دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم بهاره پاییزه شمال ایران با استفاده از نشانگر ISSR

علی گلی[۱]، عیسی جرجانی[۲]، حسین صبوری[۳] و حسین‌علی فلاحی[۴]

۱ و ۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استادیار، دانشگاه گنبد کاووس
۳- دانشیار، دانشگاه گنبد کاووس (نویسنده مسوول: hos.sabouri@gmail.com)
۴- استادیار، پژوهش مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گنبدکاووس

تاریخ دریافت: ۹۳/۱۱/۱۹ تاریخ پذیرش: ۹۴/۸/۱

چکیده

شناخت تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ذخایر توارثی یکی از فعالیت‌های مهم درزمینه‌ی به‌نژادی و حفظ ذخایر ژنتیکی در گیاهان است. به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در ٤٨ ژنوتیپ گندم، تکثیر مکان‌های ژنی با استفاده از ۱۰ آغازگر ISSR در آزمایشگاه ژنتیک و اصلاح نباتات دانشکده‌ی کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه گنبدکاووس در سال ۱۳۹۳ انجام شد. از تعداد ٦٢ نوار تولید شده در کل ژنوتیپ‌ها، ٤١ نوار چند شکل بودند. تعداد نوارهای چند شکل از 2 تا ۸ به ازای هر آغازگر متفاوت بود. بیشترین نوارهای چند شکل مربوط به آغازگر PRI-10 بود. مقادیر محتوای چندشکلی (PIC) بین ۰/۳۷۵ تا ۰/٤۹۸ و شاخص نشانگری (MI) هم بین ۱۸/۷۵ تا ۳۹/۸٤ در هر آغازگر متغیر بود. بیشترین درصد چندشکلی به آغازگرهای PRI-4 و PRI-10 با ۸۰ درصد و کمترین درصد چندشکلی به آغازگرهای (PRI-2+PRI-4)، (PRI-3+PRI-4) و PRI-5 با ۵۰ درصد تعلق داشت. آغازگر (PRI-3+PRI-4) بیشترین میزان شاخص شانون را با مقدار ۰/٦٦٦ و آغازگر PRI-5 با ۰/۵۰۲ کمترین را نشان دادند. بیشترین میزان تنوع ژنتیکی نی در آغازگر (PRI-3+PRI-4) با مقدار ۰/٤٧٤ و کمترین در آغازگر PRI-5 با مقدار ۰/۳۳٦ مشاهده شد. بیشترین تعداد آلل مؤثر برای آغازگر (PRI-3+PRI-4) با مقدار ۱/۹۰۸ و کمترین تعداد آلل مؤثر برای آغازگر PRI-5 با مقدار ۱/۵۸٤ به دست آمد. تجزیه‌ی خوشه‌ای به روش UPGAM و با استفاده از ضریب تشابه جاکارد، ٤٨ ژنوتیپ را در چهار گروه مجزا گروه‌بندی کرد. کمترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گروه یک و پنج مشاهده شد و این موضوع نشان‌دهنده اختلاف ژنتیکی زیاد بین دو گروه می‌باشد. لذا می‌توان از آن‌ها در صورت داشتن صفات مطلوب به‌عنوان والد در برنامه‌های اصلاحی و دورگ‌گیری برای به دست آوردن حداکثر هتروزیس استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، چندشکلی، گندم، نشانگر ISSR، PIC

مقدمه

گندم منبع اصلی کالری و پروتئین برای بخش بزرگی از جمعیت دنیا محسوب می‌شود (۳۲). یک اصلاح‌گر در صورتی شانس موفقیت در برنامه‌های اصلاحی دارد که امکان انتخاب مواد مناسب را داشته باشد و این مواد نیز دارای تنوع کافی باشند. تنوع مبنای همه‌ی گزینش‌هاست و انتخاب ژنوتیپی نیز نیازمند تنوع است (۳۲). تعیین میزان تنوع ژنتیکی در مواد گیاهی گام اولیه برای شناسایی، حفظ و نگهداری ذخایر توارثی و نیز پایه اساسی و اولیه برای تحقیقات ژنتیکی و برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (۱۸). جهت تعیین و برآورد تنوع ژنتیکی گیاهان می‌توان از روش‌های مختلفی مانند انواع نشانگرهای مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی یا DNA استفاده نمود. در بررسی تنوع ژنتیکی داده‌های حاصل از نشانگرهای مولکولی نسبت به داده‌های مورفولوژیکی، شجره‌نامه‌ها، بیوشیمیایی (نظیر آللوزایم‌ها و کروماتوگرافی) برتری دارند (۱۵). از مهم‌ترین ویژگی‌های یک نشانگر مناسب دسترسی آسان به آن، سادگی روش کار و سرعت عمل بالا، تکرارپذیری و بالا بودن درصد چندشکلی آن، هم‌بارز بودن و آسان بودن تجزیه و آنالیز داده‌های حاصل از آن می‌باشد (۳۶). ازنظر تکنیک، مواد مورداستفاده، هزینه و سرعت انجام آزمایش‌ها، مقدار DNA مورد نیاز، درجه چندشکلی، ISSRها (توالی‌های بین ریزماهواره) نشانگرهای مولکولی مطلوبی هستند (۷).

در بررسی تنوع ژنتیکی ۴۸ رقم گندم نان و ۵۱ رقم قنتشی گندم دوروم پرتغال که با استفاده از ۱۸ آغازگر ISSR انجام شد در مجموع ۹۶/۳ درصد چندشکلی برای ارقام گندم نان و ۹۸/۵ درصد چندشکلی برای ارقام گندم دوروم گزارش کردند (۸). این پژوهشگران اشاره کردند که ISSR بازتاب خوبی از تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای، بین گونه‌ای و بین ارقام‌ها را نشان داد. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی 8 رقم گندم *Triticum aestivum* L. از ۵ آغازگر ISSR و ۲ آغازگر SSR استفاده کردند و از مجموع ۴۳ نوار تکثیر شده توسط ۵ آغازگر ISSR، ۲۹ نوار (۶۷/۴۴ درصد) چندشکلی مشاهده شد. تعداد نوارهای چند شکل تکثیر شده توسط هر یک از آغازگرهای ISSR در دامنه ۳ تا ۸ نوار بود و میانگین تعداد نوارها برای هر پرایمر ۴/۸ بود و آغازگر UBC-849 قادر به تشخیص تمام ارقام مورد مطالعه بود. در بررسی تنوع ژنتیکی برخی ارقام متحمل و حساس به خشکی گندم نان با استفاده از نشانگر ISSR مشاهده شد که دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward، ارقام را به دو گروه اصلی تقسیم‌بندی نمود (۳۸).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

نتایج این پژوهش نشان داد که نشانگر ISSR به‌طور مؤثری می‌توانند برای مطالعه تنوع ژنتیکی ارقام گندم استفاده شوند. پاسکوالون و همکاران (۲۸) به‌منظور ارزیابی سودمندی نشانگرهای ISSR برای شناسایی ۳۰ رقم و ۲۰ لاین اصلاحی گندم دوروم ایتالیایی که با ۹ آغازگر صورت گرفت به این نتیجه رسیدند که آغازگرهای مورداستفاده برای متمایز کردن همه ارقام گندم دوروم مورد بررسی مناسب بودند. نشانگر RAPD را برای تعیین چندشکلی در ۲۸ رقم تجارتی سیب‌زمینی به کاربردند و سودمندی این نشانگر را برای دسته‌بندی ژرم‌پلاسم و ارزیابی تنوع ژنتیکی بیان کردند. کاربرد نشانگرهای RAPD به‌عنوان مارکر ژنتیکی در گیاهان خودگرده‌افشان با سطح تنوع داخل گونه‌ای پایین مانند گندم ثابت شده است. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۱۴ نمونه از گندم‌های نان منطقه مدیترانه (مصر و یونان) ۱۷ آغازگر RAPD را برای تجزیه‌وتحلیل و مقایسه ژنتیکی مورد استفاده قرار دادند و گزارش کردند متوسط ضریب تشابه بر اساس آغازگر RAPD برای نمونه‌های مورد مطالعه ۰/۷۱۸ است و میانگین و دامنه ضرایب تشابه ژنتیکی بین ارقام به دست آمده از مصر و یونان به طور مستقل ۰/۷۶۵ به ترتیب (از ۰/۶۶ تا ۰/۸۸) و ۰/۷۲۳ (از ۰/۶۰۴ تا ۰/۸۹۶) بود. ضرایب همبستگی کوفنتیک (r) از سه دندروگرام RAPD (برای ۱۴ رقم، ۷ رقم مصر و ۷ رقم یونان به طور جداگانه)، ۰/۷۷۴، ۰/۸ و ۰/۷۴ بود و تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی قدر به تفرق بین رقم‌های مصری و یونانی بودند اما تجزیه به مؤلفه‌های اصلی کارآمدتر بود (۱).

در آزمایش تنوع ژنتیکی ۵۴ رقم قدیمی و جدید گندم بهاره با ۲۳ جایگاه ریزماهواره ارزیابی و در مجموع ۱۵۱ آلل با تعداد آلل بین ۱۱-۳ آلل و میانگین ۶/۹ آلل برای هر جایگاه گزارش شد (۱۶). لیو و همکاران (۱۹) در مطالعه‌ای ۳۰ رقم گندم را با ۲۴ آغازگر ریز ماهواره ارزیابی و در مجموع ۱۱۵ آلل در دامنه‌ای از ۲ تا ۹ آلل و میانگین ۴/۶ آلل برای هر جایگاه گزارش کردند. تنوع ژنتیکی ۲۸ رقم و لاین ایرانی گندم نان را با استفاده از تجزیه RAPD مورد مطالعه قراردادند که دامنه ضریب تشابه از ۰/۴ تا ۰/۹۱ متغیر بود و تشابه ژنتیکی زیادی بین لاین‌ها دیده شد (۲). تنوع ژنتیکی گندم‌های بومی شمال غرب ایران را با استفاده از ۳۹ نمونه و مارکر ISSR بررسی کردند، تجزیه خوشه‌ای نشان داد که تمام نمونه‌ها در فاصله ژنتیکی ۲۵ در یک گروه قرار گرفتند (۳۷). از نشانگرهای مولکولی برای بررسی تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی دیگر مانند کلزا (۲۱) و برنج (۱۲) نیز استفاده شده است. با توجه به اینکه استفاده از نشانگرهای ISSR تاکنون برای بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم ایرانی انجام نشده بود و همچنین درصد چندشکلی بالایی که با استفاده از این نشانگر حاصل می‌شود، این پژوهش بدین منظور انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

کشت

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی بین برخی از ژنوتیپ‌های گندم، تعداد ۴۸ ژنوتیپ گندم (جدول ۱) از ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گنبدکاووس تهیه شد و سپس جهت استخراج DNA ژنوتیپ‌ها در یک خط دو متری جهت اطمینان از خلوص آنها با فاصله‌ی بین ردیف‌ها ۲۰ سانتی‌متر کشت شدند. آبیاری اولیه قبل از کشت صورت گرفت.

استخراج DNA

نمونه‌های برگی در اوایل صبح از ژنوتیپ‌های مختلف گندم به‌طور جداگانه جمع‌آوری شدند و برگ‌های هر نمونه درون کیسه‌های نایلونی همراه با اسم ژنوتیپ بسته‌بندی و بلافاصله درون ظرف یخ نگه‌داری شدند و سپس به آزمایشگاه منتقل و در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شدند. در مرحله بعد DNA ژنومی آن‌ها استخراج گردید و درنهایت کیفیت DNA با استفاده از ژل آگارز ۰/۸ درصد و کمیت DNA استخراج‌شده با استفاده از اسپکتروفوتومتر تعیین شد. استخراج DNA ژنومی در این تحقیق با تغییر در روش CTAB انجام شد.

تکثیر DNA ژنوتیپ‌ها با استفاده از نشانگرهای ISSR

تعداد ۱۰ پرایمر ISSR از موسسه‌ی سینا کلون تهیه گردید که پس از چند مرحله آزمایش و ژل‌گذاری و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، ۶ پرایمر ISSR انتخاب شد که دارای نوارهای واضح و قابل نمره‌دهی بودند که در (جدول ۲) آورده شدند. همچنین جهت بالا بردن تعداد نوارهای چند شکل از چهار ترکیب آغازگری نیز استفاده شد به این ترتیب که نمونه‌های مورد بررسی با ترکیب‌های آغازگری ۲ و ۴، ۳ و ۴، ۸ و ۴ و نهایتا ۶ و ۱۰ تکثیر شدند. پس از اتمام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، جهت بررسی محصولات PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد استفاده شد، پس از اتمام عمل الکتروفورز و رنگ‌آمیزی ژل با اتیدیوم بروماید، ژل با آب مقطر شسته شده و DNA در زیر نور UV در دستگاه Geldoc شرکت UVP آمریکا، مشاهده و عکس‌برداری شده و فایل‌های ایجاد شده جهت آنالیز با نرم‌افزار ذخیره‌سازی گردیدند.

تحلیل آماری داده‌های مولکولی

از نرم‌افزار Popgene برای تجزیه‌وتحلیل پارامترهای مربوط به جمعیت مانند محتوای اطلاعاتی چند شکل (PIC)، فراوانی آلل و تعداد آلل‌های مشاهده شده، شاخص شانون، تعداد آلل‌های مؤثر و شاخص تنوع نی از نرم‌افزار POP Gene و برای به دست آوردن فواصل ژنتیکی و رسم دندروگرام مورد انتظار از نرم‌افزار PAST استفاده گردید. هم‌چنین از نرم‌افزار PAST برای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده گردید. شاخص نشانگری که بیانگر کارایی نشانگر می‌باشد، از حاصل‌ضرب، درصد پلی‌مورفیسم مشاهده‌شده هر پرایمر در PIC آن پرایمر به دست آمد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

جدول ۱- نام و شجره ژنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 1. Name and pedigree of evaluated genotypes

ژنوتیپ	شجره
گنبد	Improved
N-80-19	SW89.3064/STAR CMBW91Y01627S-13Y...
مروارید	Improved
فلات	Improved
تجن	Improved
شیرودی	Improved
پاستور	Improved
اترک	Improved
روشن	Improved
ورنیاک	Improved
قدس	Improved
کویر	Improved
بم	Improved
پیشتاز	Improved
دریا	Improved
رسول	Improved
سایونز	Improved
گاسکوژن	Improved
خزر۱	Improved
N-80-9	trap#1/yaco/3/kauz*2//trap//kauz CM96-099y-099m
N-87-20	SABUF/7/ALTAR 84/AE.SQUARROSA (224)//…
N-87-19	MILAN CM75118/KA CM75118/K 1//TAJAN
N-87-4	BAV92/PRINIA//TAM200/PRL
N-91-8	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR
N-91-10	TILHI/5/PF74354//LD/ALD/4/2*BR12*2/3/JUP//PAR214*6/FB6631/6/ATTILA/2*PASTOR
N-91-14	PF74354//LD/ALD/4/2*BR12*2/3/JUP//PAR214*6/FB6631/5/SW89-5124*2/FASAN/6/TILH
N-91-6	PFAU/SHANGHAI#3/3/NAI60/HN//SY/4/SHIROODI/5/KAUZ/STAR
N-91-17	MILAN/S87230//BABAX
N-90-12	BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI
N-90-7	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
کریم	Improved
لاین A	Improved
لاین ۱۷	Improved
کوهدشت	Improved
زاگرس	Improved
ناز	Improved
اینیا	Improved
گلستان	Improved
گهر	Improved
مغان ۳	Improved
آرتا	Improved
مارون	Improved
هیرمند	Improved
البرز	Improved
نیک نژاد	Improved
D-88-2	CNDO/PRIMADUR//HAI-OU_17/3/SNITAN
دنا	Improved
آریا	Improved
سیمره	Improved
دهدشت	Improved

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای ISSR مورد استفاده

Table 2. Information of used ISSR primers

نام آغازگر	دمای اتصال	توالی آغازگر
PRI-1	۵۴	$(CAG)_5$
PRI-4	۴۲	$(CT)_8T$
PRI-5	۴۷	$(CCA)_5$
PRI-7	۴۲	$(CCA)_5$
PRI-9	۵۴	$(ACTG)_4$
PRI-10	۴۲	$(GT)_6CC$
PRI-2+PRI-4	۴۶	$(GAAT)_4+(CT)_8T$
PRI-3+PRI-4	۴۷	$(CCTA)_4+(CT)_8T$
PRI-8+PRI-4	۴۷	$(CT)_8A+(CT)_8T$
PRI-6+PRI-10	۴۸	$(ATG)_5+(GT)_6CC$

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

نتایج و بحث

ارزیابی‌های مولکولی

ازجمله معیارهای تعیین میزان چندشکلی، شاخص شانون (I) و تعداد آلل مؤثر (Ne) می‌باشند. نتایج مربوط به این معیارها برای هر جایگاه در (جدول ۳) آورده شده است. تعداد آلل تشخیص داده شده در هر جایگاه برای نمونه‌های موردبررسی یک شاخص خوبی از تنوع ژنتیکی می‌باشد (۲۶). تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم با استفاده از ۱۰ آغازگر ISSR موردبررسی قرار گرفت. مطابق (جدول ۴) از میان همه آغازگرهای موردبررسی ۷ آغازگر چندشکلی مناسبی را نشان دادند. آغازگرهای استفاده‌شده برای آنالیز تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم درمجموع توانستند ۶۲ مکان را شناسایی کنند که ۴۱ مکان از آن‌ها چندشکلی را نشان دادند. از ۶۲ نوار تشکیل‌شده، ۶۶/۱۲ درصد از نوارها چند شکل بودند و ۳۳/۸۷ درصد از نوارها هم یک‌شکل بودند و نیز میانگین درصد چندشکلی، ۶۵/۲۸ درصد برآورد شد که با توجه به این درصد چندشکلی می‌توان انتظار داشت که این نشانگرها بتوانند به‌عنوان یک ابزار قدرتمند در شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌های گندم عمل نمایند. نشانگر PRI-10 با ۱۰ نوار و توالی آغازگری $(GT)_6CC$، بیشترین تعداد نوار و ترکیب نشانگری (PRI-8+PRI-4) با توالی آغازگری $(CT)_8A+(CT)_8T$ با ۳ نوار کمترین تعداد نوار را به خود اختصاص داد. آلل‌های چندشکلی شناسایی‌شده توسط هر نشانگر بین ۲ تا ۸ آلل متغیر بود و به‌طور متوسط ۴/۱ آلل برای هر جایگاه مشاهده شد؛ و محتوای اطلاعات چندشکلی بین ۰/۳۷۵ تا ۰/۴۹۸ متغیر بود و به‌طور متوسط ۰/۴۷۵ بود. از معیارهای دیگر برای ارزیابی کارایی نشانگر در تعیین چندشکلی، شاخص شانون است که مقدار آن برای ترکیبات (PRI-3+PRI-4)، (PRI-8+PRI-4) و PRI-7 به ترتیب ۰/۶۶۶، ۰/۶۶۳ و ۰/۶۵۸ به دست آمد که با نتایج PIC هم‌خوانی داشت. تعداد آلل‌های مؤثر در بین نشانگرهای مطالعه شده متفاوت بود. میانگین تعداد آلل‌های مؤثر در کل ۱/۷۷ به دست آمد و از ۱/۵۸ تا ۱/۹۰ متغیر بود. بیشترین تعداد آلل مؤثر برای ترکیبات (PRI-3+PRI-4)، (PRI-8+PRI-4) به ترتیب با مقادیر ۱/۹۰ و ۱/۸۹ شناسایی شد. یکی از مهم‌ترین شاخص‌ها برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در بین کل ژنوتیپ‌ها، شاخص ژنتیکی نی است. برآورد شاخص نی نشان داد میزان تنوع از ۰/۳۳۶ تا ۰/۴۷۴ متغیر است و ترکیبات آغازگری (PRI-3+PRI-4) و (PRI-8+PRI-4) به ترتیب با مقادیر ۰/۴۷۴ و ۰/۴۷۰ بیشترین میزان تنوع ژنتیکی نی را دارا بودند. ترکیب PRI-5 کمترین میزان تنوع نی را با مقدار ۰/۳۳۶ در بین کلیه ترکیبات نشان داد. میانگین تنوع نی ۰/۴۲۱ برآورد گردید. بررسی کلی آماره‌های تنوع ژنتیکی نشان داد که از بین ۱۰ ترکیب آغازگری ISSR، سه ترکیب (PRI-3+PRI-4)، (PRI-8+PRI-4) و PRI-7 نسبت به سایر ترکیبات ISSR مقادیر بالاتری را به خود اختصاص دادند. در حقیقت می‌توان اذعان داشت که در تمایز ژنوتیپ‌ها نقش بارزتری ایفا می‌کنند. کمترین درصد چندشکلی با مقدار ۵۰ درصد به آغازگرهای PRI-5، (PRI-2+PRI-4) و (PRI-3+PRI-4) تعلق گرفت. آغازگرهای PRI-4 و PRI-10 با داشتن بالاترین میزان درصد چندشکلی (۸۰ درصد)، نشانگرهای مناسبی برای بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم بودند. نشانگر PRI-10 دارای بیشترین تعداد آلل چند شکل با مقدار ۸ و ترکیب (PRI-8+PRI-4) دارای کمترین تعداد آلل چند شکل را با مقدار ۲ بود. میانگین محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)، ۰/۴۵۷ برآورد شد که نشانگر (PRI-2+PRI-4) با ۰/۴۹۸۴ بیشترین و PRI-5 با ۰/۳۷۵ کمترین PIC را نشان دادند. هم‌چنین کمترین شاخص نشانگری MI به نشانگر PRI-5 با مقدار ۱۸/۷۵ و بالاترین شاخص نشانگری MI هم با مقدار ۳۹/۸۴ به نشانگر PRI-4 تعلق گرفت. ترکیب نشانگری (PRI-3+PRI-4) با دارا بودن بیشترین میزان محتوای اطلاعات چندشکلی و تنوع نی و تعداد آلل مؤثر در این مطالعه به‌عنوان بهترین نشانگر جهت بررسی تنوع ژنی شناسایی شد. مقدار متوسط درصد چندشکلی به‌دست‌آمده برای نشانگرهای مورداستفاده ۶۸/۲۸ درصد محاسبه گردید. در تحقیقی روی۴۱ توده محلی طالبی به همراه دو رقم خربزه با استفاده از نشانگر SSR، مقدار PIC حاصل بین ۰/۲۴ تا ۰/۷۷ به‌دست آمد (۲۵). مقدار PIC به‌دست‌آمده در بررسی تنوع ژنتیکی روی ۵۴ ژنوتیپ از توده‌های مختلف خربزه و طالبی با استفاده از ۸ آغازگر ISSR از ۰/۹۲-۰/۷۴ متغیر بود (۳۰). آغازگر ترکیبی (PRI-3+PRI-4) بیشترین میزان شاخص شانون را با مقدار ۰/۶۶۶۸ و آغازگرPRI-5 کمترین میزان شاخص شانون را با مقدار ۰/۵۰۲۹ به خود اختصاص دادند. نتایج نشان می‌دهد که در اکثر موارد با افزایش تعداد آلل، شاخص شانون افزایش می‌یابد (۲۱). بیشترین میزان شاخص تنوع ژنتیکی نی در آغازگر ترکیبی (PRI-3+PRI-4) با مقدار ۰/۴۷۴۲ و کمترین میزان تنوع ژنتیکی نی در آغازگر PRI-5 با مقدار ۰/۳۳۶۲ مشاهده شد. بیشترین تعداد آلل مؤثر برای آغازگر ترکیبی (PRI-3+PRI-4) با مقدار ۱/۹۰۸ و کمترین تعداد آلل مؤثر برای آغازگر PRI-5 با مقدار ۱/۵۸۴ به دست آمد. به‌منظور کاهش خطای استاندارد تخمین فاصله‌ای، نشانگرهای ریزماهواره مورداستفاده در مطالعات فاصله ژنتیکی باید بیشتر از ۴ آلل داشته باشند (۵). بنابراین نشانگرهای ریزماهواره در این مطالعه برای آنالیزهای تنوع ژنتیکی مناسب می‌باشند. در تحقیقی که در ۵ توده و ۱۱ رقم هیبرید ارائه کردند، میانگین آلل مؤثر ۱/۳۱ به‌دست‌آمده آمد. بیشترین میزان شاخص نشانگری در آغازگر PRI-4 با مقدار ۳۹/۸۴ مشاهده شد که نشان‌دهنده قدرت تفکیک بالاتر این آغازگر نسبت به سایر آغازگرها است و کمترین شاخص نشانگری هم مربوط به آغازگرPRI-5 بود (۲۹) از نشانگر ISSR برای شناسایی تنوع ژنتیکی ارقام و لاین های اصلاحی گندم استفاده شد (۲۴). در این آزمایش از ۱۰ آغازگر ISSR استفاده شد که مجموعاً ۸۶ نوار تولیدشده ۶۹ نوار از بین آن‌ها چندشکلی نشان دادند (۸۰/۲ درصد).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

جدول ۳- نتایج حاصل از بررسی ۴۸ ژنوتیپ گندم با استفاده از نشانگر ISSR

Table 3. Results caused evaluation of 48 wheat genotypes using ISSR markers

نام آغازگر	توالی آغازگر	دمای اتصال آغازگر	تعداد کل نوارها	تعداد نوارهای چند شکل	درصد چندشکلی	شاخص نشانگری MI	محتوای اطلاعات ژنتیکی PIC	شاخص شانون I	شاخص تنوع ژنتیکی نی H	تعداد آلل مؤثر ne
PRI-1	$(CAG)_5$	۵۴	۷	۵	۷۱/۴۲	۳۰/۴۲	۰/۴۲۶۵	۰/۵۸۷۸	۰/۴۰۲۴	۱/۷۱۳۸
PRI-4	$(CT)_8T$	۴۲	۵	۴	۸۰	۳۹/۸۴	۰/۴۹۸۰	۰/۵۷۶۲	۰/۳۹۸۰	۱/۷۳۷۱
PRI-5	$(CCA)_5$	۴۷	۶	۳	۵۰	۱۸/۷۵	۰/۳۷۵	۰/۵۰۲۹	۰/۳۳۶۲	۱/۵۸۴۵
PRI-7	$(CCA)_5$	۴۲	۷	۵	۷۱/۴۲	۳۳/۵۶	۰/۴۷۰۷	۰/۶۵۸۹	۰/۴۶۶۵	۱/۸۷۹۰
PRI-9	$(ACTG)_4$	۵۴	۶	۴	۶۶/۶۶	۲۵/۹۹	۰/۳۹۰۱	۰/۵۶۵	۰/۳۷۹۵	۱/۶۳۱۸
PRI-10	$(GT)_6CC$	۴۲	۱۰	۸	۸۰	۳۹/۰۴	۰/۴۸۸۵	۰/۵۸۱۸	۰/۴۰۶۵	۱/۷۵۹۵
PRI-2+PRI-4	$(GAAT)_4+(CT)_8T$	۴۶	۶	۳	۵۰	۲۴/۹	۰/۴۹۸۴	۰/۶۵۳۶	۰/۴۶۱۰	۱/۸۶۰۹
PRI-3+PRI-4	$(CCTA)_4+(CT)_8T$	۴۷	۶	۳	۵۰	۲۴/۶	۰/۴۹۲۱	۰/۶۶۶۸	۰/۴۷۴۲	۱/۹۰۸۶
PRI-8+PRI-4	$(CT)_8A+(CT)_8T$	۴۷	۳	۲	۶۶/۶۶	۳۱/۸۶	۰/۴۷۸۲	۰/۶۶۳۱	۰/۴۷۰۴	۱/۸۹۳۱
PRI-6+PRI-10	$(ATG)_5+(GT)_6CC$	۴۸	۶	۴	۶۶/۶۶	۳۰/۲۶	۰/۴۵۴۳	۰/۶۰۸۹	۰/۴۱۹۵	۱/۷۳۹۶
میانگین	–	–	۶/۲	۴/۱	۶۵/۲۸	۲۹/۹۲	۰/۴۵۷	۰/۶۰۶۵	۰/۴۲۱	۱/۷۷

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

تعیین ژنوتیپ‌های تأثیرگذار و بحرانی

برخلاف صفات فنوتیپی که در بیشترین موارد و مخصوصاً هنگامی‌که صفت دارای همبستگی بالا باشند، دو مؤلفه اول بیش از ۹۰ درصد تغییرات را توجیه می‌کنند، در داده‌های نشانگرهای مولکولی امکان توجیه مقادیر بیشتر واریانس متغیرهای اولیه توسط چند مؤلفه‌ای اصلی وجود ندارند. در بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از داده‌های مولکولی بهترین حالت این است که نشانگرها توزیع یکنواخت و مناسب در ژنوم داشته باشند تا بتوانند کل ژنوم را نمونه‌برداری کنند. بنابراین درصورتی‌که نشانگرها از بخش‌های مختلف ژنوم انتخاب‌شده باشند همبستگی بین آن‌ها کم خواهد بود و درنتیجه تعداد بیشتری مؤلفه برای توجیه تغییرات کل آن‌ها لازم است. به‌عبارت‌دیگر عدم همبستگی بین آغازگرها باعث می‌شود، در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تعداد زیادی مؤلفه، مقدار کمی از تغییرات را توجیه می‌کنند. ۱۰ مؤلفه توانستند ۶۷/۶۰ درصد از تغییرات را توجیه نمایند. نتایج حاصل از تجزیه به مختصات اصلی PCOA با توجه به (جدول ۴) اولین مؤلفه ۱۳/۴ درصد از تغییرات را توجیه می‌کند و مؤلفه دوم ۱۰/۵۷ درصد از تغییراتی که مؤلفه اول توجیه نمی‌کرد را توجیه نمود. به همین ترتیب روند توجیه تغییرات توسط مؤلفه‌ها ادامه دارد و درنهایت مؤلفه دهم، ۳/۵۶ درصد از تغییراتی که توسط ۹ مؤلفه قبلی توجیه نشده بود را توجیه کرد. در پژوهشی به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰ لاین امیدبخش گندم نان با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول در مجموع ۷۳ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند که بر اساس آن، صفات وزن پدانکل، وزن هزار دانه، طول پدانکل و شاخص برداشت به‌عنوان مؤثرترین صفات در ایجاد تنوع بین لاین‌ها شناسایی شدند و تجزیه خوشه‌ای به روش WARD لاین‌های مورد بررسی را در ۳ گروه قرار داد و تجزیه تابع تشخیص این گروه‌بندی را تأیید کرد (۱۷).

جدول ۴- مقادیر ویژه، نسبت واریانس تجمعی عامل‌های استخراج‌شده

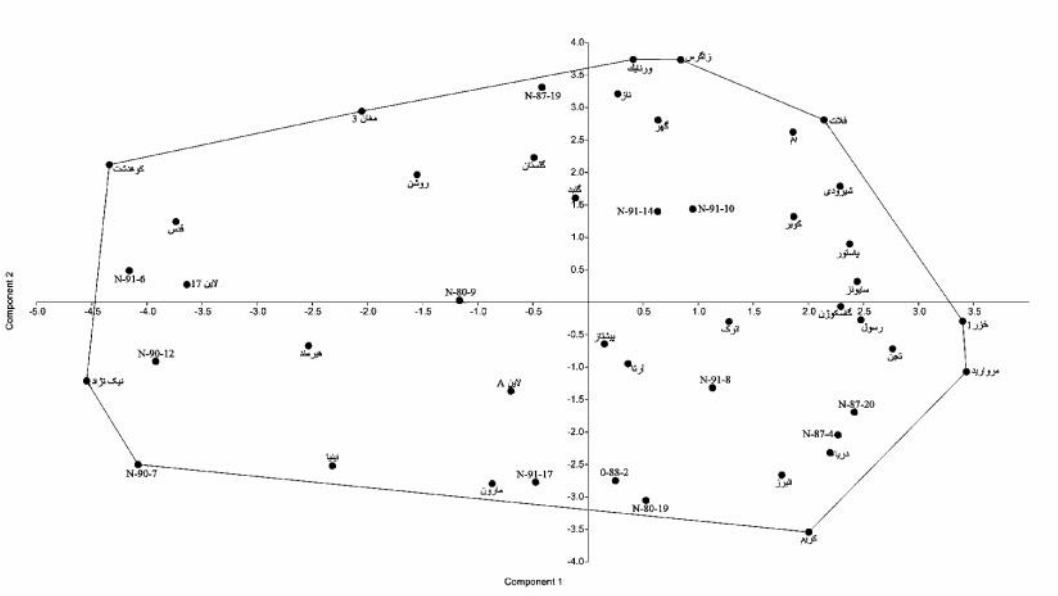
Table 4. Eigen value and cumulative variance of extracted factors

مؤلفه اصلی	مقدار ویژه	درصد واریانس
۱	۵/۴۹	۱۳/۴
۲	۴/۳۳	۱۰/۵۷
۳	۳/۰۷	۷/۴۹
۴	۲/۶۷	۶/۵۱
۵	۲/۵۵	۶/۲۴
۶	۲/۲۵	۵/۴۹
۷	۲/۱۱	۵/۱۶
۸	۲/۰۰۹	۴/۹۰
۹	۱/۷۴	۴/۲۵
۱۰	۱/۴۶	۳/۵۶

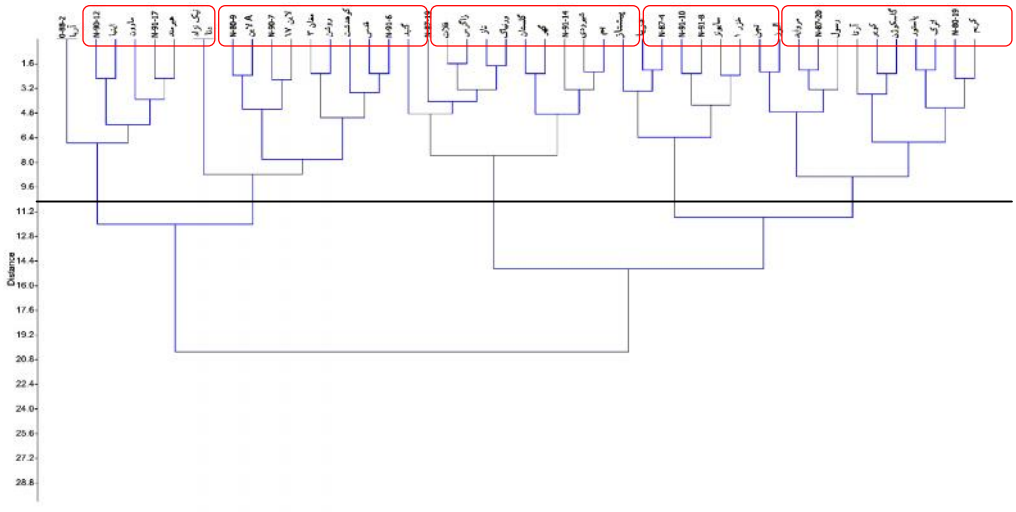
تجزیه‌ی بای پلات با استفاده از نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ژنوتیپ‌های ورناک، زاگرس، فلات، خزر ۱، نیک‌نژادکریم، مروارید، کوهدشت، مغان ۳ و N-90-7 جزء ژنوتیپ‌های بحرانی بودند (شکل ۱) و در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها نقش مهمی را ایفا کردند تجزیه‌ی خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس داده‌های مولکولی با تجزیه کلاستر بر اساس روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد و برش دندروگرام در فاصله 10 ژنوتیپ‌ها را به پنج گروه تقسیم کرد (شکل ۲). در گروه یک ژنوتیپ‌های کریم، پاستور، اترک، گاسکوژن، کویر، آرتا، رسول، مروارید، البرز، تجن، N-87-20 و N-80-19، قرار داشتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌های خزر۱، سایونز، دریا، پیشتاز، N-87-4، N-91-10 و N-91-8 بودند. در گروه سوم ژنوتیپ‌های بم، شیرودی، گهر، گلستان، ورناک، ناز، زاگرس، فلات گنبد، N-87-19 و N-91-14 قرار داشتند. در گروه مرفولوژیک در چهار گروه مجزا قرار داشتند. در گروه چهارم هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها والد مشترک نداشتند و از نظر مورفولوژیکی شبیه نبودند اما در یک گروه قرار گرفتند. ازآنجایی‌که نشانگرهای ISSR جزء نشانگرهای تصادفی هستند بنابراین قرارگیری ژنوتیپ‌های متفاوت ازنظر ظاهری شاید به دلیل تکثیر مناطق غیر رمز کننده توسط آغازگرهای مورد استفاده در این بررسی باشد (۳۰). البته تأثیر عوامل محیطی در بروز صفات ریخت‌شناسی را نباید فراموش کرد. بیشترین تعداد ژنوتیپ‌ها در گروه یک جای گرفتند. درگروه دوم ژنوتیپ‌های گلستان با گاسکوژن و N-91-17 با N-80-19 بیشترین شباهت ژنتیکی را داشتند این دو ژنوتیپ دارای والدین مشترکی بودند. در گروه پنجم ژنوتیپ‌های پیشتاز و N-87-19 و ژنوتیپ‌های شیرودی و روشن بیشترین شباهت ژنتیکی را داشتند. کمترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گروه یک و پنج مشاهده شد و این موضوع نشان‌دهنده اختلاف ژنتیکی زیاد بین دو گروه می‌باشد. لذا می‌توان از آن‌ها در صورت داشتن صفات مطلوب به‌عنوان والد در برنامه‌های اصلاحی و دورگ‌گیری برای به‌دست آوردن حداکثر هتروزیس استفاده نمود. نتیجه گرفته شد ژنوتیپ‌هایی که در یک گروه قرار گرفتند باوجود تفاوت‌های ظاهری دارای تعداد توالی‌های تکراری مشابه هستند. اختلاف بین ژنوتیپ‌ها می‌تواند ناشی از پدیده‌های مختلف جهش‌زا مانند کراسینگ‌آور نابرابر و عدم جفت شدن بوده باشد. در تحقیقی بر روی ۳۹ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از مارکر ISSR، ۴۹ نوار، چندشکل بودند (۳۶) و در دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر و پلات، ژنوتیپ‌های موردمطالعه را در ۷ گروه طبقه‌بندی کرد. در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

تحقیقی بر روی ۱۲۴ ژنوتیپ گندم نان به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های گندم نان در شرایط کوهستانی استان گلستان، نتایج حاصل از تجزیه کلاستر، ژنوتیپ‌های موردبررسی را در ۵ گروه متفاوت طبقه‌بندی نمود (۱۳). در پژوهشی بر روی ۱۸ ژنوتیپ گندم با استفاده از ۱۲ نشانگر ISSR، ۸۴ نوار چندشکلی را به دست آورد و نیز تجزیه خوشه‌ای بر اساس داده‌های مولکولی به روش UPGMA، ژنوتیپ‌ها را در ۴ گروه مجزا قرارداد (۱۰). در پژوهشی بر روی ۱۱۲ ژنوتیپ گندم بومی نان، در بررسی تنوع ژنتیکی، دسته‌بندی ژنوتیپ‌های موردبررسی را بر اساس تجزیه کلاستر به روش UPGMA، گندم بومی نان را در ۸ گروه مشابه قرارداد (۳).



شکل ۱- نمودار دو بعدی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ژنوتیپ‌ها
Figur 1. Biplot of principle component analysis for genotypes



شکل ۲- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی
Figur 2.Clustering of evaluated genotypes

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

منابع

1. Abdellatif, K.F. and H.M. AbouZeid. 2011. Assessment of genetic diversity of Mediterranean bread wheat using Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology, 9: 157-163.
2. Abdollahi, B., B. Tabatabaei, A. Bushehri, O. Ghannadha and M, Omidi. 2003. Assessment of Genetic Diversity Among Wheat Cultivars by Using RAPD–PCR Technique, 2: 447-454 (In Persian).
3. Antonio, G.A., F.L. Benchimol, A.M. Barbosa, I.O. Geraldi, L.S. Claudio and P.S. Anete. 2004. Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines. Genetic and Molecular Biology, 27: 579-588.
4. Bakhshandeh, M.A. and R.M. Rahnama. 2005. Extraordinarily polymorphic microsatillate DNA in barely species diversity, chromosomal location, and population dynamics, proceeding of the National Academy of Sciences. USA, 91: 5466-5570 (In Persian).
5. Barker, J.S. 1999. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proceeding of the 5th world congress on genetics applied to live stock productions. University of Guelph, Guelph, 21: 501-508.
6. Bommineni, R., P.P. Jauhar, T.S. Peterson and R.N. Chibbar. 1997. Analysis of hybrids of Durum Wheat with Thinopyrum junceiforme using RAPD markers. Theoretical Genetics, 95: 757-763.
7. Brantestam, A.K., R.V. Bothmer, C. Dayteg, I. Rashal, S. Tuvesson and J. Weibull. 2004. Inter-simple sequence repeat analysis of genetic diversity and relationship in cultivated barley of Nordic and Baltic origin. Hereditas, 141: 186-192.
8. Carvalho, A., J. Lima-Brito, B. Macas and H. Guedes-Pinto. 2009. Genetic diversity and variation among botanical varieties of old Portuguese wheat cultivars revealed by ISSR assays. Biochemical Genetic, 47: 276-294.
9. Chamani Mohasses, F., H. Samezade, M. Sohani and B. Rabiei. 2012. Assessment of genetic diversity in rice, *Oryza sativa* L. using molecular markers. Third National Conference on Agricultural Biotechnology, 82-84 (In Persian).
10. Dastourani, A., KH. Zeinali nejad, M. Soltani and M. Pahlavani. 2014. Genetic variation genotypes of bread wheat (*Triticum aestivum*) using ISSR markers. Thirteenth Congress of Crop Sciences of the Third Conference of Science and Technology Seed, Crop Science Society of Iran, 125-126 (In Persian).
11. Ghulam, M.A., Y. Sirato and S.K. Masumi. 2007. Assessment of genetic diversity in sesame Detected by Amplified Fragment Length Polymorphism markers. Electronic Journal of Biotechnology, 10:15-31.
12. Honarvar1, F., H. Saoburi and A.R. Dadras. 2016. Study of Genetic Diversity of Rice Genotypes by SSR Markers and Association Analysis for Related Traits to Cold Tolerance. Journal of Crop Breeding, 8:166-173.
13. Kalate Arab, M., F. Sheikh and H. Farshadfar. 2010. Evaluation of genetic diversity and cluster analysis of wheat genotypes in mountain conditions in Golestan province. The 11th Iranian Crop Science Congress. Tehran, Shahid Beheshti University, 126-130 (In Persian).
14. Kejun, S., F. liu, V. Mus, V. Spencer. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. Bioinformatics, 21: 2128-2129.
15. Kendall, A., R. Lamkey and M. Lee. 1993. Quantitative genetics, molecular markers, and plant improvement. 10th Australian Plant Breeding Conferences, 18-23.
16. Khlestkina, E.K., M.S. Roder, A. Borner and V.K. Shumny. 2004. The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. Plant Breeding, 123: 122-127.
17. Kian Ersi, F., S. Mousavi, D. Afyoni and M. Abdollahi .2013. Genetic variation promising wheat lines using multivariate statistical methods, the first national conference on e-agriculture and sustainable natural resources, Mehr Arvand Institute of Higher Education, Tehran, 123 pp (In Persian).
18. Lavi, U., M. Akkaya, A. Bhagwat, E. Lahav and P.B. Cregan. 1994. Methodology of generation and characteristics of simple sequence repeat DNA markers in avocado. Euphotic, 80: 171-177.
19. Liu, J., L. Liu, N. Hou and A. Zhang. 2007. Genetic diversity of wheat gene pool of recurrent selection assessed by microsatellite markers and morphological traits. Euphytica, 155: 249-258.
20. Louis, E. and E. Dempte. 1987. An exact test for Hardy-Weinberg and multiple alleles. Biometrics, 43: 805-811.
21. Marzoni, H. and L. Samiezadeh. 2016. Genetic Diversity Assessment of Lines and Varieties in Winter Rapeseed (*Brassica napus* L.) using RAPD and SSR Molecular Markers Journal of Crop Breeding 8: 131-139.
22. Manifesto, M.M., A.R. Schlatter, H.E. Hopp, E.Y. Suarez and J. Dubcovsky. 2011. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. Crop Science, 41: 682-690.
23. Mohammadi, D. 2006. Genetic variation analysis of molecular data from the perspective of key articles of the Ninth Congress of Crop Sciences, 96-119 (In Persian).
24. Najaphy, A., R. Ashrafi Parchin and E. Farshadfar. 2011. Evaluation of genetic diversity in wheat cultivars and breeding lines using inter simple sequence repeat markers. Biotechnology and Biotechnology Equipment, 10: 2634-2638.
25. Nei, M. 1973. Analysis of genetic diversity in subdivided populations Proceeding of National Academy of Science USA, 70: 3321-3323.
26. Nevo E. 1978. Genetic variation in natural populations. Patterns and theory. Theoretical Population Biology, 13: 121-127.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

27. Parvathaneni, R.K., S. Natesan, A.A. Devaraj, R. Muthuraja, R. Venkatachalam, A.P. Subramani and p. Laxmanan. 2011. Fingerprinting in cucumber and melon (*Cucumis sp.*) Genotypes using morphological and ISSR markers. Journal of Crop Science and Biotechnology, 14: 39-43.
28. Pasqualone, A., C. Lotti, A. Bruno, P. De Vita, N. Di Fonzo and A. Blanco. 2000. Use of ISSR markers for cultivar identification durum wheat. Mediterraneennes Ressourcesciheam. Org, pp: 157-161.
29. Rahmanpour, S., B. Abdollahi and S. Gholamzadeh. 2012. Inter-simple sequence repeat analysis of genetic diversity and relationship in cultivated barley of Nordic and Baltic origin. Hereditas, 141: 186-92 (In Persian).
30. Roldan Ruiz, F.A., T.J. Gilliland, P. Dubreuil, C. Dillmann and J. Lallemand. 2001. A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. Theoritical and Applied Genetics, 103: 1138-1150.
31. Saghai Maroof, M.A, R.M. Biyashev, G.P. Yang, Q. Zhang and R.W. Allard. 1994. Extraordinarily polymorphic microsatillate DNA in barely species diversity, chromosomal location, and population dynamics, proceeding of the National Academy of Sciences. USA, 91: 5466-5570.
32. Salehi Jozani, GH. 1999. Some of the commercial varieties of potato genetic diversity techniques using RAPD-PCR Master Thesis, Department of Horticulture, College of Agriculture, Tehran University, 130 pp (In Persian).
33. Saunders, J.A., M.J. Pedroni, L.D.J. Penrose and A.J. Fist. 2001. AFLP Analysis of Opium Poppy. Crop Science, 41: 1596-1601.
34. Shafiei Homa, N., A. Zebarjadi, A. Najafi and R. Mohammadi. 2012. Genetic variation in Geneva types of durum wheat using molecular markers ISSR, Third National Conference on Agricultural Biotechnology of plant, animal and industrial, Mashhad, Ferdowsi University of Mashhad. 33-36 (In Persian).
35. Shannon, C. and W. Weaver. 1949. The Mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press: Urbana, USA, 362 pp.
36. Sharma, R. and P. Konandreas. 2008. "WTO Provisions in the Context of Responding to Soaring Food Prices", FAO Commodity and Trade Policy Research Working Paper No.25. FAO, Rome.
37. Sofalian, O., N. Chaparzadeh, A. Javanmard and M.S. Hejazi. 2008. Study the genetic diversity of wheat landraces from Northwest of Iran based on ISSR molecular markers. International Journal of Agriculture and biology, 10: 466-468.
38. Sofalian, O. and B. Maryam. 2013. Assessment of winter survival in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using molecular markers and some physiological traits, 30: 45-54.
39. Virik, P.S., J. Zhu, H.J. newbruy, G.G.J. Bryan, M.T. Taksa and B.V. Fard. 2000. Effectiveness of different class of molecular marker for classifying reveling variation in rice germplasm. Euphytica, 112: 275-284.
40. Zar, M., J. Ahmadi, G.A. Garosi and A.H. Beiki. 2010. Evaluation of genetic diversity in some drought tolerant and susceptible bread wheat cultivars using inter- microsatelite (ISSR) markers. Modern Genetic Journal. 15: 69-76 (In Persian).
41. Zhu, Y.F., J. Hu, R. Han, Y. Wang and S. Zhu. 2011. Fingerprinting and identification of closely related wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using ISSR and fluorescence-labeled TP-M13-SSR markers. Australian Journal of Crop Science, 5: 846-850.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

Assessment of Genetic Diversity of Facultative wheat Genotypes Belong to North of IRAN using ISSR Markers

Ali Goli[1], Issa Jorjani[2], Hossein Sabouri[3] and Hossein Ali Fallahi[4]

1 and 2- Graduated M.Sc. and Assistant Professor, Gonbad Kavous University
3- Associate Professor, Gonbad Kavous University (Corresponding author: hos.sabouri@gmail.com)
4- Assistant Professor, Research Center for Agriculture and Natural Resources Gonbad Kavous
Received: January 31, 2015 Accepted: November 1, 2015

Abstract

Identification and classification of genetic source are important in plant breeding and genetic diversity. In order to evaluate genetic diversity of 48 Facultative wheat genotypes belong to north of IRAN, an experiment was done using 10 ISSR primers in the genetic laboratory of Gonbad Kavous University. Out of 62 produced fragments, 41 fragments were polymorphic. The number of polymorphic bands were different from 2 to 8 for each primer. The maximum number of polymorphic bands were related to PRI – 10. PIC value were variable between 0.375 to 0.498 and Marker index were variable between 18.75 to 39.84. The maximum percent of polymorphism with 80% were belong to PRI-4 and PRI–10, and the minimum percent of polymorphism with %50 were belong to (PRI -2 + PRI -4), (PRI -3 + PRI -4) and PRI-5. (PRI-3 + PRI-4) and PRI-5 showed maximum Shanon index with 0.666 and 0.502, respectively. The maximum and minimum Nei genetic variability were observed for (PRI-3 + PRI-4), and PRI-5 as 0.336 and 0.474 respectively. Maximum (1.908) and minimum (1.584) number of effective alleles obtained for (PRI-3 +PRI-4), and PRI-5, respectively. The 48 genotypes were grouped in four groups by using Jacard Coefficient similarity in UPGMA cluster analysis. Cluster analysis showed that ISSR markers are reliable to manifest higher level polymorphism. It also showed that ISSR indicators is useful to evaluate genetic variability and breeding programs in wheat.

Keywords: Genetic diversity, ISSR marker, Polymorphism, PIC, Wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]