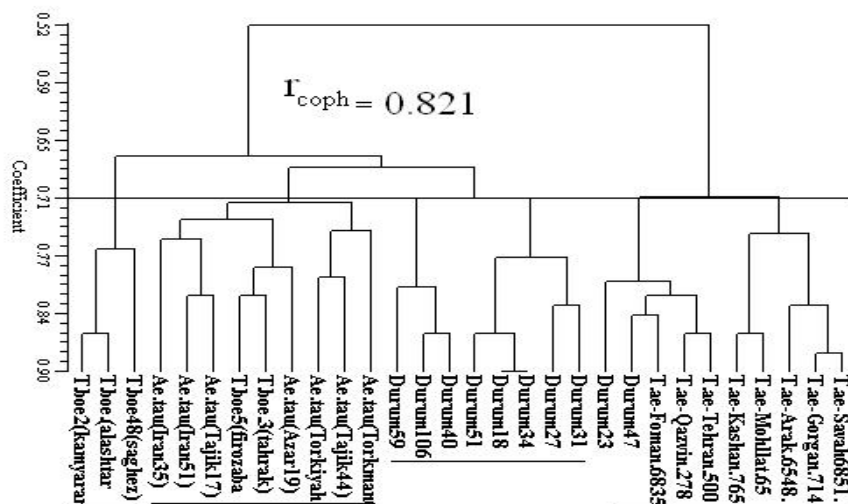
⁷ Homeologue



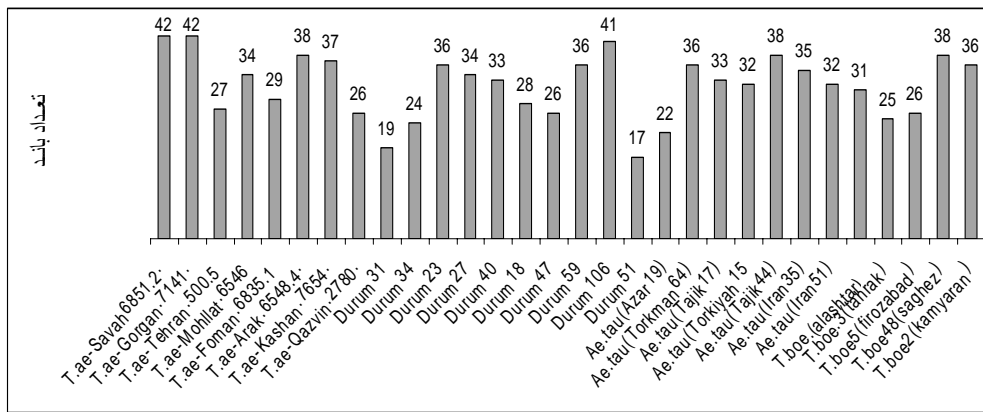
شکل ۱- الگوی بانندی نمونه‌های مورد مطالعه برای آغازگر F. شماره‌های ۲۲، ۲۳، ۲۵، ۲۷، ۲۸ و ۲۹ دیپلوئیدهای دارای ژنوم (DD) می‌باشند که باندهای ۵۰۰bp و ۹۰۰bp را نشان داده‌اند.

PC ₂	PC ₁	مؤلفه صفت
۰/۳۷۹*	۰/۴۲۷*	تعداد باند در هر ژنوتیپ

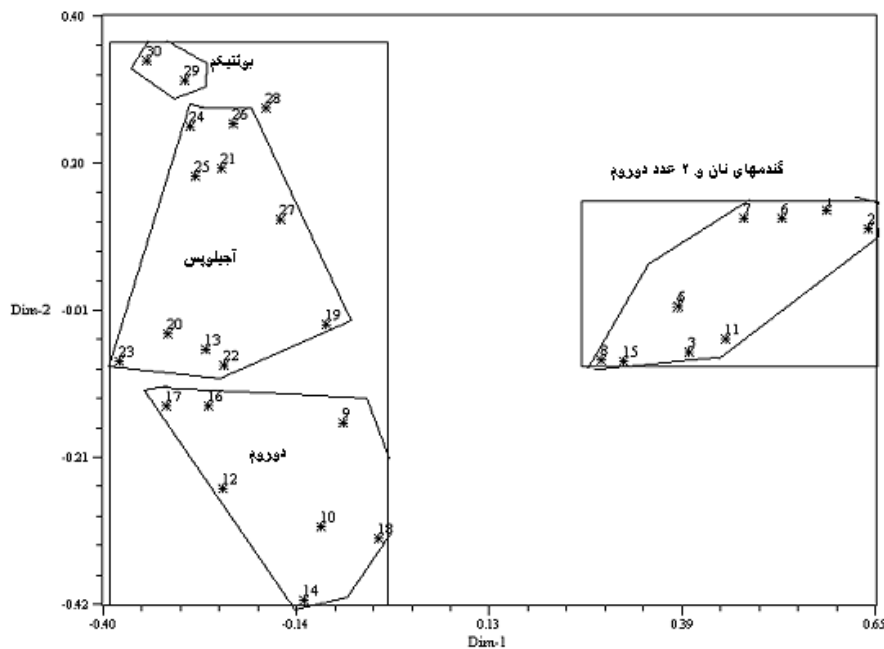
جدول ۳- همبستگی بین تعداد باند حاصل از تجزیه RAPD و مؤلفه‌های اصلی



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۳۰ ژنوتیپ به روش UPGMA و ضریب تشابه جاگرد.



شکل ۳- تعداد کل باندهای تولید شده در هر ژنوتیپ توسط ۱۱ آغازگر.



شکل ۴- گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ۲ مؤلفه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCoA). چند ضلعی‌ها نشان‌دهنده چهارگروه در تشابه ۰/۷ و مربع مستطیل‌ها نشان‌دهنده دو گروه در تشابه ۰/۶۵ می‌باشد که با گروه‌بندی حاصل از تجزیه کلاستر تقریباً مطابقت می‌کند. شماره‌های نمونه‌ها براساس جدول ۱ می‌باشد.

سپاسگذاری

هزینه انجام این پژوهش از طریق پژوهانه اختصاص یافته توسط معاونت محترم پژوهشی دانشگاه ولی عصر (عج) تامین گردید که بدین وسیله تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

- 13-Ozkan H, Brandolini A, Pozzi C, Effgen S, Wunder J and Salamini F (2005) A reconsideration of the domestication of tetraploid wheats. *Theor Appl Genet* 110: 1052-1060.
- 14-Palmova EF (1935). Introduction in wheats ecology. (Ogiz Selkhozgiz, Leningrad and Moscow). (In Russian).
- 15-Ramantha Rao V, Riley R (1994) The use of biotechnology for conservation and utilization of plant genetic resources. *Plant Genet Resour News* 97:3-20
- 16-Ramiz Tagi A, Mehraj AA, Alamdar CM (2007) Genetic identification of diploid and tetraploid wheat species with RAPD markers. *Turk J Biol* 31;173-180
- 17-Rohlf F J (1998) NTSYS-pc, Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.02. Exeter Software, New York
- 18-Santos Sm, Cruz L (1997) A rapid and sensitive detection of *Clavibacter michiganensis* subsp *michiganensis* in tomato seed by polymerase chain reaction. *Seed Sci. Technol.* 25;581-584
- 19-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. *International Journal of Agriculture & biology*, Vol.10, no.3:466-468
- 20-Strelchenko P, Street K, Mitrofanova O, Mackay M, Chabane K, Valkoun J (2003) The genetic relationships between hexaploid wheat landraces from different geographical origin. In 'Proc 10th Int Wheat Gen Symp. September 1-6, 2003, Paestum, Italy: vol 2, pp. 637-640
- 21-Vavilov NI (1926) Studies on the origin of cultivated plants. *Inst. Appl. Bot. Plant Breed*, Leningrad.
- 22-Vavilov NI (1964) World resources of cereals, legumes, flax cultivars and their utilization in breeding Wheat. (Nauka, Moscow and Leningrad). (In Russian).
- 23-Vornom B and Gebhardt K (1999) Application of cp DNA-and RAPD-markers in characterization of Clone Collections of wild Cherries and performance of micro propagated plus trees. In: Espinel S and Ritter E (eds). *Congress Application of biotechnology to forest genetics*. Vitoria-Gasteiz, pp 51-71
- 24-Williams JG, Kubelik AE, Livak KJ, Rafalski JA and Tingey SC (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*. 18; 6531-6535
- 1- رمضان‌ی، ا، حداد، ر، و مردی م (۱۳۸۶) تعیین تنوع ژنتیکی برخی ژنوتیپ‌های انگور ایرانی با استفاده از نشانگر ریزوماهواره، ژنتیک نوین، ش ۴: ۳۸-۳۱.
- ۲- عبدالمهدی مندولکانی ب، طباطبائی ب، بوشهری ع، قنادها م، و امید م (۱۳۸۲) مطالعه روابط خویشاوندی و تنوع ژنتیکی ارقام و لاین‌های گندم (*T. aestivum*) با نشانگر RAPD. علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۴. ش ۲: ۴۵۴-۴۴۷
- ۳- طباطبائی ب، و بوشهری ع (۱۳۸۰) ارزیابی تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم با نشانگرهای AFLP، علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۲، ش ۲: ۶۱۴-۶۰۷
- 4-Babcock EB (2001) Genetics and plant breeding, Agrobios (India). New Delhi, pp 478.
- 5-Demeke T, Adams RP and Chibbar R (1992) Potential taxonomic use of random amplified polymorphic DNA (RAPD): a case study in Brassica Thor. *Appl. Genet*: 84.990-994
- 6 -Dellaporta SL, Wood J, Hicks JB (1983) A plant DNA mini-preparation: *Plant Molecular Biology Reporter* 1:19
- 7-Hanif Z, Zahoor AS, Imtiaz Kh, Marwat KB, Sabz A and Ishfaq Khan M (2008) RAPD and SSR analysis of wild oats (*Avena* Species) from North west frontier province of Pakistan. *African journal of plant science*. Vol 2(11)133-139
- 8-Harlan JR and Zohary D (1966) Distribution of wild wheats and barley. *Sci*, 153:1074-1080
- 9-Kameswara Rao N (2004) Plant genetics resources: Advancing conservation and use through biotechnology. *African Journal of Biotechnology*. vol 3(2)136-145
- 10-Loupton FGH (1987) Wheat breeding, Chapman and Hall. London.
- 11-Mohammadi SA and Prasanna BM (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants-Silent statistical tools and considerations, *Crop. Science*, 43:1235-1248
- 12-Naghavi MR, Maleki M and Tabatabaei, SF (2008) Efficiency of floristic and molecular markers to determine diversity in Iranian populations of *T. boeoticum*. *International Journal of Biological and Life Sciences* 1:71-73.