ژنتیک نوین
دوره دهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۴
صفحه ۳۶۶-۳۵۹

کاوش ژن‌های پاکوتاهی در ارقام اصلاح شده گندم نان ایران

Detect of *dwarf* genes in commercial cultivars of bread wheat in Iran

میلاد حیدری[۱]، علی اکبر شاه نجات بوشهری*[۱]، سید علی پیغمبری[۱]، ولی اله محمدی[۱]

۱- دانشجوی سابق کارشناسی‌ارشد، استادان، دانشیار، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

Heydari M[1], Shahnejat Bushehri AA[*1], Peyghambari SA[1], Mohammadi V[1]

1. MSc Student, Professors, Associate Professor, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:ashah@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۳/۱/۱۷- تاریخ پذیرش: ۹۳/۳/۱۸)

چکیده

در دهه‌های گذشته ژن‌های پاکوتاهی مهم‌ترین نقش را در افزایش عملکرد گندم داشته‌اند. در این پژوهش ترکیب آللی سه ژن پاکوتاهی *Rht5*، *Rht8* و *Rht9* در ۱۵۰ رقم اصلاح شده گندم نان به کمک نشانگرهای اختصاصی بررسی شده و واکنش آنها به اسید جیبرلیک (GA_3) برای تشخیص آلل‌های *Rht1* و *Rht2* مطالعه شد. آلل پاکوتاهی *Rht9* با ۴۱/۵۶ درصد بیشترین و *Rht5* با ۲۷/۹۲ درصد کمترین فراوانی را در ارقام مورد مطالعه داشتند. حضور آلل-های پاکوتاهی در ارقام با منشاء خارجی نسبت به ارقام ایرانی بیشتر بود. نتایج نشان داد که برنامه‌های به‌نژادی ایران طی گذشت زمان به کاهش ارتفاع و افزایش تجمع آلل‌های پاکوتاهی منجر شده است. کاتالوگ ژنی تهیه شده در این پژوهش می‌تواند به‌نژادگران را در شناخت و انتخاب والدین مناسب برای تلاقی یاری کند.

واژه‌های کلیدی

پاکوتاهی
گندم نان
هورمون جیبرلین
DNA
Rht

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]

مقدمه

پاکوتاهی مهم‌ترین عامل افزایش عملکرد گندم در انقلاب سبز بوده‌است. پاکوتاهی در "انقلاب سبز" به خاطر شخم پذیری همراه با افزایش عملکرد، افزایش مقاومت به بیماری و کود پذیری صفت زراعی مطلوب بود (Li et al. 2010). از نظر واکنش به اسید جیبرلیک (GA_3) ژن‌های پاکوتاهی به دو دسته تقسیم می‌شوند: ژن‌های غیر حساس به اسید جیبرلیک مانند *Rht10*، *Rht3*، *Rht2* و *Rht1* و ژن‌های حساس به اسید جیبرلیک مانند *Rht6*، *Rht5*، *Rht4*، *Rht8*، *Rht7* و *Rht9* (Borner et al. 1987). آلل‌های مورد استفاده در انقلاب سبز غیر حساس به GA_3 (*Rht1* و *Rht2*) و دارای معایبی مثل قوه نامیه پایین و سرعت رشد اولیه کم بودند (Chen et al. 2013). *Rht1* و *Rht2* (که اخیرا به ترتیب *RhtB1-b* و *RhtD1-b* نامیده می‌شوند) باعث کاهش ارتفاع و افزایش تعداد دانه و عملکرد از طریق کاهش طول غلاف، طول برگ، سرعت توسعه سطح برگ و تجمع بیوماس در شرایط مناسب رشدی می‌شوند (به خصوص در کشت عمیق بذر) (Rebetzke et al. 2012). ژن‌های *Rht4*، *Rht5*، *Rht8*، *Rht12* و *Rht13* بدون آنکه تاثیری روی قوه نامیه بذر داشته باشند، ارتفاع را کاهش می‌دهند. ژن‌های کاهنده ارتفاع *Rht1* و *Rht2* عامل کلیدی در انقلاب سبز بوده و امروزه نیز این ژن‌ها جزء منابع اولیه پاکوتاهی در گندم محاسبه می‌شوند (Edward et al. 2013).

Rht-1 فاکتور رونویسی DELLA را کد می‌کند و تاثیر آن بر رشد گیاه و تحمل به تنش است (Edward et al. 2013). در گندم نان، *Rht-D1b* و *Rht-B1b* موجب مقاومت به بیماری فوزاریوم سنبله[1] می‌شود (Edward et al. 2013). مطالعات منسجم در زمینه پروتئومیکس، فیزیولوژی مولکولی و ژنتیک نشان می‌دهد که تجمع شبه پروتئین Cyclophilin و TaCYP20-2 منجر به افزایش پروتئین *Rht* و پاکوتاهی در جهش غیرحساس به GA_3 (GAID) در گندم می‌شود (Li A. et al.2010). جیبرلین‌های زیست فعال[2] GA، هورمون دیترپن[3] گیاهی است که در مسیرهای پیچیده زیستی ساخته می‌شود و شیب رشد و نمو را کنترل می‌کنند (Yamaguchi 2008). GA_3 با اتصال به بازدارنده ژن *GAMYB*، باعث فعال شدن ژن *GAMYB* شده که یک عامل رونویسی برای ژن آلفا آمیلاز می‌باشد. آلفا آمیلاز تولید شده بعد از خروج از سلول سبب تجزیه نشاسته و نهایتا تولید انرژی برای رشد بیشتر خواهد شد و گیاه ارتفاع بیشتری خواهد گرفت (Chebotar et al. 2012). برخی ژن‌های پاکوتاهی بر واکنش GA_3 اثر بازدارندگی دارند به طوری که تیمار گیاه با GA_3 موجب افزایش ارتفاع نمی‌شود. بنابراین می‌توان از آزمون GA_3 به عنوان یک روش تشخیص فیزیولوژیکی بهره برد. این روش به دلیل آسانی و عدم نیاز به تجهیزات پیچیده تا پیش از شناخت مطالعات ژنومیکسی به شکل گسترده مورد استفاده قرار می‌گرفت (Youssefian et al. 1992; Borner et al. 1997; Tang et al. 2009; Song et al. 2005). در مطالعه جمعیت RILهای حاصل از تلاقی W7984 (ITMI)×Opata85، با کمک ۵۴۰ جفت آغازگر SSR با تمرکز بر موتیف $[ATT/TAA]_n$ و افزودن کلاهک G-C به انتهای ´۵ آغازگرها به نقشه‌یابی گندم پرداختند. Dvojković et al. (2010) تنوع اللی *Rht8* را به کمک نشانگر ریزماهواره Xwgm261 در ۱۲۲ رقم گندم کرواسی و اروپا بررسی کردند. هدف از انجام این مطالعه بررسی واکنش ارقام گندم اصلاح شده ایران به تیمار جیبرلیک و شناسایی ترکیب آللی ژن‌های پاکوتاهی (*Rht*) در ارقام مذکور بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل ۱۵۰ رقم اصلاح شده ایرانی و خارجی گندم نان بوده که از سال ۱۳۰۹ تا سال ۱۳۹۰ معرفی شده و بذر این ارقام از بانک ژن پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شد (جدول۱). از این ژنوتیپ‌ها mv17، اترک، البرز، الجزیره ۴۸۲۰، اینیا ۶۶، آکوا، بزوستایا، پنجامو۶۲، تجن، ترتیکاله، توباری۶۶، توس، چاودار، چمران، داراب۲، دز، دوروم سیمینه، دوروم کرخه، دوروم یاواروس، رسول، زرین، شیرودی، فلات، کاوه، گلستان، مغان۱، مغان۲، مهدوی، ناز، نوید و نیک نژاد دارای منشا خارجی بودند.

آزمون جیبرلیک اسید (GA3)

به منظور اعمال تیمار جیبرلیک اسید، بذور ارقام گندم در

[1] Fusarium head blight
[2] Bioactive
[3] Deterpen

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]

جدول۱- اسامی ارقام گندم نان تجاری ایران مورد استفاده در این مطالعه

اسامی ارقام گندم نان تجاری ایران						
DN11	اینیا۶۶	پیشتاز	زاگرس	شیراز	کرج ۲	مغان۳
mv17	آذر	پیشگام	زرندی	شیرودی	کرج۳	مکزیپاک
آتیلا	آذر ۲	تجن	زرین	طبسی	کرخه	مهدوی
سومایی	آرتا	تریته	ساسا	عدل	کلات محلی	میلان
ورکینگ	آرژانتین	توباری	سایسون	عدل جدید	کلک افغانی	میهن
اترک	آزادی	توس	سبزواری	عطایی	کوس	ناز
ارگ	آکوا	چمران	سبلان	فروتنا	کوله	نوید
اروم	آند۱	چناب	سپاهان	فلات	کویر	نیشابور
اروند	باز	خزر۱	سرخ تخم	فونگ	گازرسنگ	نیک نژاد
اروند موتانت	بزوستایا	خلیج	سفیدک	قدس	گاسپارد	ورنر
اروند۱	بک کراس روشن	داراب	سومالی۳	قرمزک ورامین	گاسکوژن	وری ناک
استار	بک کراس روشن بهاره	داراب۲	سیستان	قفقاز	گلستان	هامون
استارک	بک کراس روشن زمستانه	دریا	سیمینه	کارون	گندم منطقه سرد	هشتدرخانی۱
استورک	بلوبوی	دز	سیوند	کاوه	A لاین	هشتدرخانی۲
افلاک	بم	دستجردی	شانگهای	کراس اروند	مارکویت	هشترودی
البرز	بولانی	دوغانک	شاهپسند	کراس البرز	مارون	هیرمند
الموت	بهار	دیهیم	شاهی	کراس امید	ماهوتی یزد	یازلق
الموت۱	بیات	رسول	سپاهان	کراس آزادی	مرمره	
الموت۲	بیستون	رشید	شعله	کراس بیات	مروارید	
الوند	پارسی	روشن	شواماله	کراس شادی	مرودشت	
امید	پنجامو	ریحانی	شهریار	کراس فلات هامون	مغان۱	
اینیا	پیتیک	زارع	شهریاز	کرج ۱	مغان۲	

گلدان کشت شده و سپس برای شکست خواب احتمالی و ایجاد همزمانی رشد بوته‌ها، گلدان‌ها به مدت ۴ روز در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند و پس از آن به مدت سه هفته به اتاقک رشد با دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد و دوره نوری ۱۶ ساعت روشنایی و ۸ ساعت تاریکی و رطوبت ۷۵ درصد منتقل شدند. آبیاری به طور منظم و هر چهار روز یکبار با آب مقطر انجام شد. هر رقم در چهار گلدان کشت شد که دو گلدان با هورمون جیبرلین ppm ۵۰ تیمار و دو گلدان دیگر با آب مقطر (شاهد) اسپورپاشی شد. اسپری جیبرلیک اسید (و آب مقطر برای گلدان-های شاهد) از زمان انتقال گلدان‌ها به اتاقک رشد تا پایان هفته سوم بطور منظم و هر دو روز یکبار انجام شد. برای اندازه‌گیری ارتفاع بوته و طول غلاف از هر گلدان سه نمونه برداشت شده و با خط کش اندازه‌گیری شد.

استخراج DNA و واکنش PCR

بذر ارقام در گلدان کشت شدند سپس در مرحله سه برگی، DNA آنها مطابق با روش (Saghai-Maroof et al. 1984) استخراج و کیفیت آن بر روی ژل آگارز یک درصد بررسی شد. برای تکثیر آلل‌های مختلف مکان‌های ژنی پاکوتاهی، از آغازگرهای توصیف شده توسط Ellis et al. (2005) و Korzun et al. (1998) استفاده شد (جدول ۲).

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز تکثیر در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر شامل یک میکرولیتر DNA با غلظت ۷۵ نانوگرم در هر میکرولیتر و یک واحد آنزیم Taq DNA Polymerase و غلظت نهایی 3 mM/µl برای $MgCl_2$ و 0.5 mM/µl برای dNTP و 0.5 pmol/µl برای هر کدام از آغازگرها در دستگاه ترموسایکلر Bio-Rad انجام شد. شرایط دمایی واکنش برای نمونه‌های تکثیریافته شامل یک چرخه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴۰ ثانیه، ۳۷ چرخه به ترتیب در دمای ۹۴ درجه به مدت ۳۰ ثانیه، در دمای ۵۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۰ ثانیه و سپس ۷۲ درجه به مدت ۵۰ ثانیه و یک چرخه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۲۰ ثانیه بود. فراورده PCR در ژل آگارز دو درصد الکتروفورز شد.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]

جدول ۲- نام و توالی آغازگرها بر پایه SSR استفاده شده در این مطالعه (Korzun et al. 1998; Ellis et al. 2005)

نام آغازگر	توالی (´۳- ´۵)
BARC102F	GGAGAGGACCTGCTAAAATCGAAGACA
BARC102R	GCGTTTACGGATCAGTGTTGGAGA
Xgwm261F	CTCCCTGTACGCCTAAGGC
Xgwm261R	CTCGCGCTACTAGCCATTG
BARC151F	TGAGGAAAATGTCTCTATAGCATCC
BARC151R	CGCATAAACACCTTCGCTCTTCCACTC

تجزیه واریانس داده‌های آزمون جیبرلیک اسید بر اساس طرح فاکتوریل با دو عامل هورمون و رقم در قالب طرح کاملا تصادفی صورت گرفت. مقایسه میانگین داده‌ها نیز با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن انجام شد. برای به دست آوردن درصد فراوانی ارقام و آلل‌ها تعداد هر کدام به تعداد کل ارقام تقسیم و درصد ضرب شد. به منظور بررسی روند تغییر ارتفاع و حضور آلل طی زمان از رابطه رگرسیون خطی بین زمان (سال معرفی ارقام) و ارتفاع و همچنین زمان و تعداد آلل استفاده شد. سال معرفی ارقام و ارتفاع آنها از منبع Saidi et al. (2005) استخراج شد. تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌فزارهای Excel 2013 و SAS 9.2 صورت گرفت.

نتایج و بحث

ارقام از نظر تیمار هورمون اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد نشان دادند (جدول ۳). عدم وجود اثر متقابل معنی‌دار بین رقم و هورمون بیانگر این مطلب بوده که تاثیر هورمون روی ارقام تقریبا یکسان بوده‌است. ارقام از نظر ارتفاع گیاهچه و طول غلاف اختلاف معنی‌داری (در سطح یک درصد) داشتند (جدول ۳). مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن نشان داد که ارقام آتیلا، آکوا، اروم، استورک، بهار، دوروم یاواریس، دیهیم، رشید، شاهپسند، شاهی، شواماله، طبسی، فروتنا، کراس بیات، گازرسنگ، مصنوعی ۴۰۷ و مهدوی بیشترین افزایش ارتفاع گیاهچه نسبت به شاهد (بدون هورمون) داشتند. از نظر طول غلاف نیز ارقام آتیلا، آذر ۲، آزادی، اروم، استورک، افلاک، اکبری، بهار، پارسی، تجن، دیهیم، سفیدک، شانگ‌های، عدل، قدس، کویر، گاسکوژن، نوید و نیک-نژاد بیشترین تغییر نسبت به شاهد را (در سطح یک درصد) نشان دادند.

جدول ۳- جدول تجزیه واریانس رقم و هورمون GA_3 و اثر متقابل آنها

	میانگین مربعات		
منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع گیاهچه	طول غلاف
رقم	۱۳۹	۸۷**	۲٫۸۳**
هورمون	۱	۱۴۶۵٫۱۱**	۱۰٫۳۸**
رقم در هورمون	۱۳۹	۲۳٫۵۴^{ns}	۰٫۵۲^{ns}
خطا	۲۸۰	۲۶٫۰۸	۰٫۶

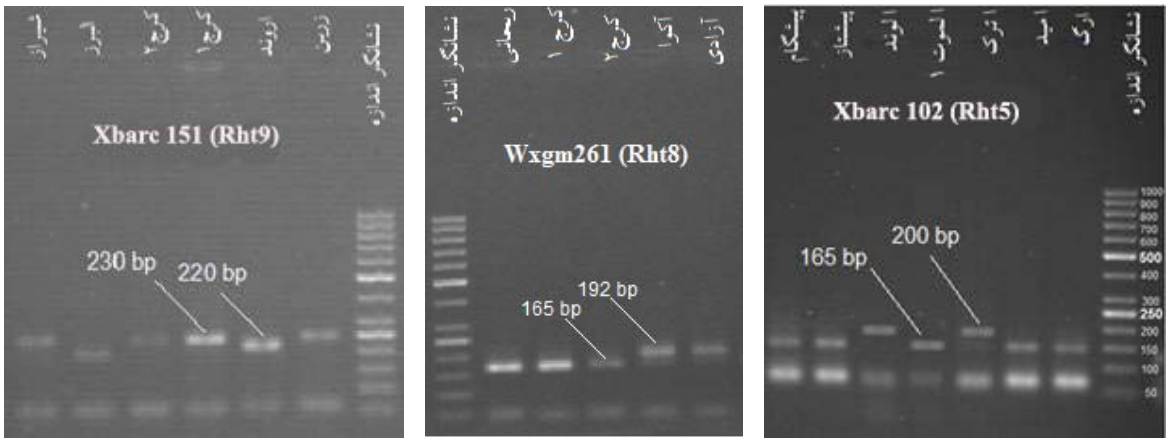
به نظر می‌رسد ارقام پاکوتاهی که به هورمون واکنش ندادند، دارای الل‌های پاکوتاهی غیرحساس به هورمون بوده و ارقام پاکوتاهی که به هورمون واکنش دادند، احتمالا دارای الل‌های پاکوتاهی حساس به هورمون می‌باشند. در بررسی مولکولی فقط از الل‌های *Rht9*, *Rht8*, *Rht5* به خاطر اهمیت بالاتر استفاده شد (Korzun et al. 1998; Ellis et al. 2005; Tang et al. 2009). گزارش‌ها حاکی از آن است که اثر هورمون علاوه بر افزایش ارتفاع باعث شدت بیماری پوسیدگی فوزاریومی طوقه می‌شود (Liu etal. 2010). از بین ژن‌های پا کوتاهی، ژن‌های *Rht5*, *Rht8* و *Rht9* مورد بررسی قرار گرفتند. این نشانگرها بر پایه SSR بودند. طبق مطالعات پیشین ثابت شده که این نشانگرها فوق‌العاده با ژن‌های پاکوتاهی پیوسته بوده تا جایی که به عنوان نشانگرهای تشخیصی بوده و در گزینش توسط نشانگر (MAS[1]) مورد استفاده قرار می‌گیرند (Korzun et al. 1998; Ellis et al. 2005; Song et al. 2005).

در این مطالعه مکان ژنی *Rht5* (با طول تکثیری ۲۰۰ جفت باز) توسط نشانگر Xbrac102 کاوش شد که الل پاکوتاهی *Rht5* از آلل *rht5* با طول ۱۶۵ جفت باز قابل تفکیک بود. الل *Rht5* با فراوانی ۲۷٫۹۲ درصد در ارقام زیر مشاهده شد: اترک، اروند، الوند، اینیا۶۶، آذر ۲، بزوستایا، بک کراس روشن بهاره، بولانی، بیات، پنجامو، چمران، چناب، داراب، داراب۲، سایسون، سبزواری، شواماله، عدل، عدل جدید، کارون، کراس شادی،

[1] Marker assistant selection

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]

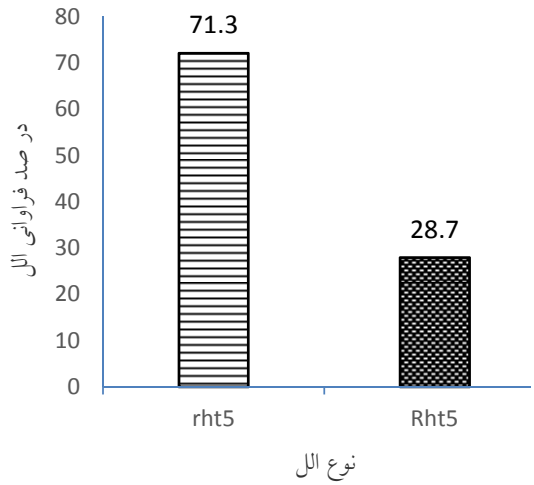
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]



شکل۱- تصویر سمت راست نمونه‌ای از محصول آغازگر Xbarc102 می‌باشد که باند 200 bp نشان‌دهنده حالت طبیعی و غالب *Rht5* و نشان‌دهنده آلل پاکوتاهی است که از *rht5* با اندازه 165 bp قابل تفکیک است. تصویر وسط محصول تکثیر آغازگر Wxgm261 می‌باشد که باند پاکوتاه غالب *Rht8* به طول 192 bp را از حالت *rht8* به طول 165 bp تفکیک می‌کند. تصویر سمت چپ محصول تکثیر آغازگر Xbarc151 می‌باشد که باند پاکوتاه غالب *Rht9* به طول 220 bp را از حالت *rht9* به طول 230 bp تفکیک می‌کند. این محصول با نشانگر اندازه Fermentas SM0372 برای شناسایی اندازه باندها مقایسه شد. رنگ آمیزی به کمک اتیدیوم برماید صورت پذیرفت (Ellis et al. 2005).

کراس فلات هامون، کرج ۱، کرج۳، کرخه، کلات محلی، کلک افغانی، کوله، گاسپارد، مارون، مرمره، مروارید، مغان۳، مکزیپاک، میلان، ناز، نوید، ورنر، وری ناک، هشتدرخانی۲، هشترودی (که فراوانی آن در شکل ۲ مشاهده می‌شود). Rebetzke et al. (2012) با مطالعه بر روی *Rht5* گزارش دادند که الل مذکور باعث کاهش ارتفاع بدون تاثیر بر روی قوه نامیه می‌شود.

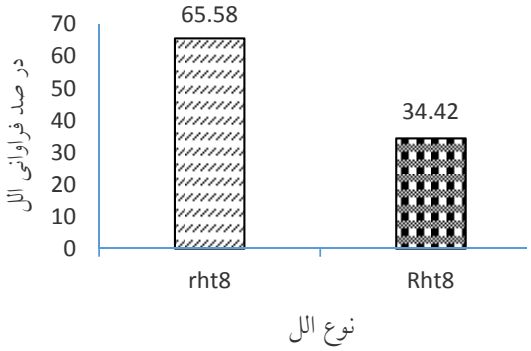
در این مطالعه مکان ژنی *Rht8* (با طول تکثیری ۱۹۲ جفت باز) توسط نشانگر Xgwm261 کاوش شد که الل پاکوتاهی *Rht8* از آلل *rht8* با طول ۱۶۵ و ۲۰۸ جفت باز تولید می‌کند قابل تفکیک بود. الل *Rht8* با فراوانی ۳۴٫۴۲ درصد در ارقام زیر مشاهده شد: اروم، اروند۱، البرز، الموت، الموت۱، آزادی، آکوا، باز، بک‌کراس روشن بهاره، بلوبوی، بهار، پنجامو، پیتیک، پیشگام، توباری، چاودار، دز، رسول، زارع، زاگرس، سبلان، سیوند، شانگهای، شاهپسند، شاهی، شوامالە، شهریار، شیراز، شیرودی، طبسی، عدل جدید، فروتنا، قدس، قفقاز، کراس بیات، کراس شادی، کراس فلات هامون، کرج۳، کرخه، کلک افغانی، کویر، گازرسنگ، گاسپارد، گندم منطقه سرد، ماهوتی یزد، مغان۱، مغان۲، میهن، ناز، نیک نژاد، هامون، هشترودی (که فراوانی آن در شکل ۳ مشاهده می‌شود).



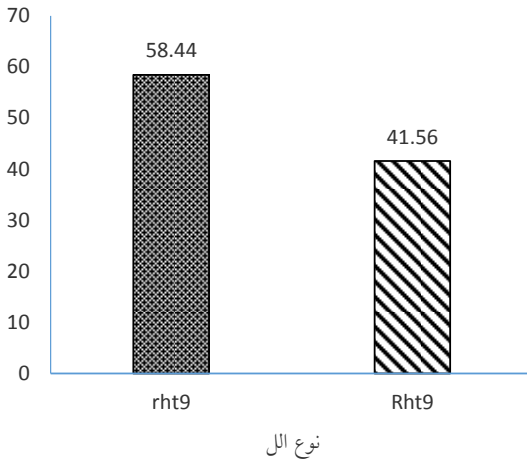
شکل ۲- درصد حضور الل *Rht5* در ارقام گندم نان ایرانی

با وجود تنوع در آلل *Rht8*، این آلل مستقل از ارتفاع بوده و با طول سلول هم اثر معنی‌داری نداشت (Botwright et al. 2005). در مطالعه Zhang et al. (2006) در ۲۲۰ ژنوتیپ پاییزه در چین فراوانی آلل *Rht8* حدود ۴۶٫۸ درصد گزارش شد که نشان می‌دهد فراوانی این آلل در نمونه‌های مورد بررسی ما و کشور چین مشابه بوده است.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]



شکل ۳- در صد الل حضور الل *RHT8* در ارقام گندم نان ایرانی



شکل ۴- درصد الل حضور الل *RHT9* در ارقام گندم نان ایرانی

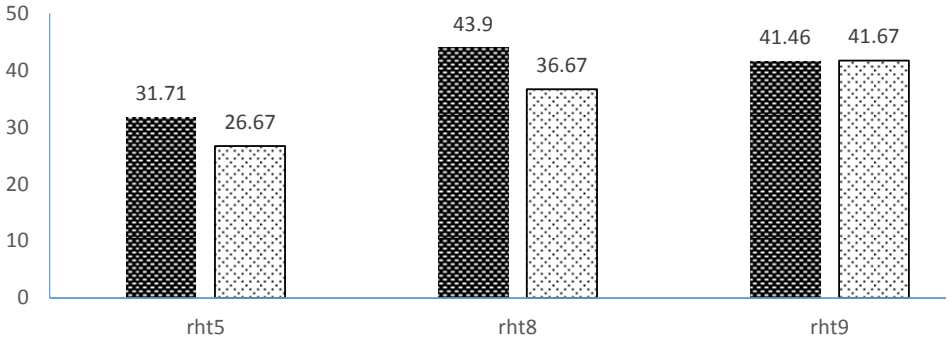
در این مطالعه مکان ژن *Rht9* (با طول تکثیری ۲۲۰ جفت باز) توسط نشانگرXbrac151 کاوش شد. الل پاکوتاهی *Rht9* از الل *rht9* با طول ۲۳۰ جفت باز قابل تفکیک بود. الل *Rht9* با فراوانی ۴۱٫۵۶ درصد در ارقام ذکر شده در زیر مشاهده شد: آتیلا، سومایی، اترک، ارگ، اروم، اروند، موتانت استارک، استورک، البرز، الموت۱، الموت۲، الوند، اینیا۶۶، آذر، آذر۲، آزادی، آند۱، بک کراس روشن، بک کراس روشن بهاره، بک کراس روشن زمستانه، بلوبوی، بولانی، بهار، بیستون، پارسی، پنجامو، پیتیک، پیشگام، تجن، تریته، چمران، چناب، خزر۱، داراب۲، دریا، ریحانی، زاگرس، ساسا، سپاهان، سرخ تخم، سفیدک، سیمینه، شاهپسند، عدل، عدل جدید، عطایی، قرمزک ورامین، کاوه، کراس بیات، کراس فلات هامون، کلات محلی، گاسپارد، لاین A، مارون، ماهوتی یزد، مرمره، مرودشت، مغان۱، مغان۳، ناز، ورنر، هشتدرخانی۲، هشترودی (که فراوانی آن در شکل ۴ مشاهده می‌شود).

به طور کلی حضور الل‌های پاکوتاهی در ارقام خارجی بیشتر از ارقام داخلی بود. بیشترین درصد حضور الل پاکوتاهی در ارقام داخلی از نوع *Rht9* و کمترین مربوط به *Rht5* بود. در ارقام خارجی بیشترین و کمترین الل‌های پاکوتاهی به ترتیب مربوط به *Rht8* و *Rht5* بود (شکل ۵).

روند تغییر ارتفاع در به‌نژادی گندم‌های تجاری نان ایران؛ با توجه به سال معرفی هر کدام از ارقام می‌توان روند تغییر و اصلاح ارقام تجاری گندم ایران را بررسی کرد (Saidi et al. 2005). نخستین ارقام اصلاح شده در ایران از میان ارقام بومی انتخاب شده بودند که ارتفاع بلندی داشتند اما به تدریج با ورود و معرفی ارقام جدید مخصوصا از مرکز سیمیت و ایکاردا از ارتفاع گندم‌ها کاسته شد. همان‌طور که در شکل۶ مشاهده می‌شود ارتفاع ارقام گندم امروزی با گذشت زمان کاهش یافته به طوری که در سال‌های اولیه ارقام پاکوتاه کمتر مورد توجه قرار گرفته و ارقام متوسط نیز بسیار کم بوده‌اند. اما با گذشت زمان به تعداد ارقام پاکوتاه و متوسط افزوده شده‌است. در اکثر کشورها پس از معرفی الل‌های پاکوتاهی کاهش ارتفاع پس از گذشت زمان مشاهده می‌شود.

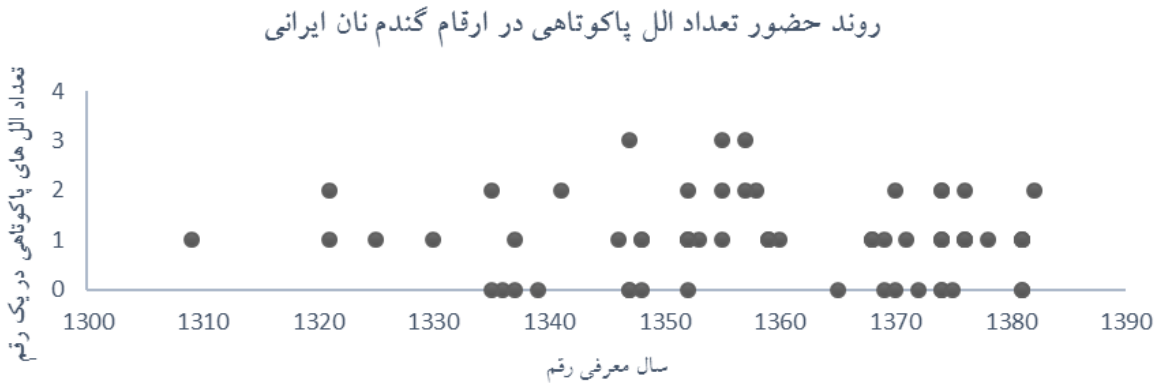
با توجه به روند تغییر فراوانی آلل‌های پاکوتاهی در به‌نژادی گندم‌های تجاری نان ایران و بر اساس الل‌های *Rht5*، *Rht8*، *Rht9* پیش‌بینی می‌شود که حضور این الل‌ها در ارقام اولیه بسیار نادر بوده اما پس از گذشت زمان و با ورود ارقام پاکوتاه خارجی فراوانی این الل‌ها افزایش یافته‌است (شکل ۷). پاکوتاه‌ترین ارقام و بیشترین حضور الل‌ها در بین سال‌های ۶۰-۱۳۴۰ مشاهده می‌شود. اکثر ارقام جدید نیمه پاکوتاه بوده که دارای یکی از ژن‌های پاکوتاهی هستند اما برخی ارقام هیچ یک از ژن‌های پاکوتاهی مطالعه شده در این تحقیق را نداشتند که ممکن است حاوی سایر ژن‌های پاکوتاهی باشند. بررسی فراوانی آلل‌های پاکوتاهی قبل و بعد از ۱۹۹۰ در ژنوتیپ‌های چینی نیز نشان داده که فراوانی *Rht8* طی مرور زمان تغییر نکرده ولی فراوانی *Rht1* و *Rht2* افزایش یافته‌است (Zhang et al. 2006)

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]



شکل۵- درصد حضور الل‌های پاکوتاهی *Rht5*، *Rht8*، *Rht9* می‌باشد که سمت چپ هر گروه درصد الل‌های مربوط در ارقام خارجی و سمت راست درصد الل‌های مربوط در ارقام داخلی است.

شکل۶- رابطه بین ارتفاع و سال معرفی ارقام گندم در ۶۵ رقم اصلاح شده ایران (انطباق از Saidi et al. 2005)



شکل ۷- روند حضور تعداد الل پاکوتاهی در ارقام گندم نان ایرانی در ۶۵ رقم اصلاح شده ایران (انطباق از Saidi et al. 2005)

برخی از ارقام مانند: آذر، مارون و عدل۱ حاوی چند ژن پاکوتاهی بوده که این می‌تواند به شکل عکس عمل کرده و عملکرد را نیز کاهش دهد. علی‌رغم کاهش ارتفاع در دهه‌های اخیر تجمع الل-های پاکوتاهی افزایش نیافته‌است. به شکل کلی گرایش به‌نژادی در ایران طی گذشت زمان به کاهش ارتفاع و افزایش تجمع الل-های پاکوتاهی منجر شده‌است.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]

منابع

Botwright TL, Rebetzke GJ, Condon AG, Richard AR (2005) Influence of the gibberellin-sensitive *rht8* dwarfing gene on leaf epidermal cell dimensions and early vigour in wheat (*Triticum aestivum* L.). Annals of Botany 95: 63-639

Chebotar GA, Chebotar SV, Sivolap YM (2012) Della mutations in plants with special emphasis on wheat. Вавиловский журнал генетики и Селекции 16:170-177.

Chen L, Phillips AL, Condon AG, Martin AJP, Yin-Gang H (2013) GA-responsive dwarfing gene *Rht12* affects the developmental and agronomic traits in common bread wheat. Public Library of Science 8: e62285.

Dvojković K, Šatović Z, Drezner G, Somers DJ, Lalić A, Novoselović D, Daniela H, Sonja M, Šarčević H (2010) Allelic variability of Croatian wheat cultivars at the microsatellite locus XGWM261. Izvorni znanstveni lanak. 16: 32-37

Edward P, Wilhelm I, Mackay J, Robert J, Saville A, Korolev V, Balfourier F, Greenland AJ, Boulton MI, Powell W (2013) Haplotype dictionary for the *Rht*-1 loci in wheat. Theoretical and Applied Genetics 126:1733-1747.

Ellis MH, Rebetzke GJ, Azanza F, Richards RA, Spielmeyer W (2005) Molecular mapping of gibberellin-responsive dwarfing genes in bread Wheat. Theoretical and Applied Genetics 111: 423-430.

KorzunV, Roder MS, Ganal MW, Worland AJ, Law CN (1998) Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Part I. Molecular mapping of *Rht8* on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 96: 1104-1109

Li A, Wenlong Y, Shengjun L, Dongcheng L, Xiaoli G, Jiazhu S, Aimin Z (2013) Molecular characterization of three GIBBERELLIN- INSENSITIVE DWARF1 homologous genes in hexaploid wheat. Journal of Plant Physiology 170:432-443.

Liu YX, Yang XM, Ma J, Wei YM, Zheng YL, Ma HX, Yao JB, Yan GJ, Wang YG, Manners JM, Liu CJ (2010) Plant Height Affects Fusarium Crown Rot Severity in Wheat. American Phytopathological Society 100:1276-81.

Rebetzke GJ, Ellis MH, Bonnett DG, Mickelson B, Condon AG, Richards RA (2012) Height reduction and agronomic performance for selected gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Field Crops Research 126:87-96.

Saghai-Maroof MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dymnamics. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 81:8014-8018.

Saidi A, Haghighi AA, Bakhtiar F, Mehravar MR, Nategh Z (2005)Characteristics of improved bread wheat, durum wheat, barley, triticale and rye cultivars released during 1930-2003. Ministry of Jihad e Agriculture (In Farsi).

Song QJ, Shi JR, Singh S, Fickus EW, Costa JM, Lewis J, Gill BS, Ward R, Cregan PB (2005) Development and mapping of microsatellite (SSR) markers in wheat. Theoretical and Applied Genetics (2005) 110: 550-560.

Tang N, Jiang Y, He B, Hu Y (2009) The Effects of Dwarfing Genes (*Rht-B1b, Rht-D1b*, and *Rht8*) with Different Sensitivity to GA3 on the Coleoptile Length and Plant Height of Wheat. Agricultural Sciences in China 8: 1028-1038.

Yamaguchi S (2008) Gibberellin metabolism and its regulation. Annual Review of Plant Biology RIKEN Plant Science Center, Yokohama, Japan 59:225-51.

Youssefian S, Kirby EJM, GAle MD (1992) Pleiotropic effects of the GA-insensitive *Rht* dwarfing genes in wheat. 2. Effects on leaf, stem, ear and floret growth. Field Crops Research 28:191-210.

Zhang X, Yang S, Zhou Y, He Z, Xia X (2006) Distribution of the *Rht-B1b* , *Rht-D1b* and *Rht8* reduced height genes in autumn-sown Chinese wheats detected by molecular markers. Euphytica 152:109-116.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-08-16]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.6.6]