Crop Biotech.
Autumn and Winter (2013) 5: 75-83

مجله علمی ـ پژوهشی زیست‌فناوری گیاهان زراعی
سال سوم، شماره پنجم، پائیز و زمستان ۱۳۹۲ (۸۳- ۷۵)

بررسی قرابت دو گندم پوشینه‌دار با گندم‌های تتراپلوئید و هگزاپلوئید

محسن اسماعیل‌زاده‌مقدم[۱]، فاطمه صمدی‌خوزانی[۲]، آقافخر میرلوحی[۳]* و بدرالدین ابراهیم سیدطباطبائی[۳]
۱، دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ۲، دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد رشته اصلاح نباتات دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان،
۳، استادان دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان.
(تاریخ دریافت: ۹۲/۱/۱۳- تاریخ تصویب: ۹۲/۷/۳۰)

Genetic Relationship among Two Hulled Wheats with Tetraploid and Hexaploid Wheats

M. Esmaeilzadeh Moghaddam[1], F. Samadi Khozani[2], A. Mirlohi[3]* and B.E. Sayed Tabatabaie[3]
1, Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran, 2, M.Sc. of Plant Breeding, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran, 3, Professor, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
(Received: Apr. 2, 2013 - Accepted: Aug. 21, 2013)

چکیده

گندم‌های پوشینه‌دار جزء نخستین گندم‌های اهلی‌شده هستند. این گندم‌ها دارای صفات مطلوب زراعی از قبیل تحمل به تنش‌های غیرزنده و زنده ،کمیت و کیفیت پروتئین دانه بالا و تجمع مواد ریزمغذی هستند که لازم است جهت استفاده از پتانسیل موجود در آن‌ها برای به نژادی گندم، رابطه قرابتی آن‌ها با سایرگندم‌ها تعیین شود. در این مطالعه جهت بررسی ارتباط دو ژنوتیپ گندم تتراپلوئید پوشینه‌دار زرنه و جونقان که از مناطقی در استان چهارمحال و بختیاری جمع‌آوری شده بودند با ۲۸ ژنوتیپ دیگر با سطوح پلوئیدی متفاوت از ۱۷ جفت آغازگر SSR مربوط به ژنوم A و B گندم استفاده شد. ۱۷ جفت آغازگر به‌کار رفته در این مطالعه، چندشکلی مناسبی از ۲ تا ۱۱ آلل نشان دادند و متوسط ارزش PIC، ۰/۵۳ بود. میانگین هتروزیگوسیتی بالا، تعداد آلل مشاهده‌شده زیاد و متوسط PIC بالا برای کلیه مکان‌های ژنی نشان‌دهنده چندشکلی بالای ایجادشده برای تفکیک ژنوتیپ‌ها بود. بر روی درخت فیلوژنی ترسیم‌شده دو ژنوتیپ پوشینه‌دار زرنه و جونقان به همراه دو ژنوتیپ *T. dicoccoides* در یک گروه قرار گرفتند و یک ژنوتیپ *T. dicoccum* که فرم اهلی شده *T. dicoccoides* است، در فاصله کمی از این گروه قرار گرفت. سه ژنوتیپ گندم دوروم در فاصله دورتری از *T. dicoccum* قرار گرفتند. با توجه به دندروگرام به‌دست آمده از این بررسی به نظر می‌رسد که دو ژنوتیپ تتراپلوئید پوشینه‌دار، زرنه و جونقان دارای روابط ژنتیکی نزدیکی با *T. dicoccoides* هستند.

واژه های کلیدی: گندم پوشینه‌دار، رابطه قرابتی، آغازگر SSR

Abstract

Hulled wheats are among the earliest domesticated Triticeae. They possess many important agronomic traits such as tolerance to biotic and abiotic stresses , higher grain protein quality and quantity, and higher micronutrients concentration. These characteristics has made hulled wheat a useful germplasm resource and highly valuable in wheat breeding programs. Hulled wheats are found in different regions of Iran but their genetic potential is not exploited owing to lack of genomic information. In this research, two hulled wheat accessions (Zarne and Jonghan) collected from farmers field in two distantly located villages in the Chehar-Mahal Bakhtiari province with other 28 diploid, tetraploid and hexaploid wheat genotypes were studied using seventeen Simple Sequence Repeats (SSR) primers. The SSR markers used were related to the A and B genomes of wheat and generated between 2 to 11 alleles per locus with the average polymorphism information content (PIC) of 0.53 per locus. The high value of PIC showed that a high level of polymorphism was present for accessions classification. The dendrogram derived from SSR data clustered two accessions of hulled wheat (Zarne and Jonghan) with two *T. dicoccoides* (wild emmer) in a single group, while *T. dicoccum* (domesticated emmer) appeared in a distantly related class. The three *T. durum* (free-threshing) were placed in a separate cluster, distant from *T. dicoccum*. These results showed that Zarne and Jonghan genotypes have closer affinity to *T. dicoccoides* than *T. dicoccum* genotypes.

Keywords: Hulled wheat, PIC, SSR primer

* نویسنده مسئول: آقافخر میرلوحی
E-mail: mirlohi@cc.iut.ac.ir

مقدمه

گونه‌های گندم‌های پوشینه‌دار به‌عنوان پلی بین گندم وحشی و زراعی محسوب می شوند (Nesbit and Sammael, 1995). این گندم‌ها از جمله اولین گیاهانی هستند که اهلی شده و غذای بشر برای هزاران سال عمدتاً از آن‌ها تأمین می‌شده است (Pagnotta *et al.*,2005). اهلی شدن گندم بدنبال موتاسیون برخی صفات شامل گلوم‌های نرم، محور سنبله غیرشکننده و بدون پوشینه‌بودن دانه صورت گرفته است (Simons, *et al.*,2006). گندم‌های پوشینه‌دار سطوح پلوئیدی متفاوتی داشته به‌طوری که گندم‌های اینکُرن[1] دیپلوئید، ایمر[2] تتراپلوئید واسپلت[3] هگزاپلوئید هستند.

در سال‌های اخیر و به دلایل زیر واریته‌های محلی گندم ایمر مورد توجه قرار گرفته‌اند.

– افزایش تمایل مردم به تولیدات زیستی و طبیعی (Pagnotta *et.al.*,2005) و احیاء غذاهای سنتی (Teklu *et al.*, 2007)

– نیازبه تنوع ژنتیکی برای برنامه های به‌نژادی گندم و ضرورت حفظ منابع ژنتیکی (Barcaccia, 2002)

– سازگاری بالای گندم‌های ایمر به خاک‌های فقیر، کم بازده و با مدیریت‌های زراعی ضعیف‌تر (D'Autuono, 1989).

– بهره‌برداری جهت درمان بیماری‌های انسانی شامل: کاهش: کلسترول بالای خون و درمان آلرژی (Pagnotta *et.al.*,2005).

– وجود پتانسیل ژنتیکی برای حصول تولیدات جدیدتر با قابلیت هضم بالا و غیرسمی از جمله برای بیماری Coeliac (Pfluger *et al.*, 2001).

– محتوای پروتئینی بالاتر و سهولت هضم‌شدن نشاسته (Teklu *et al.*,2007). محتوای پروتئین دانه ایمر در حدود ۲۱/۵-۸/۵ ٪ بوده که ۵-۳/۵ درصد بالاتر از یولاف و جو می‌باشد (Stallknecht, 1996).

– وجود تنوع آللی بالا برای پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر (گلوتنین و گلیادین) (Pfluger *et. al.*, 2001).

– وجود تحمل به بیماری‌های مهم شامل: زنگ‌ها و سفیدک پودری (Vaviolov, 1931).

مطالعات ژنتیکی نشان می‌دهد که احتمالاً چندین روند تکاملی در تغییر گندم‌های پوشینه‌دار به نوع بدون پوشینه وجود داشته است که می‌توان به وجود یک سیستم پلی‌ژنیک و فاکتور Q اشاره داشت. فاکتور Q که بر روی بازوی بلند کروموزوم 5A قرار دارد، در صورتی که به صورت همی‌زیگوت، مونوسومیک یا نولی‌سومیک برای کروموزوم 5A باشد، سنبله بلندتر و سست، محور سنبله شکننده و گلوم چسبنده و محکم است (MacKey, 1966).

عامل دیگر که در قابلیت خرمن کوبی گندم مؤثر است به ژنوم D مربوط می‌شود (Kerber and Dyck, 1969). مطالعات سیتوژنتیکی نشان می‌دهد ژن Tg با غالبیت جزئی برای گلوم‌های چسبنده، بر روی کروموزوم 2D قراردارد (Kerber and Rowland, 1974). وجودآلل مغلوب tg به علاوه آلل Q برای بیان صفت سهولت در کوبیدن ضروری است (Simonetti *et al.*, 1999). برای نگهداری و استفاده از منابع ژنتیکی ایمر، بررسی تنوع ژنتیکی درونی و ارتباط ژنتیکی بین جمعیت‌ها در نواحی جغرافیایی مختلف بسیار سودمند می‌باشد (Barcaccia, 2002).

گندم ایمر، جمعیت پایه‌ای است که ژنوتیپ‌های اولیه گندم دوروم از آن به‌دست آمده‌اند، بنابراین این گندم می‌تواند یک منبع ژنتیکی برای گندم دوروم به‌شمار آید. بزرگترین اختلاف ظاهری بین ایمر و دوروم به عدم وجود پوشینه در گندم دوروم مربوط بوده که توسط فاکتور Q کنترل می‌شود (Figliuolo and Perrino, 2004). اُزکان و همکاران (Ozkan *et al.*,2002) نشان داده اند که ایمر پوشینه‌دار و *T. durum* (بدون پوشینه)، به به‌طور جداگانه بر روی درخت فیلوژنتیک[4] دسته‌بندی می‌شوند. همچنین در مطالعه اُزکان (Ozkan, 2005) نشان داده شد که واریته‌های بومی *T. dicoccum* نزدیک‌تر از گندم دوروم به لاین‌های وحشی ایمر می‌باشند. داشتن برآوردی از قرابت ژنتیکی بین واریته‌ها در هر برنامه اصلاحی ضروری است، زیرا تلاقی‌های مصنوعی بین والدین با شباهت کمتر، تفرق بیشتر و ترکیب آللی مطلوب‌تر را فراهم می‌نماید (Bered *et al.*, 2002). تشابه ژنتیکی یا فاصله ژنتیکی بین ارقام برای انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد (Frei *et al.*, 1996). هدف از این بررسی تعیین قرابت ژنتیکی دو گندم پوشینه‌دار جمع‌آوری شده از مناطق روستایی چهارمحال و بختیاری و تعدادی از ژنوتیپ‌های دی، تترا و هگزاپلوئید گندم با استفاده از نشانگر SSR بوده است.

1. Einkorn
2. Emmer
3. Spelt
4. Phylogenetic

مواد و روش‌ها

در تیرماه ۱۳۸۶، ۳۰ ژنوتیپ گندم شامل دو ژنوتیپ تتراپلوئید پوشینه‌دار زرنه و جونقان که از مناطقی در استان چهارمحال و بختیاری جمع‌آوری شده بودند و ۲۸ ژنوتیپ دیگر با سطوح پلوئیدی متفاوت که اسامی آن‌ها در جدول ۱ درج گردیده است، داخل گلدان‌هایی در گلخانه کشت گردیدند. در مرحله ۴-۳ برگی، نمونه‌گیری از برگ گیاهچه‌ها برای استخراج DNA انجام شد. استخراج DNA ژنومی با روش دلاپورتا و همکاران (1983) انجام گرفت. از دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز بر روی ژل آگارز برای تعیین کمیت و کیفیت DNA نمونه‌ها استفاده شد. از ۱۷ آغازگر ریز ماهواره موجود در ژنوم AوB گندم از سری آغازگرهای رادر و همکاران (1998) با نام *Xgwm* مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۲).

فرآیند PCR مطابق برنامه مندرج در جدول ۳ انجام شد. با تکمیل مراحل PCR نمونه‌ها بلافاصله از دستگاه خارج و تا انجام عملیات الکتروفورز در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. با توجه به اندازه قطعات تکثیری از ژل پلی‌اکریل آمید غیرواسرشت‌ساز ۸ درصد و ۱۲ درصد استفاده شد.

جدول ۱- سطح پلوئیدی و محل جمع‌آوری گونه‌های مورداستفاده در این مطالعه

شماره	شماره ژنوتیپ	گونه	محل جمع‌آوری	سطح پلوئیدی
1	2	*T. oriental*	ارومیه	4X
2	4	*T. turgidum*	مغان	4X
3	5	*T. spelta*	خرم آباد	6X
4	6	*T. oriental*	خرم آباد	4X
5	7	*T. polonicum*	مغان	4X
6	9	*T. turgidum*	-	4X
7	10	*T. compactum*	-	6X
8	12	*T. spelta*	-	6X
9	13	*T. polonicum*	-	4X
10	14	*T. persicum*	قزوین	4X
11	15	*T. monococcum*	قزوین	2X
12	16	*T. dicoccum*	قزوین	4X
13	17	*T. persicum*	کرج	4X
14	18	*T. persicum*	-	4X
15	19	*T. turgidum*	-	4X
16	20	*T. oriental*	سبزوار	4X
17	21	*T. compactum*	-	6X
18	23	*T. dicoccoides*	-	4X
19	25	*T. dicoccoides*	کرمانشاه	4X
20	28	*T. monococcum*	آذربایجان غربی	2X
21	29	*T. boeoticum*	خرم آباد	2X
22	30	*chiness spiring*	-	6X
23	31	*T. Durum* (Shwa)	-	4X
24	32	*T. durum* (Arya)	-	4X
25	33	*T. durum* (Karkeh)	-	4X
26	34	Jonghan	چهار محال بختیاری	4X
27	35	Zarneh	چهار محال بختیاری	4X
28	36	*T. aestivum* (Gods)	-	6X
29	37	US (Syn. Tetra)	-	4X
30	38	US (Syn. Hexa)	-	6X

به‌منظور تجزیه و تحلیل داده‌ها وجود و عدم‌وجود باندها با اعداد یک و صفر برای هر رقم مشخص شد، داده‌های گم‌شده با عدد ۹ رتبه‌دهی گردید. با استفاده از نرم‌افزار NTYSYS به کمک ضریب تشابه جاکارد و روش UPGMA[1] درخت فیلوژنتیک رسم گردید.

1. Unweighted Paired Group Method Average

نتایج و بحث

از مجموع ۲۱ جفت آغازگر استفاده شده در این تحقیق، تعداد ۱۷ جفت آغازگر توانستند به‌خوبی در ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی تکثیر شده و چندشکلی مناسبی را نشان دادند. چهار جفت آغازگر شامل Xgwm ۳۸۲ ، Xgwm ۳۶۸، Xgwm ۳۶۹ و Xgwm ۲۱۹، به‌علت عدم تکثیر یا تولید تعداد زیاد باندهای اضافی از ادامه مطالعه حذف گردیدند. ۱۷ جفت آغازگر دیگر، چند شکلی مناسبی از ۲ تا ۱۱ آلل نشان دادند. متوسط تعداد آلل در هر مکان ژنی ۴/۳۶ بود. تعداد آلل‌های تکثیرشده از مکان‌های ژنی، تـأثیر مستقیمی بر میزان هتروزیگوستی، فراوانی ژنوتیپی و محتوای اطلاعات چندشکلی آن ریزماهواره دارد. با افزایش تعداد آلل تکثیرشده در یک مکان، میزان اطلاع‌رسانی آن مکان برای تعیین تنوع و ارتباط ارقام افزایش می‌یابد (Bahar et al., 2006). بارکاکسیا و همکاران (Barcaccia, et. al., 2002) ۱۱ واریته محلی گندم ایمر از مرکز و جنوب ایتالیا را به‌وسیله ۱۷ مارکر RAPD مورد بررسی قرار داده و به‌طور متوسط ۴/۲۵ آلل را برای هر پرایمر را گزارش کردند.

میانگین هتروزیگوسیتی موردانتظار برای ۱۷ جفت آغازگر SSR، ۰/۵۸۹ و میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده دامنه‌ای بین ۱-۰/۰۴ داشت و میانگین آن ۰/۶۴۷ برآورد گردید. متوسط ارزش PIC، ۰/۵۳ بود که بالاترین آن به جفت آغازگر Xgwm۵۷۰ (۰/۸۵) و کمترین آن به جفت آغازگر Xgwm۱۳۵ (۰/۲۵) اختصاص داشت. شکل ۱ الگوی باندی حاصل از جفت آغازگر Xgwm ۱۳۵را نشان می‌دهد. وجودPIC بالا در جفت آغازگر Xgwm۵۷۰ نشان‌دهنده تعداد آلل زیادتر، چند شکلی بالاتر و کارایی بیشتر آن در تفکیک ژنوتیپ‌ها می‌باشد. در این مطالعه، میانگین هتروزیگوسیتی بالا، تعداد آلل مشاهده‌شده زیاد و متوسط PIC بالا برای کلیه مکان‌های ژنی نشان‌دهنده چندشکلی بالای ایجاد شده برای تفکیک ژنوتیپ‌ها بود.

تجزیه و تحلیل چندمتغیره

دندروگرام تجزیه خوشه‌ای و قطع محور تشابه در محل ۰/۴۵ موجب گردید تا دندروگرام حاصل، ژنوتیپ‌های گندم را در ۹ دسته و ۴ ژنوتیپ مستقل قرار داد:

گروه یک شامل دو ژنوتیپ پوشینه‌دار زرنه و جونقان و دو ژنوتیپ *T. dicoccoides* بود. در گروه دوم دو ژنوتیپ *T. oriental*، دو ژنوتیپ *T. polonicum* و یک ژنوتیپ *T. turgidum* قرار داشت. پس از این گروه، یک ژنوتیپ مستقل *T. turgidum* قرار گرفت.

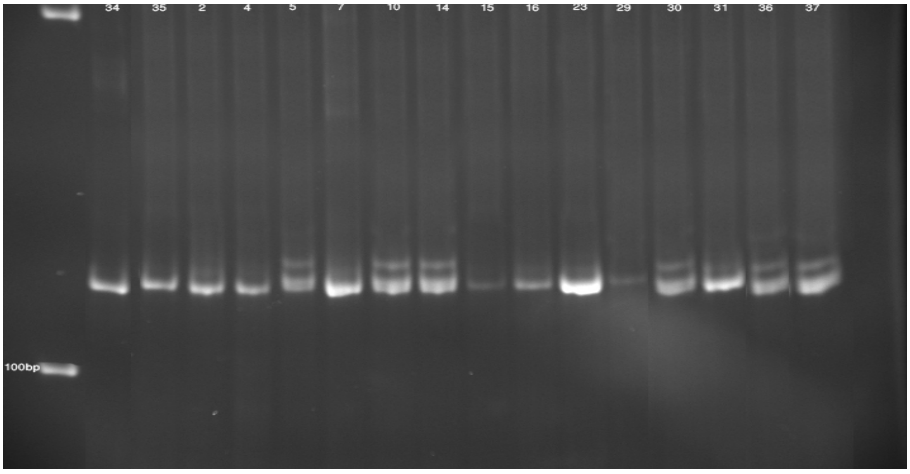
گروه سوم شامل ژنوتیپ تتراپلوئید مصنوعی US و یک ژنوتیپ *T. compactum* بود. در گروه چهارم یک ژنوتیپ *T. dicoccum* و ژنوتیپ هگزاپلوئید مصنوعی US قرار داشت. ژنوتیپ مستقل *T. turgidum* پس از این گروه قرار گرفت. گروه پنجم دو ژنوتیپ *T. spelta* و یک ژنوتیپ *T. aestivum* را به خود اختصاص داد و پس از آن یک ژنوتیپ گندم چینی بهاره و یک ژنوتیپ *T. persicum* به‌صورت مجزا از دیگر ژنوتیپ‌ها قرار داشتند. در گروه ششم دو ژنوتیپ به‌ترتیب از گونه‌های *T. compactum* و *T. oriental* قرارگرفتند. درگروه هفتم دو ژنوتیپ *T. persicum* وجود داشت. در گروه هشتم سه ژنوتیپ گندم دوروم قرار گرفته بود و بالاخره در گروه نهم دو ژنوتیپ *T. monococcum* و یک ژنوتیپ *T. boeoticum* قرار داشتند.

جدول ۲- اسامی و توالی جفت آغازگرهای SSR استفاده شده

ردیف	نام پرایمر	مکان کروموزومی	پرایمر چپ	پرایمر راست
1	*Xgwm*135	1A	TGT CAA CAT CGT TTT GAA AAG G	ACA CTG TCA ACC TGG CAA TG
2	*Xgwm*372	2A	AAT AGA GCC CTG GGA CTG GG	GAA GGA CGA CAT TCC ACC TG
3	*Xgwm*614	2A	GAT CAC ATG CAT GCG TCA TG	TTT TAC CGT TCC GGC CTT
4	*Xgwm*71.2	2A	GGC AGA GCA GCG AGA CTC	CAA GTG GAG CAT TAG GTA CAC G
5	*Xgwm*304	5A	AGG AAA CAG AAA TAT CGC GG	AGG ACT GTG GGG AAT GAA TG
6	*Xgwm*570	6A	TCG CCT TTT ACA GTC GGC	ATG GGT AGC TGA GAG CCA AA
7	*Xgwm*276	7A	ATT TGC CTG AAG AAA ATA TT	AAT TTC ACT GCA TAC ACA AG
8	*Xgwm*60	7A	TGT CCT ACA CGG ACC ACG T	GCA TTG ACA GAT GCA CAC G
9	*Xgwm*550	1B	CCC ACA AGA ACC TTT GAA GA	CAT TGT GTG TGC AAG GCA C
10	*Xgwm*148	2B	GTG AGG CAG CAA GAG AGA AA	CAA AGC TTG ACT CAG ACC AAA
11	*Xgwm*493	3B	TTC CCA TAA CTA AAA CCG CG	GGA ACA TCA TTT CTG GAC TTT G
12	*Xgwm*499	5B	ACT TGT ATG CTC CAT TGA TTG G	GGG GAG TGG AAA CTG CAT AA
13	*Xgwm*518	6B	AAT CAC AAC AAG GCG TGA CA	CAG GGT GGT GCA TGC AT
14	*Xgwm*132	6B	TAC CAA ATC GAA ACA CAT CAG G	CAT ATC AAG GTC TCC TTC CCC
15	*Xgwm*537	7B	ACA TAA TGC TTC CTG TGC ACC	GCC ACT TTT GTG TCG TTC CT
16	*Xgwm*46	7B	GCA CGT GAA TGG ATT GGA C	TGA CCC AAT AGT GGT GGT CA
17	*Xgwm*160	4A	TTC AAT TCA GTC TTG GCT TGG	CTG CAG GAA AAA AAG TAC ACC C

جدول ۳- برنامه PCR مربوط به نشانگرهای SSR (*Xgwm*)

مراحل	تعداد چرخه	زمان (دقیقه)	درجه حرارت (c̊)
شروع واسرشت‌سازی DNA	1	3	94
تک‌رشته‌ای شدن DNA		1	94
اتصال آغازگر به DNA تک‌رشته‌ای	45	1	47-65
بسط آغازگر		2	72
بسط نهایی	1	10	72



شکل ۱- الگوی باندی حاصل از جفت آغازگر Xgwm ۱۳۵. کد اختصاص‌یافته نمونه‌ها مطابق جدول ۱ می‌باشد.

اسلاجرن (Slageren, 1994)، فرم‌های زراعی *T. turgidum* را در ۷ زیر گونه شامل: (persicum) *carthlicum*، *dicoccom*، *durum*، *paleocolochicum*، *polonicum*، *turanicum* و *turgidum* تقسیم کرد. در این بررسی نیز تعدادی از زیر گونه‌های *T. turgidum* در بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت که در بعضی از گروه‌های دندروگرام، این زیر گونه‌ها با هم در یک گروه (گروه دوم) یا در دو گروه مجاور قرار گرفتند (گروه های هفتم و هشتم). ژنوتیپ هگزاپلوئید مصنوعی (حاصل از تلاقی non-Britle × تتراپلوئید ساختگی US) در گروه مجاور ژنوتیپ تتراپلوئید ساختگی US قرار گرفت. همچنین ژنوتیپ تتراپلوئید ساختگی حاصل از تلاقی *T. persicum* × *T. dicoccoides* در فاصله نزدیکی نسبت به *T. dicoccoides* قرار داشت. دو ژنوتیپ *T. spelta* و یک ژنوتیپ *T. aestivum* در یک گروه قرار گرفتند و گندم هگزاپلوئید چینی بهاره در مجاور این گروه قرار گرفت. با توجه به اینکه *T. spelta* از اجداد گندم نان است، این نحوه گروه‌بندی آن‌ها در کنار هم منطقی می باشد. ژنوتیپ‌های دیپلوئید در انتهای دندروگرام و در یک گروه مجزا قرار گرفتند. یک ژنوتیپ *T. dicoccum* که فرم اهلی *T. dicoccoides* است در گروه چهارم قرار گرفت و سه ژنوتیپ گندم دوروم در فاصله دورتری (گروه هشتم) از *T. dicoccum* قرار گرفتند.

اُزکان (Ozkan, 2005) نشان داد که واریته‌های بومی *T. dicoccum* نسبت به گندم دوروم، به لاین‌های وحشی گندم ایمر نزدیک‌تر می‌باشند. وی (Ozkan, 2002) در مطالعه دیگری نشان داد که گندم ایمر پوشینه‌دار و دوروم (بدون پوشینه) به‌طور جداگانه بر روی درخت فیلوژنی گروه‌بندی می‌شوند. موری و همکاران (Mori et. al., 2003) بر روی درخت فیلوژنی، ۵ گونه گندم ایمر بدون‌پوشینه را با منشاء کشور سودان در یک گروه دسته‌بندی نمودند. در حالی که *T. dicoccum* در شاخه دیگری با فاصله از آن‌ها قرار داشت. با توجه به دندروگرام به‌دست‌آمده از این بررسی به‌نظر می‌رسد که دو ژنوتیپ تتراپلوئید پوشینه‌دار، زرنه و جونقان دارای روابط ژنتیکی نزدیکی با *T. dicoccoides* هستند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و واریانس تجمعی سه مؤلفه اول حاصل از نشانگرهای ریزماهواره در جدول ۵ آورده شده است. نتایج به‌دست آمده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول در مجموع ۳۱/۳ درصد از کل

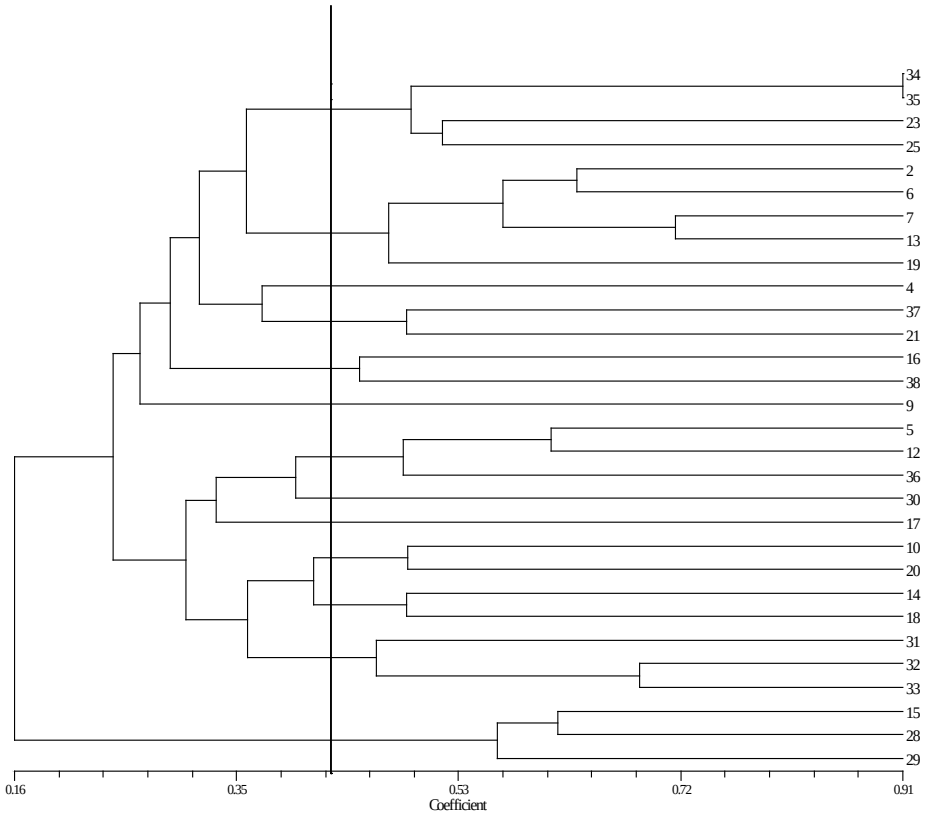
تغییرات را توجیه می‌نمایند که سهم مؤلفه اول به تنهایی ۱۹/۹ درصد بود. مؤلفه دوم ۶/۶۴ درصد و مؤلفه سوم ۴/۸ درصد از کل تغییرات را توجیه کردند. در مجموع سهم سه مؤلفه اول در توجیه تغییرات بسیار پایین بود. در داده‌های مولکولی دو یا سه مؤلفه اول حداکثر حدود ۲۰-۱۰ درصد تغییرات مربوط به تغییرات اولیه نشانگرها را توجیه می‌کنند. هر چند که این نتایج ممکن است از جنبه آماری برای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و نمایش گرافیکی مناسب نباشد، اما از جنبه ژنتیکی نشان‌دهنده نمونه‌برداری مطلوب از کل ژنوم توسط نشانگرهای مورد استفاده بود. به این ترتیب که هر یک از نشانگرهای مورداستفاده، نمونه‌ای از بخش‌های متفاوت ژنوم بوده و بنابراین نمایش گرافیکی و گروه‌بندی بر اساس دو یا سه مؤلفه اول قادر نخواهد بود تا نشان‌دهنده تغییرات کل متغیرهای اولیه باشد Mohammadi and Prasanna, (2003). از این رو دسته‌بندی نمودارهای دوبعدی و سه‌بعدی با تقسیم‌بندی حاصل از دندروگرام‌ها مطابقت زیادی نداشت. شکل ۳ تصویر سه‌بعدی از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی را نشان می‌دهد.

نتیجه‌گیری

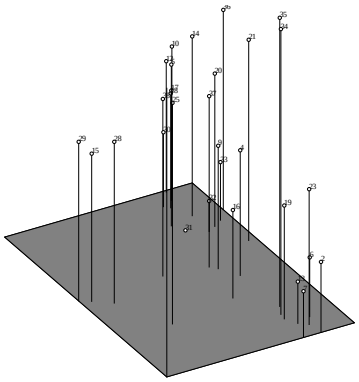
با توجه به اینکه گندم ایمر، جمعیت پایه‌ای است که ژنوتیپ‌های اولیه گندم دوروم از آن به‌دست آمده اند، بنابراین این گندم منبع ژنتیکی با ارزشی جهت غنای ساختار ژنتیکی گندم های دوروم و به تبع آن گندم نان به‌شمار می‌آید. نگهداری و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی ایمر، مطالعه و بررسی تنوع ژنتیکی درون آن‌ها و نیز تعیین روابط ژنتیکی بین جمعیت‌های منتسب به نواحی جغرافیایی مختلف حایز اهمیت می‌باشد. نتایج این مطالعه نشان داد که می‌توان در تعیین روابط ژنتیکی گونه‌های خویشاوند در گندم از نشانگرهای مولکولی و به ویژه نشانگرهای ریزماهواره استفاده جسته و به مطالعه فیلوژنی خویشاوندان وحشی با ارقام زراعی گندم نان و دوروم اقدام و از نتایج روابطی آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی بهره گرفت.

جدول ۴- تجزیه و تحلیل ژنوتیپ‌های مطالعه‌شده با استفاده از جفت آغازگرهای SSR

جفت آغاز گر	فراوانی آلل حداکثر	تعداد نمونه مورد بررسی	تعداد نمونه دارای آلل	تعداد آلل	درصد نمونه دارای آلل	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	PIC
Xgwm*60a*	0.1607	30	28	8	0.93	0.86	1	0.84
Xgwm*304a*	0.6667	30	12	2	0.40	0.44	0.33	0.34
Xgwm*304b*	0.6255	30	28	2	0.93	0.46	0.53	0.35
Xgwm*372*	0.3276	30	29	7	0.96	0.76	1	0.73
Xgwm*276*	0.7414	30	29	2	0.96	0.38	0.44	0.3
Xgwm*570*	0.2143	30	28	10	0.93	0.86	0.75	0.85
Xgwm*135*	0.8167	30	30	2	1.00	0.29	0.36	0.25
Xgwm*71.2*	0.4167	30	24	3	0.80	0.63	0.87	0.55
Xgwm*614a*	0.4815	30	27	3	0.90	0.63	0.51	0.56
Xgwm*614b*	0.6842	30	19	2	0.63	0.43	0.1	0.33
Xgwm*160*	0.4333	30	30	4	1.00	0.67	0.9	0.61
Xgwm*550*	0.2222	30	27	10	0.90	0.86	0.77	0.84
Xgwm*148a*	0.6786	30	14	2	0.46	0.43	0.64	0.34
Xgwm*148b*	0.6579	30	19	2	0.63	0.45	0.68	0.34
Xgwm*46*	0.4808	30	26	4	0.86	0.65	1	0.59
Xgwm*537*	0.2045	30	22	6	0.73	0.82	1	0.8
Xgwm*499*	0.1731	30	26	10	0.86	0.85	1	0.83
Xgwm*493a*	0.6111	30	9	2	0.30	0.47	0.77	0.36
Xgwm*493b*	0.2632	30	19	9	0.63	0.84	1	0.82
Xgwm*132*	0.3889	30	27	3	0.90	0.66	0.48	0.58
Xgwm*518*	0.6875	30	24	2	0.80	0.42	0.04	0.33
Mean	0.4971	30	22.7	4.36	0.75	0.58	0.64	0.53



شکل ۲- دندروگرام ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی بر اساس الگوهای باندی SSR، با استفاده از ضریب تشابه جاکارد و روش UPGMA.



شکل ۳- نمایش سه‌بعدی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس نشانگرهای SSR

جدول ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای نشانگرهای ریزماهواره

مؤلفه اصلی	مقادیر ویژه	واریانس توجیه شده	واریانس تجمعی
اول	۵/۲۷	۱۹/۹	۱۹/۹
دوم	۴/۲۵	۶/۶۴	۲۶/۵
سوم	۳/۷۴	۴/۸	۳۱/۳

از آنجا که گونه‌های خویشاوند گندم دارای خزانه ژن‌های مفید به‌شمار می‌آیند، می‌توان از ساختار ژنی این گونه‌های خویشاوند در بهبود و تقویت خزانه ژنی گندم نان و دوروم بهره‌برداری نمود.

REFERENCES

Bahar M, Mohammadi H, Qobadi S (2006) Characterization and evaluation of genetic diversity in potato varieties with using SSR molecular markers. Agric. Sci. Tech. 4: 271-279.

Barcaccia G, Molinari L, Porfiri O, Veronesi F (2002) Molecular characterization of emmer (*Triticum dicoccon* Schrank) Italian Landraces. Genet. Res. Crop Evol. 49: 415-426.

Bered F, Barbosa-Neto JF, De Carvalho FIF (2002) Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. Genet. Mol. Biol. 25(2): 211-215.

D'Autuono LF (1989) II Farro: Arealidi

coltivazione, caratteristiche agronomiche, utilizzazione prospetive colturali. L'Znformatore Agrario. 24: 49-51.

Dellaporta SL, Wood J, Hinks JB (1983) A plant DNA mini preparation: Ver. II, Mol. Biol. Plant Mol. Rep. 1: 19-21.

Figliuolo G, Perrino P (2004) Genetic diversity and in tetra specific phylogeny of *Triticum turgidum L. Subsp. dicoccon* (Schrank) Tell. Revealed by RFLPs and SSSRs. Genet. Res. Crop Evol. 51: 519-527.

Frei OM, Stuber CW, Goodman MM (1986) Use of allozymes as genetic markers for predicting performance in maize single cross hybrids. Crop Sci. 26: 37-42.

Kerber ER, Rowland GG (1974) Origin of the free threshing character in hexaploid wheat. Can. J. Genet. Cytol. 16: 145-154.

Kerber ER, and Dyck PL (1969) Inheritance in hexaploid wheat of Leaf rust resistance and other characters derived from *Aegilops squarrosa.* Can. J. Genet. Cytol. 11: 639-647.

MacKey J (1966) Speciaes relationship in *Triticum*. Proc. 2nd Intern. Wheat Genet. Symp., Lund. 1963 (Sweden). Hereditas (Suppl.) 2: 237-276.

Mori N, Ishi T, Ishiod T, et. al. (11 co-authors) (2003) Origins of domesticated emmer and common wheat inferred from chloroplast DNA fingerprinting. Pp. 8-25.

Nesbit M, Sammael D (1995) From staple crop to extinction the archaeology and history of the hulled wheats. pp. 41-100. In: S. Padulosi, K. Hammer and J. Heller (Eds.) Proc. Int. Workshop on Hulled Wheats, Tuscuny, Italy.

Mohammadi SA, Prasanna BM (2003) Analysis of genetic diversity in crop-salient statically tools and consideration. Crop Sci. 43: 1235-1248.

Ozkan H, Brandolini A, Pozzi C, Effegen S, Wunder J, Salmini F (2005) A reconsideration of the domestication geography of tetraploid wheat. Theor. Appl. Genet. 110: 1052-1060.

Ozkan H, Brandolini A, Schafer-Pregal R, Salamini F (2002) AFLP analysis of a collection of tetraploid wheat indicated the origin of emmer and hard wheat domestication in southeastern Turkey. Mol. Biol. Evol. 19: 1797-1801.

Pagnotta MA, Mondine L, Atallah MF (2005) Morphological and molecular characterization of Italian emmer wheat accession. Euphytica 146:29-37.

Pfluger L A, Martin LM, Alvarez JB (2001) Variation in the HMW and LMW glutenin subunits from Spanish accessions of emmer wheat (*Triticum turgidum ssp. Dicoccum*). Theor. Appl. Genet. 102: 767-772.

Roder M, Korzun SV, Wendehake K, Plaschke J, Tixer MH, Leroy P, Ganal M (1998) A microsatellite map of wheat. Genetics 149: 2007-2023.

Simonetti MC, Bellomo MP, Laghetti G, Perrino P, Simeone R, Blanco A (1999) Quantitative trait loci influencing free-threshing habit in tetraploid wheats. Genet. Res. Crop Evol. 46:267-271.

Simons KJ, Fellers JP, Trick HN, Zhang Z, Tai YS, Gill BS, Faris JD (2006) Molecular characterization of the Major wheat Domestication Gene Q. Genetics 172: 547-555.

Slageren, MW (1994) Wild wheats: a monograph of *Aegilops L.* and *Amblyopyrum* (Jaub and Spach) Eig (Poaceae). Wageningen Agricultural University, Wageningen. 88-94.

Stallknecht GF, Gilbertson KM, Ranney JE (1996) Alternative wheat cereals as food: Einkorn, emmer, spelt, kamut, and triticale. p. 156-170. In: Janick J (ed). progress in New Crops. ASHS Press, Alexandria, VA.

Teklu Y, Hammer K, Roder MS (2007) Simple Sequence repeats marker polymorphism in emmer wheat (*Triticum dicoccon* Schrank): Analysis of genetic diversity and differentiation. Genet. Res. Crop Evol. 54: 543-554.

Vaviolov NI (1931) The Linnaean Species as a system. Tr. Po. Prikl. Bot. Genet. Sel. [Bull. Appl. Bot. Genet. Sel.]. 26 (3): 109-134.