ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم دوروم (*Triticum turgidum* var. durum) با استفاده از نشانگرهای رتروترانسپوزونی (SSAP)

سجاد رشیدی منفرد[1*]، عبدالهادی حسین زاده[1]، محسن مردی[2]، محمد رضا نقوی[1] و سید مصطفی پیرسیدی[2]

(تاریخ دریافت: ۸۶/۳/۶ ؛ تاریخ پذیرش: ۸۶/۹/۲۷)

چکیده

تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی اصلی همانند گندم دوروم با گذشت زمانی کاهش پیدا کرده است. ارزیابی تنوع ژنتیکی در کارایی حفاظت از ژرم پلاسم و کاربرد آن حائز اهمیت می‌باشد. در این مطالعه ۸۷ ژنوتیپ بومی‌دوروم متعلق به مناطق مختلف ایران و ۲۱ ژنوتیپ خارجی از ۱۰ کشور با استفاده از ۱۰ ترکیب آغازگری SSAP ارزیابی شدند. رتروترانسپوزون‌ها توالی‌های متحرک در داخل ژنوم می‌باشند که از طریق یک RNA حدواسط در داخل ژنوم جابه‌جا می‌شوند و توزیع بسیار زیادی در ژنوم دارند به همین دلیل در سال‌های اخیر نشانگرهای مولکولی براساس آنها طراحی شده است. نشانگرهای SSAP مورد استفاده در این تحقیق شامل *BARE-1*، *Tagemina*، *Thv19*، *Tar1* می‌باشند. ترکیب آغازگری *Thv19\M+ACA* در نمونه‌های ایرانی و خارجی دارای بیشترین میزان باند چند شکل(۱۱ باند چند شکل) بود. میزان چند شکلی مشاهده شده توسط هر کدام از نشانگرهای بالا در ژنوتیپ‌های بومی‌به ترتیب ۲۶/۷٪، ۲۷/۳٪، ۵۱/۵٪، ۳۲/۸٪ و در ژنوتیپ‌های خارجی ۲۴/۴٪، ۲۴/۳٪، ۵۱/۵٪، ۵ / ۲۸می‌باشد. این نتایج نشان می‌دهد که *Thv19*، *Tar1* در فرایندهای تکاملی گیاه مورد نظر بیشتر جابه‌جا شده‌اند. دندوگرام بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه دایس ترسیم شد.

واژه‌های کلیدی: تنوع، گندم دوروم، رتروترانسپوزون، SSAP

مقدمه

گندم دوروم یکی از مهم‌ترین غلات دانه ریز می‌باشد و عمدتاً مصرف انسانی دارد. در سال‌های اخیر این گیاه به‌خاطر محصول قابل قبول و سازگاری به میزان آب کم، شرایط آب وهوای خشک و نیمه خشک و محصول نهایی با ارزش، مورد بازبینی مجدد قرار گرفته است (۱۴). میزان تولید محصول گندم دوروم در سال ۲۰۰۵ حدود۲۶ میلیون تن برآورد شده است (۲۴). اعتقاد بر این است که تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی اصلی (عمده) همانند گندم دوروم با گذشت زمانی کاهش پیدا کرده است، در ابتدا این کاهش به‌خاطر فرایندهای اهلی کردن گیاه بود و اخیراً به‌واسطه به‌کارگیری ژرم پلاسم یک‌نواخت و اصلاح شده می‌باشد(۳). برآورد تنوع ژنتیکی در محصولات زراعی، نقش بسیار مهمی‌در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی دارد.که از طریق صفات مورفولوژیکی، بررسی شجره‌ها و نشانگرهای ملکولی میسر می‌گردد. نشانگرهای ملکولی ابزار بسیار مناسبی برای بررسی روابط بین ژنوتیپ در بسیاری از

۱. به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و دانشیاران زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج
۲. به ترتیب استادیار و کارشناس مؤسسه تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی، بخش ژنومیکس، کرج
* : مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Rashidims@ut.ac.ir

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

محصولات زراعی می‌باشند و به‌عنوان یک ابزار تکمیلی به همراه نشانگرهای مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی، در بررسی روابط فیلوژنتیکی مد نظر می‌باشند. زیرا تحت تأثیر شرایط محیطی نبوده و تعداد آنها بسیار فراوان است، هم‌چنین در هر مرحله از رشد گیاه می‌توان از آنها استفاده نمود(۱۳). رتروترانسپوزون‌ها عناصر اصلی متحرک در ژنوم گیاهان هستند و از طریق یک RNA حد واسط در ژنوم جابه‌جا می‌شوند. (۹). دو گروه اصلی از رتروترانسپوزون‌های گیاهی بر اساس وجود و یا عدم وجود توالی تکراری طویل انتهایی LTR (Long Terminal Repeat) در آنها قابل تشخیص می‌باشند. رتروترانسپوزون‌های LTR دار که بیشترین مطالعه در آنها انجام شده است مشتمل بر۱- Ty1-copia ۲- gypsy- Ty۳ که به ترتیب ابتدا در مخمر(ساکارومایسس سرویسیه) و مگس سرکه مشاهده شدند، تقسیم می‌شوند. آنها درگیاهان به وفور دیده شده و نسبت بالای از DNA ژنومی‌گیاه را به خود اختصاص داده‌اند. در ذرت ۸۰- ۵۰٪ و در گندم به‌طور کامل ۹۰٪ ژنوم از رتروترانسپوزون تشکیل شده است (۸ و ۲۲). رتروترانسپوزون‌های LTR دار در ژنوم گیاهان پراکنده بوده و کپی‌های بسیار زیادی را دارا می‌باشند(۱۰ و ۱۴). هم‌چنین آنها در کل طول کروموزوم قرار دارند؛ یعنی هم در نواحی هتروکروماتینی و هم در نواحی یوکروماتینی قرار دارند (۵ و ۱۹). به‌خاطر گستردگی و فراوانی آنها در ژنوم‌های گیاهی می‌توان از آنها به‌عنوان نشانگرهای ملکولی استفاده کرد،که دارای چندشکلی بسیار بالای می‌باشند و آغازگرهای را براساس نواحی LTR آنها طراحی نمود. چندین نوع نشانگر ملکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها وجود دارد که پرکاربردترین آنها نشانگر ملکولی SSAP (sequence-specific amplified polymorphism) می‌باشد که توسط واف و همکاران معرفی شد. از این نشانگر جهت بررسی تنوع ژنتیکی گیاهان مختلف هم‌چون جو (۲۳و۱۰)، نخود (۷)، ذرت (۶)، یونجه (۱۶) استفاده شده است. با استفاده از نشانگرهای SSR (۲) و AFLP تنوع ژنتیکی این ژنوتیپ‌ها مورد بررسی قرار گرفته است(۱). با توجه به وجود تنوع ژنتیکی بسیار زیاد مشاهده شده در نمونه‌های بومی‌گندم دوروم هم‌چنین با توجه به این‌که هر نشانگر قسمتی از سطح ژنوم را پوشش می‌دهد، برای این‌که بتوانیم اطلاعات دقیق‌تر و مطمئنی در مورد روابط ژنتیکی گندم دوروم به‌دست بیاوریم باید از نشانگرهای مختلف جهت پوشش مناسب سطح ژنوم استفاده شود. نشانگرهای رتروترانسپوزونی SSAP به‌خاطر پراکنش فراوان در سطح ژنوم مخصوصاً نواحی یوکروماتینی پوشش ژنومی مناسبی را ایجاد می‌کند و جهت بررسی تنوع ژنتیکی نشانگر مناسبی می‌باشد.

اهداف تحقیق: ۱- تخمین روابط ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های بومی و واریته‌های خارجی گندم دوروم ۲- شناسای نواحی از کشور که حداکثر تنوع را دارند. ۳- تبیین استراتژی نمونه‌گیری این گیاه در مناطق مختلف و کمک به حفاظت از تنوع ژنتیکی آن می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

در این تحقیق ۱۰۸ ژنوتیپ دوروم که از بانک ژن دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران فراهم شده بود، مورد استفاده قرار گرفت که شامل۸۷ ژنوتیپ بومی دوروم از نقاط مختلف ایران به همراه ۲۱ رقم متعلق به ۱۰ کشور خارجی بودند(جدول ۱).

نشانگرهای رتروترانسپوزون مورد استفاده

نشانگرهای رتروترانسپوزونی به‌کار گرفته شده در این تحقیق از گروه Ty$_1$ -copia شامل

(5'CTAGGGCATAATTCCAACA3')

(5'-AGAGGAGGATATCCCAACAT-3') *BARE*-1،

(5'-GCCCAACCGACCAGGTTGTTACAG3') *Tagermina*

(*Tarl* 5'-CTCCCAGTTGACCAACAA-3)*Thv* 193)

بودند (۱۰، ۱۵، ۲۰ و ۲۳).

تجزیه SSAP

مراحل کار بر اساس روش واف و همکاران استخراج

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

جدول۱. لیست ژنوتیپ‌ها و محل جمع‌آوری آنها

محل	ژنوتیپ	شماره	محل	ژنوتیپ	شماره
خوی	بومی	۸۳	کرمانشاه	بومی	۷۷
نهاوند	بومی	۸۶	کرمانشاه	بومی	۷۹
نهاوند	بومی	۱۲۸	کرمانشاه	بومی	۱۴۰
تویسرکان	بومی	۸۸	کرمانشاه	بومی	۱۳۱
تویسرکان	بومی	۸۹	کرمانشاه	بومی	۱۲۹
منجیل	بومی	۸۴	کرمانشاه	بومی	۱۲۷
شاه آباد	بومی	۹۴	کرمانشاه	بومی	۱۲۶
شاه آباد	بومی	۹۷	کرمانشاه	بومی	۱۲۵
شاه آباد	بومی	۹۸	کرمانشاه	بومی	۹۳
شاه آباد	بومی	۸۷	کرمانشاه	بومی	۹
مهاباد	بومی	۲۵	کرمانشاه	بومی	۱۴
مهاباد	بومی	۷۳	کرمانشاه	بومی	۱۹
مهاباد	بومی	۱۰۴	کرمانشاه	بومی	۳۷
رستم آباد	بومی	۱۰۷	کرمانشاه	بومی	۳۸
شیراز	بومی	۱۰	کرمانشاه	بومی	۴۳
شیراز	بومی	۲۹	کرمانشاه	بومی	۶۷
تبریز	بومی	۷۲	گلپایگان	بومی	۱
آریا	بومی	۶۸	بهبهان	بومی	۲
آریا	بومی	۱۰۲	بهبهان	بومی	۲۸
خرمشهر	بومی	۱۵	بروجرد	بومی	۳
خرمشهر	بومی	۱۷	بروجرد	بومی	۱۱
خرمشهر	بومی	۲۰	بروجرد	بومی	۱۶
کرمان	بومی	۱۰۰	بروجرد	بومی	۱۸
میانه	بومی	۱۰۵	بروجرد	بومی	۳۰
روسیه	رقم	۴۴	بروجرد	بومی	۳۱
روسیه	رقم	۴۵	بروجرد	بومی	۲۷
مجارستان	رقم	۵۱	خرم آباد	بومی	۲۶
مجارستان	رقم	۵۲	خرم آباد	بومی	۳۳
مجارستان	رقم	۵۳	خرم آباد	بومی	۳۹
مجارستان	رقم	۵۴	ایلام	بومی	۱۰۸
مجارستان	رقم	۵۰	ایلام	بومی	۱۳۰
مجارستان	رقم	۴۹	ایلام	بومی	۱۳۳
مجارستان	رقم	۴۶	ایلام	بومی	۱۳۴
سوریه	رقم	۴۷	ایلام	بومی	۱۳۷
سوریه	رقم	۶۳	ایلام	بومی	۱۳۸
ترکیه	رقم	۴۸	ایلام	بومی	۱۳۹
مصر	رقم	۵۷	ایلام	بومی	۱۳۵
مصر	رقم	۵۶	همدان	بومی	۸۱
الجزایر	رقم	۵۹	همدان	بومی	۸۵
مکزیک	رقم	۶۱	همدان	بومی	۹۶

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

ادامه جدول ۱

مکزیک	رقم	۹۲	همدان	بومی	۱۰۱
مکزیک	رقم	۱۰۳	همدان	بومی	۷۵
هند	رقم	۶۲	اهواز	بومی	۶
لیبی	رقم	۵۸	اهواز	بومی	۱۲
مراکش	رقم	۶۰	اهواز	بومی	۱۳
			اهواز	بومی	۲۱
			اهواز	بومی	۲۴
			اهواز	بومی	۳۴
			اردبیل	بومی	۱۲۳
			اردبیل	بومی	۱۲۴
			اردبیل	بومی	۱۲۲
			اردبیل	بومی	۹۹
			اردبیل	بومی	۷
			اردبیل	بومی	۳۲
			شوش	بومی	۴
			شوش	بومی	۸
			شوش	بومی	۳۵
			شوش	بومی	۳۶
			شوش	بومی	۴۱
			شوش	بومی	۴۲
			قصر شیرین	بومی	۱۳۶
			قصر شیرین	بومی	۱۳۲
			رضاییه	بومی	۸۲

DNA با استفاده از کیت DNAease(شرکت QIAGEN) انجام شد. کیفیت و کمیت DNA با استفاده از اسپکتروفوتومتری تعیین شد.

بدین‌صورت انجام شد. ابتدا DNA ژنومی‌استخراج شد و با استفاده از آنزیم‌های برشی *EcoRI* و *MseI* برش داده شد. سپس آداپتورها مربوطه به قطعات حاصل از هضم آنزیم متصل گردید و مرحله تکثیر ابتدایی همانند AFLP صورت گرفت. اما تکثیر اصلی بین دو آغازگر بر اساس نواحی LTR رتروترانسپوزون‌ها و آداپتور مربوط به *MseI* با دو و سه نوکلئوتید انتخابی انجام شد. چرخه حرارتی شامل یک مرحله واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه و به‌مدت ۳۰ ثانیه، ۱۰ چرخه اول به‌صورت تاچ داون انجام شد به‌طوری‌که در هر چرخه دمای اتصال ۱ درجه سانتی‌گراد کاهش یافت($53^{\circ}C$-۶۳)و مرحله بسط آغازگری در دمای $72^{\circ}C$ به‌مدت ۲ دقیقه انجام شد، ۲۳ چرخه بعدی نیز بدین‌صورت انجام شد (دقیقه $94^{\circ}C$ 30 s, $54^{\circ}C$ 30s,$72^{\circ}C$ 2). واکنش PCR در دستگاه بیورد مدل(Sequi-Gen GT MA,) انجام شد. تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار NTSYSpc محاسبه گردید و دندوگرام بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه دایس ترسیم شد.

نتایج و بحث

امتیاز دهی باندها

در این تحقیق ۱۰ ترکیب آغازگری مورد استفاده قرار گرفت. در مجموع ۲۲۶ باند SSAP امتیاز دهی شد(جدول ۲) و از بین آنها ۷۴ باند چند شکل بودند(شکل ۱).

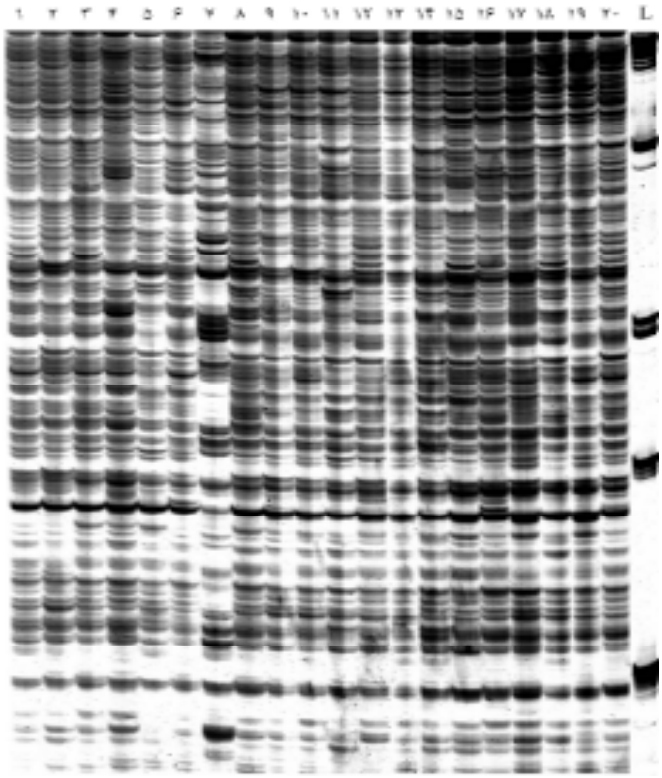
که از ۳ تا ۱۱ باند چند شکل در هر ژل متغیر بود. بیشترین چند

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

جدول۲. خلاصه از باندهای نمره داده شده SSAP در نمونه‌های ایرانی و خارجی

شماره	ترکیبات آغازگری	تعداد کل باندها	تعداد باندهای چند شکل		درصد چند شکلی	
			ایرانی	خارجی	ایرانی	خارجی
۱	Thv19\M+ACA	۱۸	۱۱	۱۱	۶۱	۶۱
۲	Tagermina \M+ACA	۱۷	۳	۳	۱۷/۶	۱۷/۶
۳	Thv19\M+CAT	۱۵	۶	۶	۴۰	۴۰
۴	Tar1\M+CG	۲۰	۶	۵	۳۰	۲۵
۵	Tar1\M+ACA	۲۵	۸	۸	۳۲	۳۲
۶	BARE1\M+CAT	۳۳	۹	۹	۲۷/۲	۲۷/۲
۷	BARE1\M+ACA	۲۸	۹	۸	۳۲/۱	۲۸/۵
۸	BARE1\M+CG	۲۵	۵	۴	۲۰	۱۶
۹	Tagermina \M+CAT	۲۰	۷	۶	۳۵	۳۰
۱۰	Tar1\M+CAT	۲۵	۹	۷	۳۶	۲۸



شکل ۱. نمونه ژل حاصل از آغازگرBARE1 روی تعدادی از ژنوتیپ‌های بومی‌ایران (۱،۲،۳،۵،۷،۱۶،۱۷ کرمانشاه،۱۵،۱۴،۱۱،۱۰،۹،۶ایلام،۱۸،۲۰ شا آباد،۱۹،همدان،۲ نهاوند).

شکلی در ژنوتیپ‌های بومی مربوط به جفت آغازگر اختصاصی *Thv19/M+ACA* با۱۱ باند چندشکل و کمترین تعداد مربوط به جفت آغازگر اختصاصی *Tagermina/ M+ACA* با ۳ باند چند شکل بود. میانگین تعداد باندهای چند شکل در ژنوتیپ‌های

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

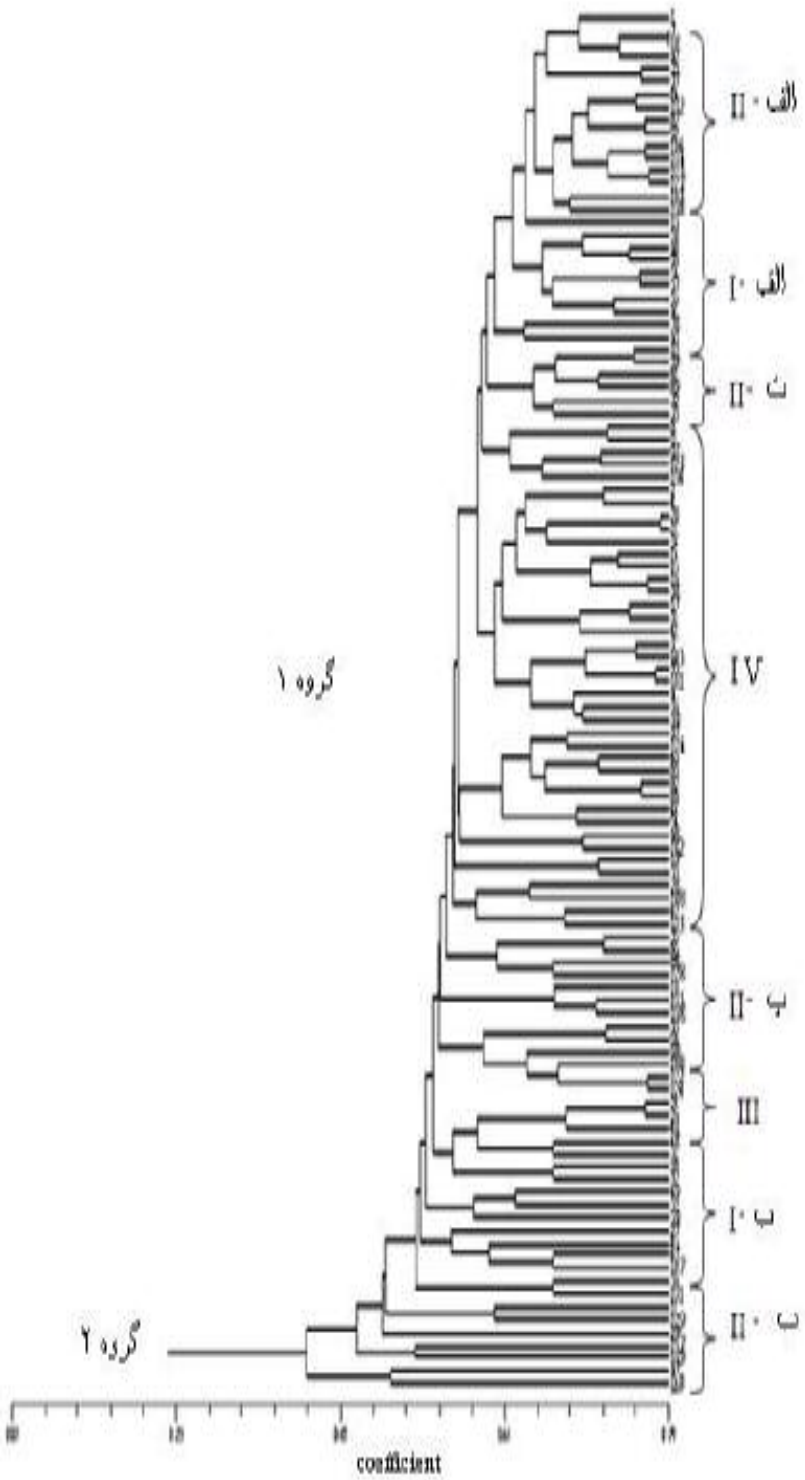
[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

بومی۷/۳ و در ارقام زراعی ۶/۷ بود. درصد چند شکلی در ژنوتیپ‌های بومی‌از ۲۰٪(*BARE1\M+CG*) تا ۶۱٪(*Thv19\M+ACA*) متغیر بود. در ارقام خارجی این میزان از ۱۶٪(*BARE1\M+CG*) تا ۶۱٪(*Thv19\M+ACA*) بود.جهت بررسی و ارزیابی روابط ژنتیکی ژنوتیپ‌های نمودار خوشه‌ای براساس ۷۴ باند چند شکل به‌دست آمد(شکل ۲).

میزان چند شکلی مشاهده شده در هر کدام از نشانگرهای SSAP *BARE-1*، *Tagermina*، *Thv19*، *Tar1* در ژنوتیپ‌های بومی‌به ترتیب ۲۶/۷٪، ۳۰/۶٪، ۵۱/۵٪، ۳۲/۸٪، و در ژنوتیپ‌های خارجی ۲۴/۴٪، ۲۸/۵٪، ۵۱/۵٪، ۲۴/۴٪، می‌باشد(جدول۳). *BARE-1* ، *Tagermina* در این تحقیق سطح چند شکلی کمتری را نسبت به دیگر رتروترانسپوزون‌ها نشان دادند؛ این نتایج نشان می‌دهد که *Thv19*، *Tar1* در فرایندهای تکامل گیاه مورد نظر بیشتر جابه‌جا شده‌اند. زیرا توانسته‌اند در طی تکامل داخل ژنوم بیشتر جابه‌جا شوند ونسخه‌های بیشتری از خود را در داخل ژنوم ایجاد کنند.این نتایج نشان می‌دهد که رتروترانسپوزون‌های Copia– Ty_1 سطح متفاوتی از چند شکلی را در گندم دوروم نشان می‌دهند. البته در مطالعات قبلی که روی گیاهان ذرت، جو، گندم نان انجام گرفته بود نیز چنین نتایجی دیده شد (۱۱، ۲۳ و ۲۵). قدرت جدا سازی ژنوتیپ‌ها توسط این نشانگر بیشتر از دو نشانگر AFLP و SSR که روی همین ژنوتیپ‌ها استفاده شده بوده می‌باشد(۱و۲). میانگین تعداد باند چند شکل برای هر جفت آغازگر در نشانگرهای AFLP، SSRو SSAP به ترتیب ۶/۸، ۴/۸ و ۶/۳ می‌باشد. در نتیجه میزان چند شکلی‌ها توسط این نشانگر با توجه به تعداد آغازگر کمتر بیشتر از دو نشانگر AFLP و SSR که روی همین ژنوتیپ‌ها استفاده شده بوده می‌باشد.در تحقیقاتی که به‌وسیله واف و همکاران (۲۳) و الیس و همکاران(۷) با استفاده از نشانگرهای SSAP به ترتیب روی جو و نخود انجام شد میزان چند شکلی ۲۵٪ بیشتر از نشانگرهای AFLPمشاهده شد. در تحقیقاتی که به وسیله واف و همکاران (۲۳) و الیس و همکاران (۷) با استفاده از نشانگرهای SSAP به ترتیب روی جو و نخود انجام گردید، میزان چند شکلی ۲۵٪ بیشتر از نشانگرهای AFLPمشاهده شد. با استفاده از نشانگرهای SSR ۲ گروه و چهار زیر گروه و نشانگرهای AFLP نیز ۲ گروه و ۴ زیر گروه مجزا به‌دست آمد. اما این نشانگر ژنوتیپ‌ها را در دو گروه کلی و زیر گروه‌های زیادی قرار داد. دو ژنوتیپ که از کرمانشاه جمع‌آوری شده بود در گروه ۲ و بقیه ژنوتیپ‌ها (ایرانی و خارجی) در گروه اول قرار دارند. ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از غرب کشور (لرستان، ایلام، کرمانشاه، همدان) به‌صورت ۴ دسته مجزا با میزان شباهت‌های متفاوت خوشه‌بندی شدند(II–الف،ب،پ،ت). ژنوتیپ‌های خارجی هم به‌صورت دو دسته کاملاً مجزا از همدیگر قرار گرفتند(I–الف،ب). تفسیری که برای این می‌توانیم داشته باشیم این است که این ژنوتیپ‌ها با ژنوتیپ‌های بومی‌ایران دارای نیای مشترک نیستند یا می‌توان گفت که گندم‌های دوروم موجود در ایران بومی‌کشور بوده، امیدبخش (۲)، احکامی (۱) به ترتیب با استفاده از ۳۷ جفت آغازگر SSR و ۱۸ ترکیب آغازگری AFLP به این نتیجه رسیدند که ژنوتیپ‌های خارجی با ایرانی دارای قرابت ژنتیکی کمی هستند. در بین ژنوتیپ‌های که از مناطق غیر از غرب کشور جمع‌آوری شده بودند، ژنوتیپ‌های حاصل از اردبیل تنها در یک گروه مجزا قرار گرفتند(III) ممکن است که این ژنوتیپ‌ها دارای اجداد متفاوت با دیگر ژنوتیپ‌ها موجود در کشور به‌خصوص غرب کشور باشند. البته با توجه به فاصله و عرض جغرافیایی متفاوت چنین چیزی بعید به‌نظر نمی‌رسد. بین ژنوتیپ‌ها کرمانشاه و دیگر مناطق غرب کشور قرابت ژنتیکی زیادی وجود دارد(IV). در بین مناطق غرب کشور کرمانشاه دارای بیشترین میزان تنوع ژنتیکی است. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌ها، ایلام، لرستان، همدان، همراه با ژنوتیپ‌های حاصل از کرمانشاه خوشه‌بندی شدند. در واقع به‌دلیل فاصله نزدیک بین این مناطق امکان جابه‌جایی این ژنوتیپ‌ها از استان کرمانشاه به استان‌های هم‌جوار وجود دارد. ژنوتیپ‌هایی که از خوزستان جمع‌آوری شده بودند با ژنوتیپ‌های حاصل از ایلام، کرمانشاه، و خرم آباد قرابت زیادی داشتند. در واقع به‌دلیل نزدیکی این مناطق به همدیگر می‌توان گفت : ژنوتیپ‌های این مناطق دارای اجداد

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]



شکل۲. نمودار خوشه‌ای ۱۰۸ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از داده‌های حاصل از تجزیه ۱۰ ترکیب آغازگر اختصاصی نشانگرSSAP و ضریب تشابه دایس و الگوریتمUPGMA. I- الف،ب،گروه گندم‌های دوروم خارجی، II-ب،پ،ت، گروه گندم‌های دوروم جمع‌آوری شده از غرب کشور، III-ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از اردبیل،IV – ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از دیگر مناطق کشور

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

جدول۳. متوسط چند شکلی نشانگرهای رتروترانسپوزونی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد استفاده دوروم

شماره	رتروترانسپوزون	تعداد کل باندها	تعداد باندهای چند شکل بومی‌رقم		درصد چند شکلی % بومی‌رقم	
۱	Thv19	۳۳	۱۷	۱۷	۵۱/۵	۵۱/۵
۲	Tagermina	۳۷	۱۰	۹	۲۷/۲	۲۴/۳
۳	Tar1	۷۰	۲۳	۲۰	۳۲/۸	۲۸/۵
۴	BARE1	۸۶	۲۳	۲۱	۲۶/۷	۲۴/۴

مشترک باشند که با گذشت زمان و تحت تأثیر شرایط متفاوت محیطی (استرس‌های غیر زنده) عناصر ژنتیکی متحرک به میزان متفاوتی در آنها بیان شده و تا حدودی از همدیگر متفاوت شده‌اند. در مورد مناطق دیگر ایران مانند کرمان، شیراز، تبریز، شمال کشور(به غیر از اردبیل) گروه‌بندی مشخصی به‌دست نیامده (IV) بلکه این ژنوتیپ‌ها در بین ژنوتیپ‌های غرب کشور به‌خصوص استان کرمانشاه خوشه‌بندی شدند. نتیجه کلی که می‌توان به‌دست آورد این است که غرب کشور ایران به‌خصوص استان کرمانشاه منبع تنوع ژنتیکی گندم دوروم می‌باشد. اما باید توجه داشت برای این‌که بتوانیم یک استراتژی جامع در مورد نمونه‌گیری گندم دو روم از مناطق مختلف کشور داشته باشیم باید از داده‌های حاصل از چندین نشانگر استفاده نمود تا با این کار سطح بیشتری از ژنوم را پوشش داده و تصمیم‌گیری‌ها به واقعیت نزدیک‌تر باشد. میانگین ضریب تشابه بین ژنوتیپ‌ها(بومی) در نشانگرهای SSR، AFLPو SSAP به ترتیب ۰/۳۷، ۰/۵ و ۰/۵۶ بود. با توجه به این‌که رتروترانسپوزون‌ها در نواحی حفظ شده ژنومی قرار دارند و این نواحی تغییرپذیری کمّی دارند، این نتایج بعید به‌نظر نمی‌رسد.

نشانگرهای SSAP داده‌های تاکسونومیکی را فراهم می‌اورند که سازگاری بیشتری با معیارهای جغرافیای و مورفولوژیکی نسبت به نشانگرهای AFLP دارند (۷). زیرا: ۱) الحاقات رتروترانسپوزون‌ها یک حادثه بیولوژیکی است؛ یعنی رتروترانسپوزون‌ها در گیاهان مختلف تحت تأثیر استرس‌های زنده و غیر زنده فعال شده و در ژنوم جابه‌جا می‌شوند (۱۱) و بدین‌وسیله تولید موتاسیون‌های در ژنوم کرده و میزان بیان ژن‌های اطراف ناحیه الحاق را تحت تأثیر قرار می‌دهند به همین دلیل نقش بسیار مهمی‌را در تکامل گیاهان بازی کرده‌اند (۲۱). ۲) الحاق رتروترانسپوزون‌ها غیر قابل برگشت است در واقع حضور یک رتروترانسپوزون در یک ناحیه خاص از ژنوم حاصل یک حادثه بیولوژیکی بوده که در طی تاریخ تکاملی گیاه روی داده است (۲۱). در گذشته محدودیت اصلی به‌کار بردن این نشانگرها به‌خاطر در دسترس نبودن توالی LTR رتروترانسپوزون‌ها مختلف بود. ولی در سال‌های اخیر با کمک تکنیک‌های جدید و سریع، توالی بسیاری از LTRها مشخص (۱۸) و این محدودیت نیز رفع شده است.

سپاسگزاری

کلیه هزینه‌های این تحقیق از محل اعتبارات طرح مصوب" شناسایی نشانگرهای Informative برای صفات مهم زراعی در گندم دوروم" توسط پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی تأمین شده‌است که بدین وسیله سپاسگزاری می‌گردد.

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]

منابع مورد استفاده

۱. احکامی، ا. ح.، م. مردی، م.ر. نقوی، س. م. پیرسیدی، م. کاظمی، ه. ایراندوست و ع. حسین زاده. ۱۳۸۵. بررسی قرابت ژنتیکی گندم دوروم (*Triticum durum*) با استفاده از نشانگرهای AFLP. مجله علوم کشاورزی ایران ۳۸(۱): ۲۵-۳۵.

۲. امید بخش فرد، م. ا.، م. مردی، م.ر. نقوی، م.ر. قنادها، م. کاظمی و س. م. پیرسیدی. ۱۳۸۵. بررسی تنوع ژنتیکی گندم دوروم (*Triticum durum* L.) با استفاده از نشانگر ریزماهواره. مجله علوم کشاورزی ایران ۳۸(۲): (در دست چاپ)

3. Allard, R.W. 1996. Genetic basis of the evolution of adaptedness in plants. Euphytica 92: 1–11.
4. Berenyi, M., T. Gichuki., J. Schmidit and K. Burg. 2002. Ty1-copia retrotransposons-based SSAP (sequencr – specific amplified polimorphism)for genetic analysis of sweet potato. Theor. Appl. Genet. 105: 862-869
5. Castilho, A., A. Vershinin and J.S. Heslop-Harrison. 2000. Repetitive DNA and the chromosomes in the genome of oil palm (*Elaeis guineensis*). Ann. Bot. 85: 837–844.
6. Casa, A.M., C. Brouwer, A. Nagel., L. Wang, Zhang, S. Kresovich and S.R. Wessler. 2000. The MITE family Heartbreaker (Hbr): molecular markers in maize. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 97:10083–10089.
7. Ellis, T.H.N., I.J. Poyser, M.R. Knox, A.V. Vershinin and M.J. Ambrose. 1998. Ty1 copia class retrotransposon insertion site polymorphism for linkage and diversity analysis in pea. Mol. Gen. Genet. 260: 9–19.
8. Flavell, R.B. 1986. Repetitive DNA and chromosome evolution in plants. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 312:227-242
9. Flavell, A.J., E. Dunbar, R. Anderson, S.R. Pearce, R. Hartley and A. Kumar. 1992. Ty1-copia group retrotransposons are ubiquitous and eterogeneous in higher plants. Nucleic. Acids. Res. 20: 3639–3644.
10. Gribbon, B.M., SR. Kalendar, A. H. R Schulman., L. Paulin, P. Jack, A. Kumar and A. J. Flavell. 1999. Phylogeny and transpositional activity of Ty1- copia group retrotransposons in cereal genomes. Mol. Gen.Genet. 261:883–891
11. Grandbastien, M.A. 1998. Activation of plant retrotransposons under stress conditions.Trends Plant Sci. 3:181–187
12. Kubis, S., T. Schmidt and J.S. Heslop-Harrison. 1998. Repetitive DNA elements as a major component of plant genomes. Ann. Bot. 82: 45–48.
13. Manifesto, M.M., A.S. Schlatter, H.E. Hopp, E.Y. Suarez and J. Dubcovky. 2001. Quantitative evaluation of genetic diversity germplasm using molecular markers. Crop. Sci. 41: 682–690.
14. Martos, V., C. Royo, Y. Rharrabti and L.F. Garcia del Moral.2005. Using AFLPs to determine phylogenetic relationships and genetic erosion in durum wheat cultivars released in Italy and Spain throughout the 20th century. Field. Crop. Res. 91: 107–116
15. Matsuoka, Y. and K. Tsunewaki. 1997. Presence of wheat retrotransposons in Gramineae species and the origin of wheat retrotransposon families. Genes. Genet. Sys. 72:335–343.
16. Porceddu, A., E. Albertini, G. Barcaccia, G. Marconi, F.B. Bertoli and F. Veronesi. 2002. Development of S-SAP markers based on an LTR-like sequence from *Medicago sativa* L. Mol. Genet. Genomi 267:107–114
17. Purugganan, M.D and S.R. Wessler. 1994. Molecular evolution of magellan, a maizeTy3/gypsy-like retrotransposon.Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 91:11674–78
18. Pearce, S.R., C.M. Stuart-Rogers, A. Kumar, T.H.N. Ellis and A.J. Flavell. 1999. Rapid isolation of plant Ty1-copia group retrotransposon LTR sequences for molecular marker studies. Plant.J. 19:711–17
19. Pearce, S.R., M. Knox, T.N.H. Ellis, A. J. Flavell and A. Kumar. 2000. Pea Ty1-copia group retrotransposons: transitional activity and use as markers to study genetic diversity in Pisum. Mol. Gen. Genet. 263: 898–907.
20. Queen. R., B. Gribbon, C. James, P. Jack and A. Flavell. 2004. Retrotransposons-based molecular markers for linkage and genetic diversity analysis in wheat. Mol. Gen. Genet. 271:91-97
21. Shapiro, J. 1999. Transposonsable elements as the key to a 21st century viewe of evolution. Genetica 107:171-179.
22. SanMiguel, P., Y.K. A. TikhanovJin, N. Motchoulskaia, D. Zakharov, A. Melake-Berhan, P. S. Springer, K. J. Edwards, M. Lee., Z. Avramova and J.L. Bennetzen 1996. Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. Science 274:765-768.
23. Waugh, R., K. McLean, A. J. Flavell, S.R. Pearce, A. Kumar, B. B. T. Thomas and W. Powell. 1997. Genetic distribution of Bare-1-like retrotransposable elements in the barley genome revealed by sequences-specific amplification polymorphisms (S-SAP). Mol. Gen. Genet. 253:687–694.
24. USDA Drought in EU. 2005. Northwest Africa Cause Global Durum To Sharply Drop. Production Estimates and Crop Assessment Division Foreign Agricultural Service. 202: 720-733.
25. Xiong, Y. and T.H. Eickbush. 1990. Origin and evolution of retroelements based upon their reverse transcriptase sequences. EMBO J. 9: 3353–3362.

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.45.13.0]