

Genetic Diversity of Wheat Genotypes based on Resistance to Powdery Mildew, Grain Yield, Yield Components and Molecular Markers

Somaye Saravani

Graduated Student, Department of Plant production, Faculty of agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. Email: saravani.somayeh@gmail.com

Hossein Sabouri

Associate Professor, Department of Plant production, Faculty of agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. Email: hos.sabouri@gmail.com

Fakhtak Taliei

* Assistant Professor, Department of Plant production, Faculty of agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. Tel: +989111704288, Email: Taliey.fa@gmail.com

Abbas Biabani

Associate Professor, Department of Plant production, Faculty of agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. Email: abs346@yahoo.com

Ali Rahemi Karizaki

Assistant Professor, Department of Plant production, Faculty of agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. Email: alirahemi@yahoo.com

Abstract

Objective

Genetic diversity in field crops has important role in breeding programs. The object of this study were to evaluate the genetic diversity and association analysis of morphological traits and mildew disease of wheat germplasm.

Material and Method

In the research 116 wheat genotypes were assessed for morphologic traits using a lattice design with 3 replications in the research field of Gonbad Kavous University. Plants

response to powdery mildew was also evaluated. 10 ISSR and IRAP markers were applied for molecular analysis.

Results

There was a significant difference between genotypes for all measured traits except 1000 grain weight. In molecular evaluation using ISSR and IPBS markers, 57 bands were amplified where 47 bands were polymorphic. The number of polymorphic bands was ranged from 3 to 6 bands for each primer. The maximum polymorphic bands belonged to PRI-14, PRI 43 and PRI 50 primer. The PIC and MIC values ranged from 0.35-0.88 and 0.62-3.14 respectively. The maximum percent of polymorphism belonged to PRI-13, PRI-14, PRI-43, PRI-20 and PRI-10. The maximum Molecular Index was 3.14 in PRI-7. Cluster analysis was grouped lines into three groups, which genotypes 60 and 786 were the most resistance to Powdery mildew. Association analysis between markers and resistance to powdery mildew revealed that total of 9 primers showed a connection to the character.

Conclusion

Based on the results of this research, genotypes with acceptable morphological traits and resistance to powdery mildew could be screened for advanced wheat breeding programs.

Keywords: ISSR, IRAP, Grain yield, Powdery Mildew, Wheat.

Citation: Saravani S, Sabouri H, Taliei F, Biabani A, Rahemi Kariza A (2019) Genetic Diversity of Wheat Genotypes based on Resistance to Powdery Mildew, Grain Yield, Yield Components and Molecular Markers. *Agricultural Biotechnology Journal* 11(3), 57-82.

Agricultural Biotechnology Journal 11(3), 57-82.

DOI: 10.22103/jab.2019.14128.1134

Received: July 5, 2019; Accepted: September 14, 2019

© Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian Biotechnology Society

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های گندم از نظر مقاومت به بیماری سفیدک پودری، عملکرد دانه، اجزای عملکرد و نشانگرهای مولکولی

سمیه سراوانی

دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران
ایمیل: saravani.somayeh@gmail.com

حسین صبوری

دانشیار گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران، ایمیل:
hos.sabouri@gmail.com

فاختک طلیعی

*نویسنده مسئول، استادیار گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران
(نویسنده مسئول - تلفن ۰۹۱۱۱۷۰۴۲۸۸ ایمیل: Talicy.fa@gmail.com)

عباس بیابانی

دانشیار گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران، ایمیل:
abs346@yahoo.com

علی راحمی کاریزکی

استادیار گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران، ایمیل:
alirahemi@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۴/۱۴ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۶/۲۳

چکیده

هدف: وجود تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی، نقش مهمی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی دارد. هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ارتباط برای صفات مورفولوژیک و مقاومت به بیماری سفیدک پودری در گندم بود.

مواد و روش‌ها: در این آزمایش ۱۱۶ ژنوتیپ گندم نان در قالب طرح لاتیس با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه گنبد کاووس از نظر صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفتند. همچنین واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری سفیدک پودری بررسی گردید. ارزیابی مولکولی با استفاده از ۱۰ آغازگر ISSR و IRAP انجام شد.

نتایج: طبق نتایج تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی به غیر از وزن هزار دانه تفاوت معنی‌دار وجود داشت. در آزمایش‌های مولکولی از تعداد ۵۷ قطعه‌ای که توسط دو نشانگر ISSR و IRAP تولید شد، ۴۷ قطعه چندشکل بودند.

تعداد باندهای چندشکل بین ۳ تا ۶ باند به ازای هر آغازگر متفاوت بود. دامنه تغییرات PIC ، ۰/۰-۸۸/۳۵ و میزان شاخص نشانگری بین ۰/۶۲-۳/۱۴ متغیر بود. بیشترین درصد چندشکلی به ترتیب به آغازگرهای PRI 13، PRI 14، PRI 20، PRI 43 ، PRI-10 تعلق داشت. بیشترین میزان شاخص نشانگری مربوط به آغازگر PRI 7 با مقدار ۳/۱۴ بود. بر اساس نتایج مقایسه میانگین، دو ژنوتیپ ۶۰ و ۷۸۶ بیشترین مقاومت را نسبت به بیماری نشان دادند. طبق نتایج تجزیه ارتباط بین نشانگرها و صفت مقاومت به بیماری سفیدک پودری ۹ نشانگر با این صفت ارتباط معنی دار داشتند.

نتیجه گیری: با استفاده از نتایج این پژوهش، می توان ژنوتیپهای برتر از نظر صفات زراعی و مقاومت به سفیدک پودری را گزینش و در برنامه های به نژادی مورد استفاده قرار داد.

کلمات کلیدی: گندم، سفیدک پودری، عملکرد دانه، IRAP، JSSR.

مقدمه

گندم یکی از محصولات استراتژیک بوده و از نظر ارزش غذایی نیز دارای اهمیت بالایی می باشد. مقایسه میانگین عملکرد گندم آبی و دیم کشور با میانگین عملکرد جهانی گندم نیز نشان می دهد که میانگین عملکرد گندم کشور با میانگین جهانی آن فاصله دارد و پایین بودن میانگین عملکرد آن هنوز کلیدی ترین و مهم ترین نقطه ضعف تولید گندم در ایران به شمار می آید (Esmaeilzadeh Moghaddam et al. 2009). وجود تنوع ژنتیکی بالا در بین صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک در جمعیت های مختلف، همبستگی آنها با عملکرد دانه و وراثت پذیری بالا سبب می شود که بتوان از آنها به عنوان شاخص های گزینش در کنار روش های نوین مولکولی در انتخاب ژنوتیپ های برتر استفاده کرد (Pierre et al. 2010). با توجه به افزایش تقاضای جهانی و کشوری برای گندم، اصلاح ارقامی با پتانسیل بالاتر عملکرد و کیفیت دانه، ضروری به نظر می رسد (Vanda and Hoshmand 2011). از طرف دیگر تنش های زیستی مانند بیماری های گیاهی، از جمله عوامل مهم کاهش عملکرد گندم میباشند که ایجاد واریته های مقاوم، اقتصادی ترین و مؤثرترین روش کنترل آنها قلمداد می شود. از آنجا که ایجاد مقاومت به بیماری های گندم با استفاده از روش های متداول اصلاح نباتات مشکل و زمان بر می باشد، نشانگرهای مولکولی می توانند در جهت تکمیل روش های اصلاحی مفید باشند (Buerstmayr et al. 1999). امروزه، نشانگرهای مولکولی به عنوان ابزاری مفید جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در ژرم پلاسما، تعیین مکان ژن های مقاومت به بیماری، تنش های محیطی و همچنین رابطه بین اجداد وحشی و رقم های اصلاح شده در گیاهان به کار برده می شوند. بنابراین تعیین ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات مورفولوژیک و فنوتیپی، می تواند گامی مؤثر در استفاده از گزینش جمعیتی باشد (Condon et al. 2008).

بیماری سفیدک پودری گندم که به وسیله قارچ *Blumeria tritici f.sp. graminis* ایجاد می شود یکی از بیماری‌های مهم گندم در جهان است که در هوای خنک و مرطوب خسارت شدیدی به عملکرد دانه گندم وارد می‌کند. استفاده از ارقام مقاوم اقتصادی‌ترین روش کاهش خسارت ناشی از این بیماری است (Li et al. 2009). تا کنون ۴۰ مکان ژنی برای مقاومت به این بیماری در گندم شناسایی شده است (McIntosh et al. 2008). از آن جا که مقاومت‌های تک ژنی اغلب ناپایدار هستند، کشف ژن‌های جدید مقاومت به این بیماری و اصلاح صفات زراعی در لاین‌های دارای این ژن‌ها همواره ضروری به نظر می‌رسد (Li et al. 2009).

بررسی ارتباط بین نشانگرهای مولکولی SSR و کیفیت دانه گندم نشان داده است که نشانگرهایی با محتوی چند شکلی و تنوع ژنتیکی بالا در تفکیک و تمایز افراد نقش مهمی دارند (Pahlavani et al. 2016). همچنین بر اساس نتایج مطالعه مقاومت ۳۴ ژنوتیپ زراعی و وحشی جو نسبت به بیماری سفیدک پودری با استفاده از ۱۶ آغازگر ISSR، ۶ آغازگر به عنوان ال‌های آگاهی‌بخش مرتبط با تحمل به بیماری سفیدک پودری معرفی شدند (Ahmadi et al. 2017). بررسی تنوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ گندم دوروم برای صفات زراعی با استفاده از ۱۶ نشانگر SSR نشان داد که با استفاده از تعداد پرایمرهای بیشتر می‌توان مارکرهای دارای همبستگی بالا با صفات زراعی مهم و مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد را شناسایی کرد و از آن مارکرها در بهبود عملکرد ارقام بهره جست (Kouhestani et al. 2016). در بررسی تنوع ژنتیکی ۴۸ لاین گندم با استفاده از ۱۰ نشانگر ISSR نشان داده شد که تعداد آل‌های مشاهده شده در هر جایگاه نشانگری از ۲ تا ۸ و محتوای اطلاعات چندشکلی از ۰/۳۷۵ تا ۰/۴۹۸ متغیر بود. نتایج این تحقیق وجود تنوع ژنتیکی در لاین‌های مشتق شده از گندم را تایید کرد (Goli et al. 2015). مطالعه بر روی هشت رقم گندم با استفاده از ۵ آغازگر ISSR و ۲ آغازگر SSR نشان داد که از مجموع ۴۳ باند تکثیر شده توسط ۵ آغازگر ISSR، ۲۹ باند (۶۷/۴۴ درصد) چندشکلی مشاهده شد. تعداد باندهای چندشکل تکثیر شده توسط هر یک از آغازگرهای ISSR در دامنه ۳ تا ۸ باند بود و میانگین تعداد باندها برای هر پرایمر ۴/۸ بود و آغازگر UBC-849 قادر به تشخیص تمام ارقام مورد مطالعه بود (Zhu et al. 2011). نتایج ارزیابی سودمندی نشانگرهای ISSR که برای شناسایی ارقام و لاین‌های اصلاحی گندم دوروم ایتالیایی که با ۹ آغازگر صورت گرفت، نشان داد که آغازگرهای مورد استفاده برای متمایز کردن همه ارقام گندم دوروم مورد بررسی مناسب بودند و حتی دو آغازگر هم برای تشخیص ۵۲ رقم و لاین اصلاحی گندم دوروم کافی است که دلالت بر توانایی تمایز خیلی خوب تکنیک ISSR دارد (Pasqualone et al. 2000). به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۲۲ جمعیت گندم اینکورن، از ۲۴ جفت آغازگر ریزوماهواره ژنوم AA گندم نان استفاده شد که در نهایت ۲۰ نشانگر چند شکلی مناسب از خود نشان دادند. در مجموع ۸۶ آل برای تمام مکان‌های ژنی مشاهده گردید (Kharestani et al. 2011). ارزیابی تنوع ژنتیکی و فوتوتیپی گندم از نظر صفات زراعی و واکنش در مقابل بیماری سفیدک پودری در طراحی برنامه‌های اصلاحی بسیار ضروری هست، لذا شناسایی نشانگرهای آگاهی‌بخش مرتبط با این صفات انتخاب گیاهانی با پتانسیل عملکرد بالا که توانایی ژنتیکی مقاومت به بیماری را در مراحل مختلف رشد گیاه دارند امکان‌پذیر می‌سازد. هدف از این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی ۱۱۶

ژنوتیپ گندم نان و شناسایی نشانگرهای ISSR و IRAP مرتبط با صفات مورفولوژیک و مقاومت به بیماری سفیدک پودری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این بررسی بذور ۱۱۶ ژنوتیپ گندم از ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گنبد کاووس تهیه شد. خصوصیات محل اجرای آزمایش و اطلاعات هواشناسی در جدول ۱ آورده شده است. ژنوتیپ‌ها بر پایه طرح لاتیس و به صورت دیم کشت شدند. شجره ژنوتیپ‌های مورد استفاده در جدول ۲ آورده شده است. در زمان برداشت، ۱۰ سنبله گندم به طور تصادفی از هر لاین نمونه برداری شد و صفات طول سنبله (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، قطر پدانکل (میلی‌متر)، طول ریشک (سانتی‌متر)، تعداد سنبله، تعداد گلچه، تعداد دانه در سنبله، قطر دانه (میلی‌متر)، طول دانه (میلی‌متر)، وزن هزار دانه (گرم)، وزن کل سنبله (کیلوگرم/هکتار)، عملکرد دانه (کیلوگرم/هکتار)، عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم/هکتار) و شاخص برداشت (HI) اندازه‌گیری شدند.

جدول ۱. اطلاعات جغرافیایی و هواشناسی محل اجرای آزمایش در سال زراعی ۱۳۹۴-۹۵.

Table 1. Geographical and meteorological properties of the tested area in 2015-16

مختصات جغرافیایی	ارتفاع از سطح دريا	میانگین بارش سالانه	میانگین سالانه رطوبت نسبی	میانگین سالانه دمای هوا
Geographical coordinates	Sea level Elevation	Average annual Rainfall	Average annual Relative humidity	Average annual Temperature
52° 12' , 37° 16'	37.2 m	521.3 mm	65 %	20.15 °C

از بین ۱۱۶ ژنوتیپ گندم مورد بررسی تعداد ۵۰ ژنوتیپ انتخاب شدند و واکنش آنها نسبت به بیماری سفیدک پودری گندم مورد ارزیابی قرار گرفت. جدایه قارچ عامل بیماری (*Blumeria graminis f.sp. tritici*) از بخش پاتولوژی غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه و در آزمایشگاه روی رقم حساس گندم بولانی در دمای ۲۲ درجه سلسیوس و رطوبت نسبی ۷۰٪ تکثیر و نگهداری گردید. برای ارزیابی ارقام گندم در مقابل عامل بیماری، بذور مورد نیاز هر رقم پس از ضدعفونی با هیپوکلریت سدیم بر روی کاغذ فیلتر مرطوب جوانه‌دار و پس از کاشت در گلدان‌ها در گلخانه با تناوب ۱۶/۸ ساعت روشنایی/تاریکی با دمای ۲۲ درجه سلسیوس با رطوبت نسبی ۷۰٪ به مدت یک هفته نگهداری شدند. برگ اول گیاهچه‌های یک هفته‌ای گندم، در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار روی محیط آب آگار ۵ درصد حاوی ۲۰ میلی‌گرم در لیتر بنزیمیدازول داخل تشتک‌های پتری پخش شدند. آزمایش دو بار تکرار گردید.

جدول ۲. شناسنامه ۱۱۶ ژنوتیپ مختلف گندم به کار برده شده در این تحقیق.

Table 2. Characteristics of studied 116 wheat lines.

شماره Entr y	شجره Origin
60	SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
137	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
138	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
140	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
143	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
145	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
146	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/CHIL/CHUM18//MILAN
147	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/WBLL1 *2/TUKURU
150	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/WBLL1 *2/TUKURU
151	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/WBLL1 *2/TUKURU
152	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
154	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
156	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
162	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
165	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
168	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
170	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
172	NG8319//SHA4/LIRA CMBW90M2302-6M-010M.../3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
182	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/ALDAN/CIANO67//PASTOR
183	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/ALDAN/CIANO67//PASTOR
184	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/ALDAN/CIANO67//PASTOR
188	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
189	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
192	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
193	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
195	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
197	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
199	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/CHIL/CHUM18//MILAN
201	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/WBLL1 *2/TUKURU
209	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/WBLL1 *2/TUKURU
213	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/WBLL1 *2/TUKURU
214	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/WBLL1 *2/TUKURU
215	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/WBLL1 *2/TUKURU
218	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
221	CROC-1/AE.SQ.(224)//YACO/3/MUNIA/4/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
227	Desconocido-7/3/CHIL/CHUM18//MILAN
228	Desconocido-7/3/CHIL/CHUM18//MILAN
229	Desconocido-7/3/CHIL/CHUM18//MILAN
233	Desconocido-7//WBLL1 *2/TUKURU
235	Desconocido-7//WBLL1 *2/TUKURU
237	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
239	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
240	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
242	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
244	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
245	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
246	Desconocido-7/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
251	Desconocido-7//WBLL1 *2/TUKURU
257	Desconocido-7//WBLL1 *2/TUKURU
258	Desconocido-7//WBLL1 *2/TUKURU
263	IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN

- 269 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 270 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 271 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 272 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 273 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 275 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 278 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 279 IRENAB/BABAX//PASTOR/4/MERUA//TURACO/CHIL/3/TAJAN
 282 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 283 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 286 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 289 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 291 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 292 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 302 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 317 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 318 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 320 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 323 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 324 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 327 IRENAB/BABAX//PASTOR/6/CATBIRD/NING8201/4/BLODAN/3/BB/7C*2//Y50E/KAL*3/5/TAJAN
 329 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/CHIL/CHUM18//MILAN
 330 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/CHIL/CHUM18//MILAN
 332 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/CHIL/CHUM18//MILAN
 333 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/CHIL/CHUM18//MILAN
 342 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 347 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 349 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 352 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 353 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 363 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/WBLL1*2/TUKURU
 364 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
 365 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
 369 IRENAB/BABAX//PASTOR/3/MILAN/ATTILA//ATTILA-4Y
 374 PARSIMORVARID
 376 PARSIMORVARID
 391 PARSISW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 394 PARSISW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 395 PARSISW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 397 PARSISW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 405 PARSISW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 566 SIVAND/90-Zhong 87
 577 SIVAND/90-Zhong 87
 579 SIVAND/90-Zhong 87
 580 SIVAND/90-Zhong 87
 585 SIVAND/90-Zhong 87
 648 Tajan/Somai #3/3/ALDAN/CIANO67//PASTOR
 762 Milan/Sha7/4/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR(514EB2th)/5/ATRAK/WANG-SHUI-BAI
 767 Milan/Sha7/4/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR(514EB2th)/5/ATRAK/WANG-SHUI-BAI
 769 Milan/Sha7/4/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR(514EB2th)/5/ATRAK/WANG-SHUI-BAI
 770 Milan/Sha7//WAXWING*2/KIRITATI(521EB2th)/3/SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 773 Milan/Sha7//WAXWING*2/KIRITATI(521EB2th)/3/SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
 778 SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...//Desconocido-7/3/MORVARID
 786 SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y.../4/ABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI(520EB2th)/5/MORVAR
 787 SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y.../4/ABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI(520EB2th)/5/MORVAR
 806 SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...//Somai #3/3/MORVARID

826	Golestan/4/BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI(520EB2th)/5/MORVARID
831	Golestan/4/BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI(520EB2th)/5/SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
894	90-Zhong 87/3/SHA7//HAHN"S"2/PRL"S"/ATTILA/KAUZ/4/CHIL/CHUM18//MILAN
910	Ghahar/3/SHA7//HAHN"S"2/PRL"S"/ATTILA/KAUZ/4/CHIL/CHUM18//MILAN
915	Ghahar/3/SHA7//HAHN"S"2/PRL"S"/ATTILA/KAUZ/4/CHIL/CHUM18//MILAN
920	FONG CHAM/3/Shanghai 7//Hahn"S"*2/Prl"S"/4/MORVARID
927	GIZA 168/3/SHA7//HAHN"S"2/PRL"S"/ATTILA/KAUZ/4/MORVARID
929	Soisson/Pishtaz//Shiroodi /3/MORVARID
930	Soisson/Pishtaz//Shiroodi /3/MORVARID

نمونه‌های آماده شده داخل اتاقک مکعبی با اسپوره‌های *B. graminis* به نسبت ۵ اسپور در میلی‌متر مربع آلوده و به اتاقک رشد منتقل شدند. ارزیابی بیماری، یک هفته پس از آلوده‌سازی، با شمارش تعداد کلنی رشد یافته در سطح ۲ سانتیمتر مربع هر برگ صورت گرفت (Eichmann & Hückelhoven 2008; Kouhestani et al. 2016). استخراج DNA به روش CTAB تغییر یافته (Saghai Maroof et al. 1994) و تعیین کمیت و کیفیت DNA روی ژل آگارز ۰/۸ درصد انجام شد. پس از انجام واکنش PCR، الکتروفورز DNA تکثیر روی ژل اکریل‌آمید ۶ درصد انجام گرفت و رنگ‌آمیزی به روش سریع نیترا نقره صورت گرفت. تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نشانگرهای ISSR و IRAP بررسی گردید. توالی پرایمرهای مورد استفاده در جدول ۳ آورده شده است. تجزیه و تحلیل داده‌های مورفولوژیک با استفاده از نرم‌افزارهای SPSS، EXCEL و SAS انجام شد. داده‌های مولکولی بعد از امتیازبندی باندها به صورت صفر و یک، با استفاده از نرم‌افزار Popgene تجزیه شد. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) که تخمینی از قدرت تمایز هر آغازگر با در نظر گرفتن تعداد و فراوانی نسبی آل‌هاست به صورت زیر محاسبه شد که در آن π فراوانی وجود نوار در هر جایگاه و q_i فراوانی عدم وجود نوار در هر جایگاه است (Rana & Bhat 2004).

$$PIC = \sum 2 p_i q_i \quad \text{رابطه (۱)}$$

همچنین شاخص نشانگری به صورت زیر محاسبه شد. در این رابطه EMR نسبت چند گانه موثر است که بیانگر تعداد جایگاه‌های چند شکل موجود در یک ژرمپلاسم می‌باشد و از رابطه ۲-۳ محاسبه می‌گردد. در رابطه زیر، np تعداد کل نوارهای چند شکل و β نسبت تعداد نوارهای چند شکل np به تعداد کل نوارها است (Yeh et al. 1997).

$$MI = PIC \times EMR$$

$$EMR = np \times \beta$$

سایر آماره‌های تنوع ژنتیکی مانند تعداد آل‌های موثر، شاخص تنوع ژنتیکی نی (Naghavi et al. 2008) و شاخص شانون (Shanon & Weaver 1963)، با استفاده از نرم‌افزار PopGene محاسبه گردید. ارتباط بین داده‌های مورفولوژیکی و مولکولی با استفاده از SPSS انجام شد.

جدول ۳. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده.

Table 3. Characteristics of used primer.

شماره آغازگر Primer code	نام آغازگر Primer Name	تاچ داوون (درجه سانتی گراد) Touchdown (°C)	توالی آغازگر Primer sequence
PRI-7	ISSR	50-55	5-ACACACACACACACC-3
PRI-13	ISSR	50-55	5-GAGAGAGAGAGAGAA-3
PRI-14	ISSR	50-55	5-CACACACACACACAA-3
PRI-20	ISSR	54-59	5-TCTCTCTCTCTCTCG-3
PRI-31	ISSR	50-55	5-GAGAGAGAGAGAGAT-3
PRI-37	ISSR	54-59	5-CACACACACACACAG-3
PRI-42	ISSR	54-59	5-CACACACACACACAT-3
PRI-43	ISSR	50-55	5-AGAGAGAGAGAGAGC-3
PRI-45	ISSR	50-55	5-GTCGTCGTCGTCGTCGA-3
PRI-50			5-CACTTCAAATTTTGGCAGCGGATC-3
	IRAP	62-67	3

نتایج و بحث

بر اساس نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی (جدول ۴)، بین ژنوتیپ‌ها از نظر تمامی صفات اندازه‌گیری شده در سطح یک درصد اختلاف معنی‌داری وجود داشت. ژنوتیپ‌های ۱۵۱، ۱۴۷، ۹۲۷، ۲۸۹، ۲۱۳ و ۳۷۴ دارای بیشترین مقدار عملکرد بودند. ژنوتیپ ۴۰۵ با کمترین ارتفاع به عنوان پاکوتاه‌ترین و ژنوتیپ ۸۲۶ با بیشترین ارتفاع به عنوان پابلندترین لاین معرفی شد. همچنین براساس جدول مقایسه‌ی میانگین واکنش ۵۰ ژنوتیپ گندم به بیماری سفیدک پودری (جدول ۵) سه ژنوتیپ ۱۸۹، ۶۰ و ۷۸۶ نسبت به بیماری مقاومت بیشتری داشتند و ژنوتیپ‌های ۳۲۰، ۹۳۰ و ۷۷۳ مقاومت کمتری نسبت به بیماری نشان دادند و جزء ارقام حساس بودند. مطالعه بر روی ۶۰ لاین امید بخش گندم برای مقاومت به سفیدک پودری گندم نشان داد که از ۶۰ لاین مورد آزمایش ۳۳ لاین نسبت به عامل بیماری، مقاوم و بقیه لاین‌ها نیمه‌حساس بودند و مقاوم‌ترین لاین N-83-13 بود (Monazzah et al. 2008). همچنین در آزمایش دیگری، لاین‌های امیدبخش N-78-8، C-73-5، N-80-16، N-80-19 و M-81-13 نسبت به ۴ جدایه قارچ عامل بیماری به‌عنوان مقاوم‌ترین و سایر ارقام و لاین‌ها، نیمه حساس و یا حساس بودند (Karimi et al. 2006). بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون مرحله‌ای برای صفت عملکرد اقتصادی در مترمربع (جدول ۶)، صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد گیاهچه، وزن کل سنبله و طول ریشک به‌ترتیب وارد مدل شدند. این صفات به طور کلی ۹۹/۴ درصد از تغییرات عملکرد اقتصادی را توجیه کردند. بر این اساس، عملکرد بیولوژیک بیشترین اثر را بر روی عملکرد داشت و می‌توان پیشنهاد کرد که به‌منظور رسیدن به عملکرد مطلوب‌تر باید به ترتیب عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن کل سنبله و طول ریشک را افزایش داد.

جدول ۴. تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی مورد بررسی در ۱۱۶ ژنوتیپ گندم.

Table 4. Variance analysis of studied morphological traits in 116 wheat genotypes.

طول دانه Grain length	قطر دانه Grain diameter	تعداد دانه در سنبله Num. of grain/spike	تعداد گلچه Num. of floret	تعداد سنبله Spikelet number	طول ریشک Awn length	قطر پدانکل Peduncle diameter	طول پدانکل Peduncle length	درجه آزادی Degree of freedom	منابع تغییرات Source of variation
0.14**	0.06**	70.07**	90.29**	3.31**	0.94**	0.28**	54.06**	115	Genotype
0.05 ^{ns}	0.04 ^{ns}	70.03 ^{ns}	37.62 ^{ns}	1.54 ^{ns}	1.23 ^{ns}	0.007 ^{ns}	97.98**	2	Replication
0.07	0.028	18.57	51.83	1.62	0.46	0.11	15.53	230	Error
4.02	5.39	17.07	14.18	7.22	11.78	9.81	12.89	CV	ضریب تغییرات

شاخص برداشت Harvest index	عملکرد بیولوژیک Biologic yield	عملکرد اقتصادی Economic yield	ارتفاع سنبله Spike height	تعداد پیچه Num. of tillers	تعداد گیاهچه Num. of Seedling	وزن کل سنبله Spike weight	وزن هزار دانه 1000-grain weight	درجه آزادی Degree of freedom	منابع تغییرات Source of variation
21.19**	25034762**	3204489.2**	201.61**	27.25**	147.11**	3520345.2**	7.31 ^{ns}	115	Genotype
12.97 ^{ns}	1514878 ^{ns}	121374.3 ^{ns}	342.46**	0.79**	37.08**	894070.26**	15.50 ^{ns}	2	Replication
10.42	17846967	233753.5	54.72	2.33	36.39	1034337.2	7.71	230	Error
9.43	10.86	11.5	8.47	11.33	26.53	23.75	8.7	CV	ضریب تغییرات

***, **, * : به ترتیب معنی داری در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد و عدم وجود اختلاف معنی دار را نشان می دهد.

جدول ۵. تجزیه واریانس واکنش ۵۰ ژنوتیپ گندم به بیماری سفیدک پودری

Table 5. Variance analysis of 50 wheat genotypes to powdery mildew.

واکنش به بیماری سفیدک پودری Response to Powdery mildew	درجه آزادی Degree of freedom	منابع تغییرات Source of variation
36.53**	49	رقم Genotype
2	100	خطا Error
24.29		ضریب تغییرات Coefficient of Variation

همچنین طبق نتایج به دست آمده مشخص گردید که ژنوتیپ‌های شماره ۱۴۷ و ۲۱۳ و ۲۹۱ با داشتن عملکرد بیولوژیک بیشتر نسبت به سایر ارقام دارای عملکرد بالاتری نیز بودند. نتایج بررسی تنوع ژنتیکی ده ژنوتیپ گندم و تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که سه صفت ارتفاع گیاه، زمان ظهور سنبله و عملکرد دانه قادرند ۳۹/۶ درصد از تغییرات را توجیه نمایند. همچنین ۲۶/۷ درصد از تغییرات توسط صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله قابل توجیه می باشد (Kara et al. 2016). به منظور بررسی اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات بر عملکرد دانه از تجزیه علیت استفاده شد. در این راستا عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته و عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، طول ریشک، وزن کل سنبله و تعداد گیاهچه سبز شده به عنوان متغیر مستقل در

نظر گرفته شدند. نتایج حاصل از تجزیه علیت نشان داد که عملکرد بیولوژیک بیشترین اثر مستقیم را بر روی عملکرد دانه در مترمربع داشت (۰/۹۴۲) که نشان دهنده اهمیت این صفات در عملکرد دانه می‌باشد. کمترین اثر مستقیم بر روی عملکرد دانه متعلق به صفت طول ریشک بود (۰/۰۰۹). همچنین عملکرد بیولوژیک از طریق شاخص برداشت، وزن کل سنبله و طول ریشک بترتیب با مقادیر ۰/۰۱۸، ۰/۰۷۷ و ۰/۰۱۳ اثر غیر مستقیم و مثبت داشت (جدول ۶). بنابراین برای بهبود عملکرد به‌کارگیری راهکارهایی برای بالا بردن وزن کل سنبله و شاخص برداشت ضروری می‌باشد. وجود بیشترین اثر مستقیم و مثبت عملکرد بیولوژیک بر عملکرد دانه بر اساس نتایج تجزیه علیت توسط محققین دیگر نیز اثبات شده است (Seyed Aghamiri et al. 2010). در تحقیقی دیگر مشخص شد که که بزرگترین اثرات مستقیم و مثبت بر عملکرد دانه مربوط به صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بود و بزرگترین تأثیر مستقیم و منفی مربوط به ارتفاع گیاه بود (Norkhalaj et al. 2010).

جدول ۶- نتایج رگرسیون مرحله‌ای برای عملکرد اقتصادی در ۱۱۶ ژنوتیپ گندم.

Table 6. Results of stepwise regression for economic yield in 116 wheat genotypes.

F	خطای استاندارد Standard Error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	صفات Traits
1048.38**	0.003	0.337**	عملکرد بیولوژیک yield
8963.441**	2.785	118.992**	شاخص برداشت index
3967.235**	0.165	0.329*	تعداد گیاهچه seedling
4827.933**	0.008	-0.021*	وزن کل سنبله weight
6208.226**	13.197	35.68**	طول ریشک length
Adjusted R ²	0.994	-4.199	عرض از مبدا (Intercept)

بر اساس نتایج حاصل از گروه‌بندی ۵۰ ژنوتیپ با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد، ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند (شکل ۱). گروه سوم با ۲۲ ژنوتیپ بزرگ‌ترین و گروه دوم با ۱۲ ژنوتیپ کوچک‌ترین گروه بود. افراد داخل گروه‌ها دارای بیشترین شباهت بودند، برای مثال در گروه سوم ژنوتیپ‌های ۳۱۷، ۳۱۸، ۳۲۰، ۳۲۳ و ۳۲۴ دارای والد مشترک و ژنوتیپ‌های ۷۷۸ و ۷۸۶ و ژنوتیپ‌های ۳۴۲ و ۳۵۲ و همچنین ژنوتیپ‌های ۵۶۶ و ۵۷۹ نیز هر کدام دارای والد مشترک بودند. نشانگرهای ISSR از نشانگرهای تصادفی هستند، بنابراین تکثیر مناطق غیر رمزکننده توسط آغازگرهای مورد استفاده در این بررسی، احتمالاً سبب قرارگیری ژنوتیپ‌های متفاوت از نظر ظاهری در یک گروه شده است. البته تأثیر عوامل محیطی در بروز صفات ریخت‌شناسی را نباید از نظر دور داشت (Roldan-Ruiz et al. 2001).

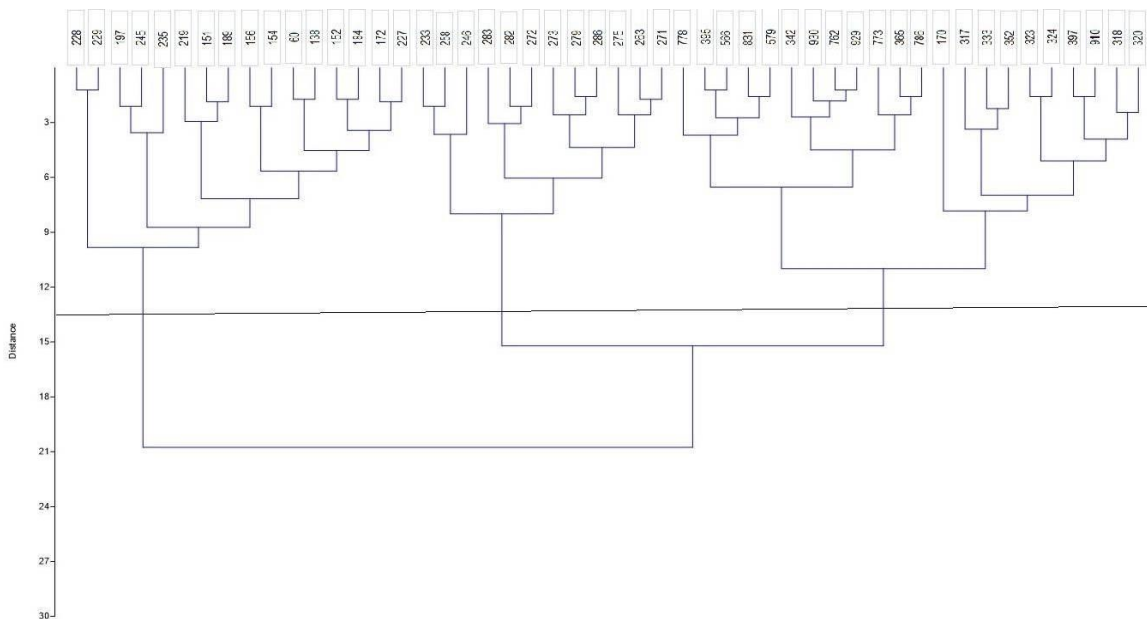
جدول ۷- تجزیه ضرایب همبستگی به اثرهای مستقیم و غیرمستقیم برای عملکرد اقتصادی در ۱۱۶ ژنوتیپ مختلف گندم.

Table 7- Correlation coefficient analysis to direct and indirect effects for Economic yield in 116 wheat Genotypes.

همبستگی کل با عملکرد اقتصادی Correlation with Economic yield	Indirect effect			اثرات غیر مستقیم		اثرات مستقیم Direct effect	عملکرد بیولوژیک Biologic yield
	طول ریشک Awn length	وزن کل سنبله Spike weight	تعداد گیاهچه Number of seedling	شاخص برداشت Harvest index	عملکرد Biologic yield		
0.950**	0.013	0.077	-0.151	0.018	-	0.942	عملکرد بیولوژیک Biologic yield
0.322**	0.004	-0.038	0.018	-	0.006	0.304	شاخص برداشت Harvest index
0.008	0.0025	0.016	-	0.0086	-0.022	0.014	تعداد گیاهچه Num. of seedling
0.103	-0.0135	-	0.0108	0.011	0.0073	0.09	وزن کل سنبله Spike weight
0.145	-	0.0013	0.00016	0.00013	0.00012	0.009	طول ریشک Awn length

نتایج حاصل از ارزیابی تنوع ژنتیکی ۲۰ نمونه گندم دوروم با استفاده از نشانگرهای ISSR نشان داده است که این روش ارزان قیمت و سریع برای تنوع ژنتیکی تعداد زیادی نمونه است. همچنین مشخص شد که در مطالعات ژنومی نشانگر ISSR تنوع و اطلاعات بیشتری نسبت به نشانگر RAPD نشان می‌دهد (Moradi & Chaghmirza 2007). در تحقیقی بر روی تنوع ژنتیکی ۱۲۴ ژنوتیپ گندم نان با استفاده از نشانگر ISSR تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های گندم نان در شرایط کوهستانی استان گلستان، نشان دادند که ژنوتیپ‌های مورد بررسی در ۵ گروه متفاوت طبقه‌بندی شدند (Kalate arab et al. 2010). تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیک، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه تقسیم‌بندی کرد. برای نشان دادن ارزش هر یک از گروه‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی، درصد انحراف میانگین هر یک از خوشه‌ها از میانگین کل محاسبه شد (جدول ۸). گروه اول شامل ۵۴ ژنوتیپ و میانگین عملکرد دانه ۴۱۴۸/۶۸ (کیلوگرم در هکتار) بود. گروه دوم با میانگین عملکرد دانه ۲۹۰۹/۷۴ (کیلوگرم در هکتار) شامل ۲۸ ژنوتیپ بود و گروه سوم با ۳۴ ژنوتیپ از نظر میانگین عملکرد دانه (۵۳۴۴/۷۸ کیلوگرم در هکتار) از دو گروه دیگر برتر بود. از نظر شاخص برداشت گروه اول از ارزش بالاتری نسبت به دو گروه دیگر برخوردار بود اما از نظر صفات عملکردی مانند تعداد دانه در خوشه، وزن کل خوشه و تعداد سنبله و همچنین از نظر صفات عملکرد بیولوژیک و تعداد پنجه در مترمربع، گروه سوم نسبت به دو گروه دیگر از ارزش بالاتری برخوردار بود. لذا برای اصلاح در جهت افزایش عملکرد دانه توصیه می‌شود. در مطالعات

سایر محققین نتایج متفاوتی در این زمینه به دست آمده است. تجزیه خوشه‌ای ۱۲۰ واریته گندم دورم بهاره براساس صفات ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد دانه در خوشه، وزن هزار دانه و عملکرد دانه‌ی یک خوشه به ۵ گروه مجزا تقسیم کرد (Fang et al. 1996). همچنین با مطالعه‌ی ۱۱۵ ژنوتیپ گندم، آنها را در دو گروه طبقه‌بندی شده و مشخص شد که تعداد پنجه در متر مربع همبستگی بالایی با عملکرد دانه دارد (Masoudi et al. 2017).



شکل ۱. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۵۰ ژنوتیپ گندم بر اساس نشانگرهای ISSR و IRAP.

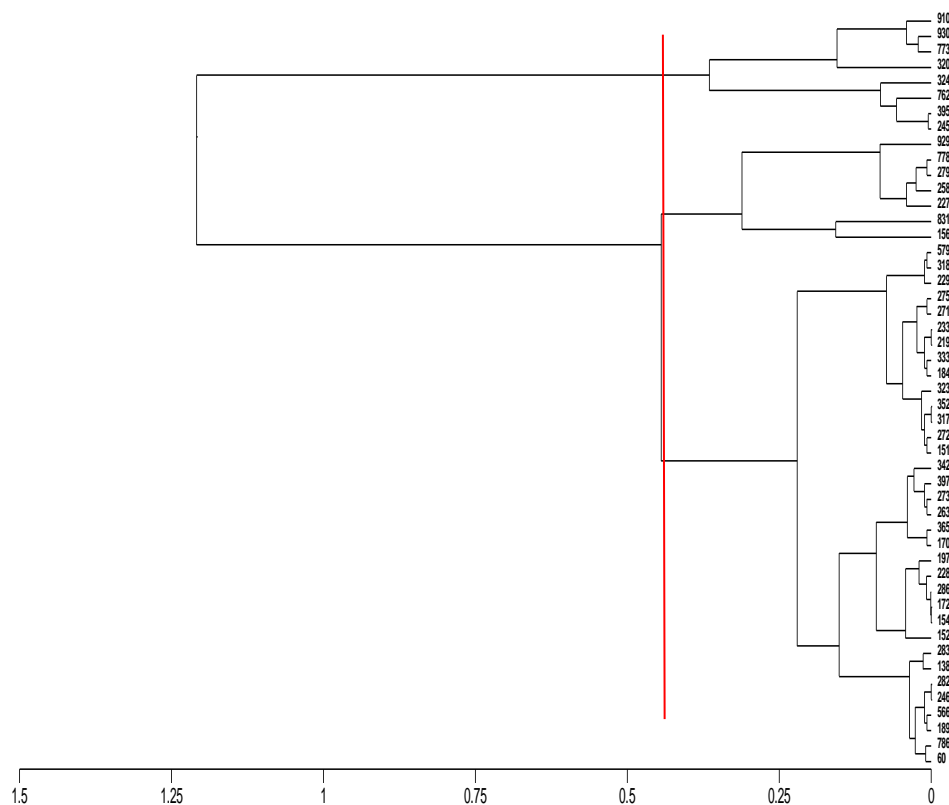
Figure 1. Cluster Analysis of 50 wheat genotypes based on ISSR and IRAP markers.

تجزیه خوشه‌ای داده‌ها برای مقاومت به بیماری سفیدک پودری، با استفاده از الگوریتم UPGMA و براساس فاصله اقلیدسی (شکل ۲)، لاین‌ها را در سه گروه مقاوم، حدواسط و حساس قرار داد. گروه اول نسبت به دو گروه دیگر در برابر بیماری مقاوم‌تر بود و تعداد کلنی کمتری نسبت به گروه‌های دیگر بر روی سطح برگ‌های آنها تشکیل شد. گروه سوم که بزرگ‌ترین گروه بود حساسیت بیشتری نسبت به بیماری داشت و تعداد کلنی بیشتری در سطح برگ تشکیل گردید. بیشترین تعداد ژنوتیپ‌های گروه اول در تجزیه خوشه‌ای بر اساس مقاومت به سفیدک پودری در گروه اول و سوم تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیکی قرار گرفت و ژنوتیپ‌های ۹۱۰، ۹۳۰، ۷۷۳، ۳۲۴، ۷۶۲ و ۳۹۵ در این گروه‌ها مشترک بود. از بین ژنوتیپ‌هایی که در تجزیه خوشه‌ای بر اساس مقاومت به سفیدک پودری در گروه دوم قرار گرفتند، لاین‌های ۷۷۸، ۲۷۹ و ۸۳۱ در گروه سوم تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی قرار داشت.

جدول ۸. میانگین و انحراف استاندارد شده از میانگین کل برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد در هر گروه.

Table 8. Mean and standard deviation of each group from general mean in yield and yield component.

گروه ۳ (Group 3)		گروه ۲ (Group 2)		گروه ۱ (Group 1)		صفات	
انحراف Deviation	میانگین Mean	انحراف Deviation	میانگین Mean	انحراف Deviation	میانگین Mean		
-2.28	32.85 ^a	3.18	27.38 ^b	0.02	30.54 ^{ab}	Peduncle	طول پدانکل height
-0.19	3.59 ^a	0.17	3.23 ^a	0.04	3.37 ^a	Peduncle	قطر پدانکل diameter
-0.06	5.82 ^a	-0.12	5.87 ^a	0.02	5.47 ^a	Awn	طول ریشک length
-0.03	17.67 ^a	-0.02	17.67 ^a	0.04	17.61 ^a	Number of	تعداد سنبلچه spikelet
-1.7	53.9 ^a	1.54	50.65 ^a	0.48	51.71 ^a	Number of	تعداد گلچه floret
-1.95	38.33 ^a	2.49	33.89 ^b	-0.04	36.41 ^{ab}		تعداد دانه در خوشه Number of grain/spike
0.25	15.57 ^a	-0.94	16.76 ^a	0.52	15.03 ^a		تعداد دانه پوک در خوشه Number of unfilled grain/spike
-0.03	3.17 ^a	0.01	3.13 ^a	0.01	3.13 ^a	Grain	قطر دانه diameter
-0.06	6.8 ^a	0.06	6.67 ^a	0.01	6.73 ^a	Grain	طول دانه height
-0.16	32.06 ^a	0.5	31.4 ^a	-0.07	31.97 ^a	1000-G	وزن هزار دانه weight
-157.48	4438.42 ^a	272.34	4008.6 ^c	10.71	4270.23 ^b	Spike	وزن کل خوشه weight
-6.32	203.82 ^a	15.89	181.61 ^b	-4.91	202.41 ^a	Number of	تعداد گیاهچه seedling
-84.17	558.77 ^a	70.96	403.75 ^c	12.87	461.84 ^b	Number	تعداد پنجه of tiller
-3.57	90.85 ^a	5.04	82.24 ^b	0.6	86.68 ^b		ارتفاع Height
1144.4	5344.78 ^a	1281.85	2918.54 ^c	95.14	4105.25 ^b		عملکرد اقتصادی Economic yield
-3568.06	15862.75 ^a	3550.64	8744.05 ^c	524.62	11770.06 ^b		عملکرد بیولوژیک Biologic yield
0.52	33.71 ^a	0.83	33.39 ^a	-0.68	34.91 ^a		شاخص برداشت Harvest index



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۵۰ ژنوتیپ در واکنش نسبت به قارچ عامل سفیدک پودری
Figure 2- Cluster Analysis of 50 wheat genotypes to powdery mildew.

ژنوتیپ‌های ۲۲۹، ۱۹۷، ۱۵۲ و ۱۸۹ نیز از گروه سوم در تجزیه خوشه‌ای بر اساس مقاومت به سفیدک پودری با گروه اول تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات مورفولوژیکی مشترک بود که این دو گروه نیز دارای بیشترین ژنوتیپ‌های مشترک بودند. ژنوتیپ‌های ۵۷۹، ۲۷۵، ۲۳۳، ۲۳۵، ۳۲۳ و ۱۵۱ به لحاظ صفات عملکردی دارای ارزش بالایی بودند ولی از لحاظ مقاومت به بیماری سفیدک پودری جزو ارقام حساس بشمار آمدند. نتایج نشان داد که از بین ۱۰ آغازگر مورد بررسی، ۷ آغازگر چندشکلی مطلوبی را نشان دادند. آغازگرهای مورد استفاده به‌طور کلی ۵۷ مکان ژنی را نشان دادند که از بین آنها ۴۷ مکان چندشکلی مطلوبی داشتند. از کل باندهای تشکیل شده ۸۵/۴۵ درصد باندها چندشکل و ۱۵/۵۵ درصد آنها یک‌شکل بودند و میانگین درصد چندشکلی ۸۴/۳۳ برآورد شد. مقدار بالای چند شکلی حاصل در این پژوهش نشان دهنده‌ی آن است که این نشانگرها را می‌توان به‌عنوان یک ابزار قدرتمند در شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده قرار داد.

نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در مطالعات فاصله ژنتیکی باید بیش از ۴ آلل داشته باشند تا میزان خطای استاندارد تخمین فاصله‌ای کاهش یابد (Barker 1999). همه‌ی نشانگرهای مورد استفاده در این پژوهش، بیش از چهار باند را تکثیر نمودند (جدول ۹). بنابراین نشانگرهای مورد استفاده در این مطالعه برای آنالیزهای تنوع ژنتیکی مناسب می‌بودند. نشانگرهای PRI

45، PRI 37 و PRI 7 با 7 باند بیشترین و نشانگرهای PRI 13 و PRI 20 با 4 باند، کمترین تعداد باند و ترکیب نشانگری را نشان دادند. تعداد مکان‌های چندشکل شناسایی شده برای هر آغازگر از 3 تا 6 و به‌طور متوسط 4/7 باند بود. در مطالعات Nazari & Abdoshahi (2014)، این عدد برابر 3/4 نوار برای هر آغازگر تعیین شده است. تعداد ال‌های تکثیر شده از هر مکان ژنی، تاثیر مستقیمی بر میزان مناسب بودن آن مکان برای تعیین تنوع ژنوتیپی دارد (Roder et al. 1998).

محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) از 0/35 تا 0/88 متغیر و به‌طور متوسط 0/50 بود. نشانگر PRI 7 با مقدار 0/88 بیشترین و نشانگر PRI 13 با مقدار 0/35 کمترین مقدار PIC را به خود اختصاص دادند. همچنین بر اساس نتایج به دست آمده بیشترین مقدار شاخص شانون متعلق به نشانگر PRI 37 با مقدار 0/614 بود. این شاخص معیاری برای اندازه‌گیری میزان ال‌های چندشکل در یک جایگاه ژنی است. همچنین برآورد شاخص نی نشان داد که تنوع بین 0/45 تا 0/98 متغیر بود. آغازگر PRI 20 و PRI 31 و به ترتیب بیشترین (0/45) و کمترین (0/98) مقدار شاخص نی را داشتند. میانگین این شاخص 0/374 برآورد شد. همچنین کمترین شاخص نشانگری MI به نشانگر PRI 37 با مقدار 0/62 و بالاترین مقدار آن به نشانگر PRI 7 با مقدار 3/14 اختصاص داده شد که نشان‌دهنده قدرت تفکیک بالاتر این آغازگر نسبت به سایر آغازگرها است. بیشترین مقدار درصد چندشکلی متعلق به نشانگرهای PRI 13، PRI 14، PRI 20، PRI 43 و PRI 50 با مقدار 100 درصد بود که نشان داد که این نشانگرها برای بررسی تنوع ژنوتیپی گندم مناسب هستند. کمترین مقدار درصد چند شکلی به آغازگر PRI 37 با 42/85 درصد اختصاص یافت. بیشترین تعداد آل مؤثر برای آغازگر PRI 20 با مقدار 1/829 و کمترین تعداد آل مؤثر برای آغازگر PRI 31 با مقدار 1/114 به دست آمد. براساس شاخص‌های ژنتیکی محاسبه شده، میتوان بیان نمود که ISSR-14 به دلیل داشتن درصد جایگاه ژنی چندشکلی، شاخص نشانگری و محتوای اطلاعات چندشکلی بیشتر، بیشترین تنوع را بر روی جمعیت مورد مطالعه داشته است. بررسی تنوع ژنتیکی 40 رقم گندم نان با استفاده از 10 آغازگر SSR، هتروزیگوسیتی و میزان چندشکلی قابل قبولی را نشان داد که بر اساس آن، این نشانگر، به عنوان نشانگر مناسب در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم معرفی گردید (Nazari & Abdoshahi 2014). در آزمایشی دیگر از 10 آغازگر ISSR برای شناسایی تنوع ژنتیکی ارقام و لاین های اصلاحی گندم استفاده شد که مجموعاً 80/2 درصد نوارهای تولید شده چندشکلی نشان دادند (Najafi et al. 2011). در مطالعه‌ی انجام شده با استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR بر روی صفات زراعی جو، نتایج نشان داد که از بین جایگاه‌های ژنی تولیدشده برای RAPD و ISSR، تنها 53/8-85/7 درصد قطعات چندشکلی نشان دادند (Zvingila et al. 2012). همچنین نتایج بررسی تنوع ژنتیکی 34 ژنوتیپ جو با استفاده از آغازگر مولکولی ISSR نشان داد که، در مجموع 125 آل تکثیر شد که 99/2 درصد ال‌ها به‌عنوان چند شکل تشخیص داده شدند (Ahmadi et al. 2017). از آنجا که در روش ISSR، آغازگرها مکمل نواحی ریزماهواره‌ای می‌باشند که در یوکاریوت‌ها در سراسر ژنوم پراکنده‌اند بنابراین استفاده از این روش می‌تواند سطح بالایی از چندشکلی را فراهم کند (Fabriki et al. 2009).

جدول ۹. نتایج حاصل از بررسی ۵۰ ژنوتیپ گندم با استفاده از نشانگرهای ISSR و IRAP.

Table 9. Results from investigating on 50 wheat genotypes using ISSR and IRAP primers.

Ne	H	I	Na	PIC	MI	درصد چندشکلی Polymorphism	باندهای چندشکل Polymorphic bands	کل باندها Number of bands	نام آغازگر Primer Name
1.73354	0.3948	0.57748	2	0.88	3.14	71.42	5	7	ISSR7(PR7)
1.58525	0.3462	0.302896	2	0.35	1.4	100	4	4	ISSR13(PR13)
1.69125	0.39533	0.580266	2	0.49	2.94	100	6	6	ISSR14(PR14)
1.829775	0.45	0.5468	2	0.48	1.92	100	4	4	ISSR20(PR20)
1.1145	0.09866	0.197	2	0.43	0.77	60	3	5	ISSR31(PR31)
1.77083	0.425866	0.614566	2	0.49	0.62	42.85	3	7	ISSR37(PR37)
1.66276	0.36808	0.54948	2	0.49	2.03	83.33	5	6	ISSR42(PR42)
1.54776	0.35133	0.535233	2	0.48	2.88	100	6	6	ISSR43(PR43)
1.732283	0.4072	0.591283	2	0.48	2.46	85.71	6	7	ISSR45(PR45)
1.73112	0.41296	0.60058	2	0.48	2.4	100	5	5	IRAP50(PR50)
1.6549	0.3747	0.5522	2	0.50	2.056	84.331	4.7	5.7	میانگین

NE: تعداد آلل موثر، HE: شاخص تنوع ژنتیکی نی، I: شاخص شانون، PIC: محتوای اطلاعات چندشکلی، MI: نشانگری شاخص

NE: Number of Efficient allele, HE: Nee genetic diversity index, I: Shanon index, PIC: Polymorphic Information Content, MI: Marker Index

نتایج حاصل از تجزیه ارتباط بین نشانگرها و صفات فیزیولوژیکی نشان داد که (جدول ۱۰) ۶۹ آلل با این صفات در ارتباط

می‌باشند. نشانگرهای PRI 42-3 و PRI 13-1 که دارای ۵ ارتباط بودند، بیشترین ارتباط را با صفات داشتند. نشانگر PRI 42-3 با صفات قطر پدانکل، شاخص برداشت، رسیدگی فیزیولوژیک، طول ریشک و تعداد روز تا ظهور سنبله ارتباط داشت و همچنین نشانگر PRI 13-1 نیز با صفاتی مانند وزن هزار دانه، طول پدانکل، تعداد سنبله، قطر دانه و تعداد دانه پوک در خوشه ارتباط داشت. نشانگر PRI 31-1 دارای ۴ ارتباط با صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، وزن هزار دانه، طول پدانکل و تعداد دانه پوک در خوشه بود. نشانگرهای PRI 7-3، PRI 13-2، PRI 13-3، PRI 20-4 و PRI 42-4 هر یک دارای ۳ ارتباط با صفات مختلف بودند. نشانگر PRI 7-3 با صفات عملکرد اقتصادی، شاخص برداشت و تعداد پنجه ارتباط داشت. نشانگر PRI 13-2 دارای ارتباط با صفات طول پدانکل، شاخص برداشت و ارتفاع بود. نشانگر PRI 13-3 با صفات طول ریشک، تعداد سنبله و تعداد دانه پوک در خوشه ارتباط داشت. آلل PRI 20-4 دارای ارتباط با صفات عملکرد اقتصادی، تعداد پنجه و عملکرد بیولوژیک بود و نشانگر PRI 42-4 با صفات تعداد سنبله، رسیدگی فیزیولوژیک و ارتفاع ارتباط داشت. سایر نشانگرها هم دارای یک یا دو ارتباط با صفات بودند. صفت تعداد دانه پوک با ۱۲ نشانگر دارای بیشترین ارتباط بود و سپس صفات ارتفاع، قطر پدانکل و تعداد سنبله با ۶ نشانگر ارتباط داشتند. صفات شاخص برداشت و طول پدانکل دارای ارتباط با ۵ نشانگر بود. طبق جدول، تمامی آلل‌ها بجز نشانگر PRI 42-2 با تمامی صفات ارتباط معنی‌دار داشتند. در مطالعه تجزیه ارتباط صفات مورفولوژیک گندم

نان به وسیله نشانگرهای AFLP، SAMPL و به روش رگرسیون گام به گام، ۵۱ نشانگر شناسایی شدند که با حداقل یکی از صفات ارتباط داشتند و پیشنهاد شد که این نشانگرها قابلیت کاربرد در برنامه‌های اصلاح به کمک نشانگر را دارند (Roy et al. 2006). با مطالعه ۱۱۵ ژنوتیپ گندم با استفاده از نشانگر SSR، IRAP و iPBS نشان دادند که ۵۶ ال ارتباط بین نشانگرها و صفات مورفولوژیک یافت شد (Masoudi et al. 2017). همچنین در بررسی هشت رقم گندم با استفاده از ۸ آغازگر ISSR و دو آغازگر SSR از مجموع ۴۳ باند تکثیر شده، ۲۹ باند چندشکل مشاهده شد (Zhu et al. 2011). نتایج تجزیه ارتباط (جدول ۱۱) بین صفت بیماری با نشانگرها نشان داد که ۹ آل با بیماری ارتباط داشت. نشانگرهای PRI 50-3، PRI 45-1، PRI 50-1، PRI 50-2 و PRI 50-1 در سطح احتمال یک درصد ارتباط مثبت و معنی‌داری و نشانگرهای PRI 20-1، PRI 50-1 و PRI 7-1 در سطح احتمال یک درصد دارای ارتباط منفی و معنی‌دار نشان دادند. دو نشانگر PRI 37-2 و نیز با این صفت در سطح احتمال پنج درصد ارتباط مثبت و معنی‌داری نشان دادند. نتایج بررسی تنوع ژنتیکی ۲۰ نمونه گندم دوروم با استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR نشان داد که کاربرد این نشانگرها روشی ارزان قیمت و سریع برای ارزیابی تنوع ژنتیکی تعداد زیادی نمونه می‌باشد. همچنین مشخص شد که در مطالعات ژنومی نشانگر ISSR تنوع و اطلاعات بیشتری نسبت به نشانگر RAPD در اختیار قرار می‌دهد (Moradi & Choghamirza 2006). کاربرد نشانگرهای مولکولی، ارزیابی تنوع ژنتیکی را تسهیل نموده و به علت سرعت بالا و همچنین دقت در ردیابی تنوع در جمعیت، جایگزین مناسبی برای سایر روش‌ها می‌باشد (Kara et al. 2016). این نشانگرها تحت تاثیر شرایط آب و هوایی قرار نمی‌گیرند (Hai et al. 2015) همچنین چندشکلی ژنتیکی مشاهده شده توسط نشانگرهای مولکولی، اطلاعات مهمی در باره‌ی تاریخچه هر ژنوتیپ ارائه می‌دهد که لزوماً بر اطلاعات به دست آمده از صفات زراعی منطبق نیست (Toklu et al. 2015). نتایج این تحقیق نشان داد که نشانگرهای مورد بررسی با چندین صفت مرتبط بودند که می‌تواند مقدمه‌ای بر انجام تحقیقات دقیق‌تر در نواحی کاندید شناسایی شده در ژنوم باشند. با توجه به این نتایج، مجموعه نشانگرهای استفاده شده در این پژوهش برای اهدافی نظیر تمایز، شناسایی، ارزیابی تنوع و روابط ژنتیکی جمعیت‌های گندم سودمند می‌باشند. در این مطالعه، روابط معنی‌داری بین صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت با نشانگرهای مولکولی ISSR یافت شد. از این نتایج می‌توان در جمعیت‌های بزرگتر برای گزینش ارقام از طریق گزینش به کمک نشانگر به منظور گزینش ارقام با عملکرد دانه مطلوب بهره برد. از سوی دیگر یافته‌های این پژوهش، کارآمدی روش تجزیه ارتباطی را در شناسایی دقیق و مؤثر مکان‌های کنترل کننده صفات در سطح ژنوم اثبات می‌نماید که می‌توان در تحقیقات آتی با استفاده از تکنیک‌های مهندسی ژنتیک این ژن‌ها را به جمعیت‌ها و واریته‌های فاقد آنها انتقال داد. همچنین ۹ نشانگر به عنوان آل‌های آگاهی‌بخش مرتبط با تحمل به بیماری سفیدک در گیاه گندم معرفی شدند.

جدول ۱۰. تجزیه ارتباط نشانگرهای مولکولی IRAP و ISSR برای صفات مورفولوژیک مورد مطالعه.

Table 10. Associate analysis of ISSR and IRAP molecular markers for studied morphological traits.

R ²	F	خطای استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	نام پرایمر Primer name	R ²	F	خطای استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	نام پرایمر Primer name	R ²	F	خطای استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	نام پرایمر Primer name	
ارتفاع (Height)					تعداد سنبلیچه (Number of spikelet)					تعداد دانه پوک (Number of unfilled grain)					
9.22	6.484	1.948	0.421**	PR 13-2	9.61	8.691	0.495	0.399**	PR 42-4	8.51	7.173	0.610	-0.290**	PR 43-3	
14.61	8.232	3.823	-0.353**	PR 42-4	12.93	7.114	0.266	0.333**	PR 13-3	15.31	7.479	0.593	0.319**	PR 37-3	
15.91	8.871	1.737	-0.302**	PR 37-2	14.23	7.186	0.257	0.182**	PR 45-2	18.22	7.612	0.625	-0.750**	PR 45-4	
16.23	9.404	2.567	-0.402**	PR 14-4	15.62	7.479	0.516	0.339**	PR 13-1	19.32	7.993	0.556	0.434**	PR 14-3	
16.57	9.090	1.986	0.328**	PR 20-2	16.32	7.779	0.262	-0.334**	PR 14-1	21.12	8.353	0.730	-0.203*	PR 43-6	
17.37	10.20	1.886	0.300**	PR 14-6	17.32	7.615	0.465	0.227*	PR 7-4	22.31	8.743	0.650	0.522**	PR 13-2	
90.106	عرض از مبدا (intercept)				16.477	عرض از مبدا (intercept)				22.98	8.986	0.620	0.256**	PR 13-3	
طول ریشک (Awn length)					تعداد گلچه (Number of floret)					30.12	9.218	1.111	0.320**	PR 13-1	
9.65	6.717	0.135	0.386**	PR 42-3	11.36	6.960	14.367	0.379**	PR 37-1	31.52	10.381	0.699	-0.413**	PR 45-1	
13.26	6.648	0.147	0.442**	PR 13-3	11.93	6.740	15.570	-0.523**	PR 43-6	33.21	11.375	0.614	0.244**	PR 42-2	
17.22	7.047	0.138	0.309*	PR 37-3	12.31	7.108	13.333	0.414**	PR 42-1	34.25	11.792	1.432	0.216*	PR 31-1	
19.65	7.341	0.243	-0.289*	PR 7-4	12.96	7.224	11.287	0.282*	PR 13-4	34.98	12.412	0.704	-0.191*	PR 14-5	
5.667	عرض از مبدا (intercept)				217.719	عرض از مبدا (intercept)				15.954	عرض از مبدا (intercept)				
وزن هزار دانه (1000-Grain weight)					عملکرد اقتصادی (Ecologic yield)					قطر پدانکل (Peduncle diameter)					
16.25	7.297	0.402	0.394**	PR 45-4	6.21	8.336	266.680	0.389**	PR 20-4	9.52	15.322	0.071	0.382**	PR 42-3	
16.45	6.573	0.769	-0.308*	PR 13-1	9.33	7.797	235.482	0.330**	PR 7-3	14.32	03.107	0.151	0.474**	PR 13-1	
17.31	6.241	0.940	-0.269*	PR 31-1	9.45	7.982	246.600	-0.306*	PR 13-4	19.32	12.499	0.069	0.344**	PR 45-2	
31.197	عرض از مبدا (intercept)				338.455	عرض از مبدا (intercept)				19.98	12.091	0.086	0.365**	PR 50-5	
طول دانه (Grain length)					عملکرد بیولوژیک (Biologic yield)					20.13	12.309	0.068	0.284**	PR 45-3	
13.24	6.240	0.061	0.339*	PR 20-3	9.32	8.044	837.407	0.475**	PR 20-4	21.21	11.665	0.066	-0.203*	PR 45-5	
6.622	عرض از مبدا (intercept)				10.21	6.389	818.076	0.282*	PR 45-1	2.792	عرض از مبدا (intercept)				
تعداد گیاهچه (Number of seedling)					عرض از مبدا (intercept)					شاخص برداشت (Harvest index)					
8.21	6.097	1.455	0.351**	PR 37-3	طول پدانکل (Peduncle length)					7.92	6.040	0.723	0.483**	PR 13-2	
12.99	5.676	1.524	-0.287*	PR 45-4	11.26	5.744	1.707	0.384**	PR 31-2	8.12	9.895	0.704	0.537**	PR 7-3	
51.274	عرض از مبدا (intercept)				16.21	6.623	1.332	0.603**	PR 50-5	8.39	10.238	0.872	0.330**	PR 14-5	
تعداد پنجه (Number of tiller)					19.32	7.324	2.617	-0.341**	PR 31-1	9.32	9.464	0.799	-0.279*	PR 43-4	
12.11	6.855	25.010	0.376**	PR 7-3	21.23	7.506	1.093	0.316*	PR 7-1	9.66	8.974	0.668	-0.234*	PR 42-3	
13.69	7.383	28.303	0.339*	PR 20-4	22.98	7.476	2.342	0.267*	PR 13-1	عرض از مبدا (intercept)					
377.017	عرض از مبدا (intercept)				19.232	عرض از مبدا (intercept)									

جدول ۱۱- تجزیه ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و واکنش به بیماری سفیدک پودری گندم.

Table 11. Associate analysis of molecular markers for response to Powdery mildew.

f	خطای استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	پرایمر Primer
77.896	0.448	0.524**	PR 50-3
106.827	0.516	0.566**	PR 45-1
89.745	0.520	-0.398**	PR 20-1
78.612	0.436	0.204**	PR 50-5
70.389	0.331	-0.173**	PR 50-1
67.586	0.515	-0.235**	PR 7-1
64.761	0.228	0.099*	PR 37-2
63.561	0.533	0.235**	PR 50-2
63.847	0.490	0.162*	PR 42-1
Adjusted R ²	0.976	2.547	عرض از مبدا (intercept)

به طور کلی می توان با استفاده از این آغازگرها که توانایی تکثیر لوکوس های آگاهی بخش را دارند گیاهان را در مرحله ی گیاهچه ای مورد غربالگری قرار دارد که کمک شایانی به به نژادگران در کوتاه کردن زمان و کاهش هزینه می نماید. مقایسه سطوح تنوع بین تحقیقات مختلف دشوار است زیرا به تعداد الل های شناسایی شده در هر جایگاه، میزان تنوع ژنتیکی نمونه ها و نیز تعداد ژنوتیپ های مورد بررسی در تحقیق بستگی دارد. بنابراین انجام تحقیقات بیشتر با استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف و متعدد ضروری به نظر می رسد.

منابع

احمدی معصومه، فاضلی آرش، آرمینیان علی (۱۳۹۶) شناسایی نشانگرهای ISSR آگاهی بخش مرتبط با تحمل به سفیدک پودری در گیاه بالغ جو. پژوهش نامه اصلاح گیاهان زراعی ۹(۲۲)، ۴۰-۳۱.

پهلوانی سمیه، ایزانلو علی، پارسا سهیل، قادری محمدقادر (۱۳۹۵). ارتباط بین صفات کیفی دانه و نشانگرهای مولکولی SSR در برخی از ژنوتیپ های گندم نان. پژوهش نامه اصلاح گیاهان زراعی ۸، ۲۵-۳۶.

خارستانی هادی، نصرالله نژاد قمی علی اصغر، مهربانی علی اشرف (۱۳۹۲) بررسی تنوع ژنتیکی گندم های اینکورن با استفاده از نشانگرهای ریزوماهواره. مجله الکترونیک تولید گیاهان زراعی ۲، ۱۶-۱.

سیدآقامیری سیدمرتضی، مصطفوی خدایار، محمدی احمد (۱۳۸۹). بررسی روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد تحت شرایط نرمال و تنش خشکی در ژنوتیپ‌های جو زراعی با استفاده از تجزیه علیت. پنجمین همایش ایده های نو در کشاورزی . دانشگاه آزاد خوراسگان . اصفهان.

کریمی جشنی منصور، ترابی محمد، روستایی علی، همکاران (۱۳۸۵). معرفی پاتوتیپ های *Blumeria graminis* (Dc. Ex Merat) Speer f. sp. tritict عامل بیماری سفیدک پودری گندم از چند منطقه ایران. به نژادی نهال و بذر ۲۲، ۲۵۷-۲۷۱.

کلاته عرب مهدی، شیخ فاطمه، سوقی حمید (۱۳۸۹) بررسی تنوع ژنتیک و تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های گندم نان در شرایط کوهستانی استان گلستان، یازدهمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات، تهران، دانشگاه شهید بهشتی. کوهستانی محمد، صادق‌زاده بهزاد، ابراهیمی محمدعلی، یوسفی ولی‌الله (۱۳۹۵) شناسایی نشانگرهای SSR پیوسته با صفات زراعی در گندم دوروم. دومین کنگره بین المللی و چهاردهمین کنگره ملی ژنتیک ایران. تهران، دانشگاه شهید بهشتی. گلی علی، جرجانی عیسی، صبوری حسین، فلاحی حسین علی (۱۳۹۴) بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم بهاره پاییزه شمال با استفاده از نشانگر ISSR. پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی ۲۰، ۱۶۵-۱۷۴.

مرادی آسیه، چقامیرزا کیانوش (۱۳۸۶) ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم دوروم با استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR. خلاصه مقالات پنجمین همایش بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران، صفحه ۲۸۴. مسعودی حوریه، صبوری حسین، طلایی فاخر، جعفری‌بابا جبارآلت (۱۳۹۶) بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط برای صفات مروفنولوژیک و مقاومت به بیماری سفیدک پودری در ژرم‌پلاسم گندم با استفاده از نشانگرهای ipBS و IRAP و ISSR. زیست فناوری گیاهان زراعی ۷، ۴۱-۵۶.

منزه محمد، ترابی محمد، رضائی سعید، رضوی محمد، دهقان محمدعلی (۱۳۸۸) ارزیابی مقاومت تعدادی از لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به پاتوتیپ‌های قارچ عامل بیماری سفیدک پودری در مرحله گیاهچه‌ای و گیاه کامل. مجله به‌نژادی نهال و بذر ۳۳-۳۴، ۱-۴۹.

نظری مریم، عبدالشاهی روح الله (۱۳۹۳) بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم نان (*Triticum aestivum*) از طریق صفات مورفوفیزیولوژیک و نشانگرهای مولکولی SSR. بیوتکنولوژی کشاورزی ۶، ۲۱۵-۲۳۱. نقوی محمدرضا، قره‌یاضی بهزاد، حسینی سالکده قاسم (۱۳۸۸) نشانگرهای مولکولی. انتشارات دانشگاه تهران. ۳۵۰ صفحه.

References

Ahmadi M, Fazeli A, Arminian A (2017) Identification of Informative ISSR Marker Linked to Resistance to Powdery Mildew in Barley (*Hordeum vulgare*) at Adult Growth Stage. J Crop Breed 9, 31-40 (In Persian).

- Babaeizad V, Imani JG, Kogel KH, et al. (2009) Over-expression of the cell death regulator BAX inhibitor-1 in barley confers reduced or enhanced susceptibility to distinct fungal pathogens. *Theor Appl Genet* 118, 455-463.
- Barker JSF (1999) A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. *Proceeding of the 5th world congress on Genetics Applied to Livestock productions*. University of Guelph, Guelph 21, 501-508.
- Buerstmayr H, Lemmens M, Berlakovich S, Ruckebauer P (1999) Combining ability of resistance to head blight caused by *Fusarium culmorum* (W.G. Smith) in the F1 of a seven parent diallel of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 110, 199-206.
- Condon FC, Gustus Donald CR, Smith KP (2008) Effect of advanced cycle breeding on genetic diversity in barley breeding germplasm. *Crop Sci* 48, 1027-1036.
- Eichmann R, Hüchelhoven R (2008) Accommodation of powdery mildew fungi in intact plant cells. *J. of Plant Physiol* 165, 5-18.
- Esmailzadeh Moghaddam M, Jalal Kamali MR, Aghaee M, et al. (2009) Status of Wheat and Wheat Rusts in Iran. In: R.A. McIntosh (ed.), *Borlaug Global Rust Initiative 2009 Technical Workshop Proceedings*. 17-20 March 2009. Cd. Obregon, Mexico: BGRI, pp. 155-158.
- Fabriki OS, Shamsbakhsh M, Jalali MJ, Jafari A (2009) Genetic diversity in indigenous masses of Iranian Melon (*Cucumis melo* L.) using the micro-satellite markers (ISSR). *Iran J Biol* 22, 271-281
- Fang XW, Xiong EH, Zhu W (1996) Cluster analysis of elit wheat germplasm. *Jiangsu Agric Sci* 4, 14-16.
- Goli A, JorJani A, Sabouri H, Fallahi HA (2015) Genetic variation of different spring genotypes of spring wheat in north of Iran using ISSR marker. *J of Crop Breed* 20, 165-174 (In Persian).
- Hai L, Guo H, Wagner C, et al. (2015) Genomic regions for yield and yield parameters in Chinese winter wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes tested under varying different wheat materials. *Plant Sci* 175, 226-232.
- Kalate arab M, Sheikh F, Soughi H (2010) Genetic variation and cluster analysis of bread wheat genotypes in mountainous conditions of Golestan province. 11 th Congress of Agronomy and Plant Breeding, Tehran, Shahid Behashti university (In Persian).
- Kara K, Mezghani N, Debbabi OS, et al. (2016) Assessment of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) using agro-morphological characters and microsatellite markers. *Int J Biosci* 9, 92-101.

- Karimi Jashni M, Torabi M, Roostaii MA, et al. (2006) Pathotypes of *Blumeria graminis* (Dc. Ex Merat) Speer f.sp. tritici, the causal agent of wheat powdery mildew from some regions of Iran. *Seed and Plant* 22, 257-271 (In Persian).
- Kharestani H, Nasrolah Nejad Qomi AA, Mehrabi AA (2011) Genetic diversity assessment of Einkorn wheat by using microsatellite markers. *Electron J crop product* 6, 1-16 (In Persian).
- Kouhestani M, Sadeghzade b, Ebrahimi MA, Yousefi V (2016) Identification of continuous SSR markers with agronomic traits in durum wheat. The 2nd International Congress and 14th National Congress of Genetics of Iran. Tehran, Shahid Behashti university (In Persian).
- Li G, Fang T, Zhang H, Xie C et al. (2009) Molecular identification of a new powdery mildew resistance gene Pm41 on chromosome 3BL derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *Dicoccoides*). *Theo Appl Genet* 119, 531–539.
- Masoudi H, Sabouri H, Taliei F, Jafarby J (2017) Genetic diversity and association analysis for morphophenologic traits and resistance to Powdery mildew using ISSR, IRAP and iPBS markers. *Crop Biotechnol* 18, 41-56 (In Persian).
- McIntosh RA, Yamazaki Y, Dubcovsk YJ et al. (2008) Catalogue of gene symbols for wheat. In: Appels R, Eastwood R, Lagudah E, Langridge P, Mackay M, McIntyre L, and Sharp P (eds.) *Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium*, Sydney University Press, Sydney, Australia.
- Monazah M, Torabi M, Rezaee S et al. (2008) Evaluation of the resistance of a number of promising lines of wheat to pathotypes of fungi causing powdery mildew disease in planting and planting stage. *Seed Plant Improv J* 25, 33-49 (In Persian).
- Moradi A, Chaghamirza K (2007) Assessing genetic diversity of wheat genotypes using RAPD markers and ISSR. *Proceedings of the Fifth International Conference on Biotechnology of Iran*, Razi University, Kermanshah, Iran. pp. 132-143 (In Persian).
- Najaphy A, Ashrafi Parchin R, Farshadfar E (2011) Evaluation of genetic diversity in wheat cultivars and breeding lines using inter simple sequence repeat markers. *Biotech Equip* 10, 2634-2638.
- Nazari M, Abdolshahi R (2015) Valuation of genetic diversity in bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) using morpho-physiological traits and SSR markers. *Agri Biotechnol* 6, 215-231 (in Persian).
- Norkhalaj M, Khodarahmi M, Amini A, et al. (2010) Study on Correlation and Causation relations of Morphological traits in synthetic wheat liens. *J Agro Plant Breed* 6, 7-17.
- Naghavi M, Ghare yazi B, and Hoseini Salekde Gh (2009) Molecular markers. Tehran

- university Publication. 350 p (In Persian).
- Pahlavani S, Izanloo A, Parsa S, Ghaderi MG (2016) Association between Grain Quality Traits and SSR Molecular Markers in Some Bread Wheat Genotypes. *J of Crop Breed* 8, 25-36 (In Persian).
- Pasqualone A, Lotti C, Bruno A, et al. (2000) Use of ISSR markers for cultivar identification durum wheat. *Mediterraneennes. Ressources ciheam. Org Pp*:157-161.
- Pierre CS, Crossa J, Manes Y, Reynolds MP (2010) Gene action of canopy temperature in bread wheat under diverse environments. *Theor Appl Genet* 120, 1107–1117.
- Rana, MK, Bhat KV (2004) A comparison of AFLP markers for genetic diversity and cultivar identification in cotton. *Plant Biochem and Biotechnol* 13:19-24.
- Roder MS, Korzun V, Wendehake K et al. (1998) A microsatellite map of wheat. *Genet* 149, 2007-2023.
- Roldan-Ruiz FA, Gilliland TJ, Dubreuil P et al. (2001) A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor J Appl Genetics* 103, 1138-1150.
- Roy JK, Bandopadhyay R, Rustgi S et al. (2006) Association analysis of agronomically important traits using SSR, SAMPL and AFLP markers in bread wheat. *Current Sci* 90, 5-10.
- Saghai Maroof MA, Biyashev RM, Yang GP et al. (1994) Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley species diversity, chromosomal location, and population dynamics, *Proceeding of the National Academy of Sciences. USA.* 91, 5466-5570.
- Shannon CE, Weaver W (1963) *The mathematical theory of communication.* University of Illinois Press, Urbana. III.
- Syed Aghamiri SM, Mostafavi Kh, Mohammadi A (2010) Relationships between yield and yield components under normal and drought stress in barley genotypes using path analysis. *The 5th conference of new ideas in agriculture*, 1-3pp. Azad University of Khorasan Iran (In Persian).
- Toklu F, Baloch FS, Karakoy T, Ozkan H (2015) Effects of different priming applications on seed germination and some agromorphological characteristics of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Turkish J of Agri and Forestry* 39, 1005-1013.
- Vanda M, Hoshmand S (2011) Genetic analysis of grain yield and related traits in durum genotypes using diallel. *Iranian J Crop Sci* 13, 206-218.
- Yeh FC, Yang R-C, Boyle TJB et al. (1997) *POP GENE*, The user-friendly shareware for population genetic analysis. Edmonton, Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.

- Zhu YF, Hu J, Han R, Wang Y, Zhu S (2011) Fingerprinting and identification of closely related wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using ISSR and fluorescence-labeled TP-M13-SSR markers. *Aust J Crop Sci* 5, 846-850.
- Zvingila D, Vaitkuniene V, Patamsts J et al. (2012) DNA polymorphism and agronomic traits of revertants from barley (*Hordeum vulgare* L.) mutant tw. *Žemdirbystė Agri* 99, 139-148.