"مجله علوم زراعی ایران"
جلد هیجدهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۵

انتقال‌پذیری و چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره جو در ارزیابی روابط فیلوژنتیک جنس‌های تریتیکوم (*Triticum*) و هوردئوم (*Hordeum*)

Transferability and polymorphism of barley SSR markers in analysis of phylogenetic relationships of *Triticum* and *Hordeum* genera

خاطره علیپور[۱]، سیدابوالقاسم محمدی[۲]، محمد مقدم[۳] و بهزاد صادق‌زاده[۴]

چکیده

علیپور، خ.، س. ا. محمدی، م. مقدم و ب. صادق زاده. ۱۳۹۵. انتقال‌پذیری و چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره جو در ارزیابی روابط فیلوژنتیک جنس‌های تریتیکوم (*Triticum*) و هوردئوم (*Hordeum*). **مجله علوم زراعی ایران. ۱۸(۲): ۱۱۹-۱۰۴.**

جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم، دو جنس از طایفه تریتیسه (Triticeae) با گونه‌های زراعی مهم می‌باشند. ارزیابی روابط فیلوژنتیک گونه‌های زراعی و خویشاوندان وحشی این جنس‌ها برای استفاده بهینه از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی ضروری است. در این آزمایش روابط فیلوژنتیک چهار گونه از جنس تریتیکوم و سه گونه از جنس هوردئوم با استفاده از ۱۵۰ جفت آغازگر ریزماهواره جو مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که در مجموع ٤۹ جفت آغازگر در هر دو جنس و ۱۹ جفت آغازگر فقط در جنس هوردئوم تکثیر شدند. از بین نشانگرهای تکثیر شده، ۲۱ نشانگر در گونه‌های جنس تریتیکوم چند شکل بودند که در مجموع ۵۹ آلل با دامنه آللی ۲ تا ۵ و میانگین ۲/۸۰ آلل به ازای هر جایگاه، تکثیر شدند. در جنس هوردئوم نیز با استفاده ٤۳ نشانگر چندشکل، ۱۲۳ آلل با میانگین ۳/۰۲ آلل ودامنه تغییرات ۲ تا ١٤ بدست آمد. در مجموع در گونه‌های دو جنس، با استفاده از ۱۸ جفت آغازگر چندشکل، ۹۱ آلل با دامنه تغییرات ۲ تا ۱۹ و میانگین ۵/۰۵ آلل به ازای هر جایگاه تکثیر شدند و تنوع ژنی از ۰/١٤ تا ۰/۸۵ با میانگین ۰/۵۹ متغیر بود. بر اساس تجزیه خوشه‌ای با استفاده از الگوریتم Neighbor-Joining و ضریب فاصله Kimura-2-Parameters و نیز تجزیه به بردارهای اصلی براساس داده‌های ریزماهواره، گونه‌های مربوط به دو جنس کاملاً از یکدیگر تفکیک شدند. در خوشه جنس تریتیکوم، چهار گونه براساس سطح پلوئیدی در زیر خوشه‌های جداگانه گروه‌بندی شدند، به طوری که ارقام زراعی گندم نان کاملا از خویشاوندان وحشی آن تفکیک و گونه‌هایی با ژنوم A نیز تقریباً در کنار هم واقع شدند. در گروه جنس هوردئوم نیز ارقام زراعی جو از سه خویشاوند وحشی آن تفکیک شدند. نتایج آزمایش حاضر نشان‌دهنده کارآیی نشانگرهای ریزماهواره جو در تجزیه روابط فیلوژنتیک جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم بود. نشانگرهای مورد استفاده علاوه بر انتقال‌پذیری و چند شکلی قابل قبول در گونه‌های دو جنس یاد شده، آن‌ها را براساس ساختار ژنومی و روابط تکاملی تفکیک کردند.

واژه‌های کلیدی: انتقال‌پذیری، تنوع ژنتیکی، جو، گندم و نشانگرهای SSR

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۱۱/۰۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۵/۱۸ این مقاله مستخرج از پایان نامه کارشناسی ارشد نگارنده اول می‌باشد

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز
۲- استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، قطب علمی اصلاح مولکولی غلات. عضو انجمن علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (مکاتبه کننده)
(پست الکترونیک: mohammadi@tabrizu.ac.ir)
۳- استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز. قطب علمی اصلاح مولکولی غلات
۴- استادیار پژوهشی موسسه تحقیقات دیم کشور

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

مقدمه

طایفه Triticeae به زیر خانواده Pooideae تعلق داشته و تقریباً دارای پانصد گونه یکساله و چندساله است که از بین آن‌ها گندم، جو و چاودار مهم‌تر هستند. این تیره شامل گونه‌های زراعی مهم از جنس‌های تریتیکوم (*Triticum aestivum* and *Triticum durum*) (به ترتیب گندم نان و گندم ماکارونی) و هوردئوم (*Hordeum vulgare*) می‌باشد. گندم نان، هگزاپلوئید دارای سه ژنوم A، B و D و گندم دوروم تتراپلوئید دارای دو ژنوم A و B است. ژنوم‌های A و D به ترتیب از گونه‌های *T. urartu* و *Ae. tauschii* و ژنوم B به احتمال زیاد از گونه *Aegilops speltoides* به گندم منتقل شده است (Charmet, 2011). جنس هوردئوم نیز دارای گونه‌های دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید بوده و گونه *H. vulgare* زراعی و دیپلوئید با ۲n=2x=۱۴ کروموزوم است. گونه‌های تتراپلوئید و هگزاپلوئید این جنس اغلب وحشی هستند (Doebley *et al.*, 1992). علاوه بر گونه‌های زراعی این دو جنس، گونه‌های وحشی آن‌ها نیز از اهمیت خاصی در برنامه‌های اصلاحی برخودار هستند. بنابراین، تعیین روابط فیلوژنتیک گونه‌های زراعی و وحشی جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم می‌تواند استفاده بهینه از آن‌ها را برای شناسایی و بهره‌برداری از ژن‌های مفید تسریع نماید. با توجه به شباهت ژنومی جنس‌های طایفه Triticeae، پژوهش‌های متعددی برای تعیین روابط ژنومی و فیلوژنتیکی گونه‌های زراعی و خویشاوندان وحشی این جنس‌ها با هدف استفاده از خویشاوندان وحشی در برنامه‌های اصلاحی انجام شده است (Buyukunal-Bal and Akaya, 2002; Yildirim *et al.*, 2009; Castillo *et al.*, 2010).

مطالعات ژنومیک مقایسه‌ای در سال‌های اخیر، نشان‌دهنده وجود آرایش حفاظت شده برای نشانگرها و ژن‌ها در موقعیت مشابه بین ژنوم گونه‌های خویشاوند در گیاهان می‌باشد که در طول تکامل آن‌ها این آرایش اغلب حفظ شده است (Castillo *et al.*, 2010; Andrew *et al.*, 2000). نقشه‌های مقایسه‌ای و هم‌ردیفی نشانگرها در گونه‌های علفی مختلف نیز وجود روابط هم خطی حفاظت شده را در ژنوم آن‌ها نشان می‌دهد (Bennetzin and Freeling, 1993) که این موضوع استفاده از نشانگرهای یک گونه یا جنس را در گونه‌های دیگر یا حتی جنس‌های خویشاوند امکان‌پذیر می‌کند. در بین نشانگرهای DNA، انتقال‌پذیری نشانگرهای ریزماهواره (SSR) به علت تکرارپذیری بالا، ماهیت چندآللی، توارث هم‌بارز، فراوانی ژنومی بالا و توزیع تصادفی در ژنوم، برای بررسی روابط ژنتیکی بین گونه‌های مختلف یک جنس و نیز جنس‌های مختلف درون یک تیره گیاهی مورد استفاده قرار گرفته است (Gupta *et al.*, 2003; Adonina *et al.*, 2005; Wang *et al.*, 2005; Yildirim *et al.*, 2009; Castillo *et al.*, 2010).

انتقال‌پذیری و چندشکلی نشانگرهای SSR گندم در گونه‌های *T. durum* (Korzun *et al.*, 1999)، *T. dicoccoides* (Fahima *et al.*, 1998)، *Ae. tauschii* (Salina *et al.*, 2001)، *T. timopheevii* (Pestsova *et al.*, 2000)، *Ae. speltoides*، *Ae. longissima* و *Ae. searsii* (Adonina *et al.*, 2005)، گونه‌های اجدادی دیپلوئید مختلف (Sourdille *et al.*, 2001)، چاودار، تریتیکاله و جو (Röder *et al.*, 1995; Khlestkina *et al.*, 2004; Kuleung *et al.*, 2004) مورد بررسی قرار گرفته است. ریزماهواره‌های جو نیز برای تجزیه فیلوژنتیک در *H. chilense* (Castillo *et al.*, 2008, 2010) و جو وحشی یکساله تبتی (Zhang *et al.*, 2014)، مکان‌یابی مقایسه‌ای در گندم، چاودار و برنج (Varshney *et al.*, 2005) و تکثیرپذیری و چندشکلی در گندم نان (Holton *et al.*, 2002) استفاده گردیده است.

مطالعات متعددی در جهت دورگ‌گیری گندم و

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

جو با هدف تولید گیاهی جدید با ترکیب خصوصیات مطلوب هر دو گونه و نیز انتقال ژن‌های مطلوب جو به گندم انجام شده است (Polgári *et al*., 2104) ، بنابراین بررسی روابط فیلوژنتیک گونه‌های مربوطه و شناسایی شباهت‌های ژنومی آن‌ها می تواند در استفاده بهینه از این گونه‌ها در برنامه‌های اصلاحی مفید واقع شود. هدف این مطالعه، بررسی انتقال‌پذیری و چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره جو زراعی برای تعیین روابط خویشاوندی گونه‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در آزمایش شامل ۲۰ ژنوتیپ از جنس هوردئوم شامل ۱۷ رقم جو زراعی، دو ژنوتیپ *H. morineum* و یک ژنوتیپ *H. spontaneum* و ۲۰ ژنوتیپ از جنس تریتیکوم شامل نه رقم گندم نان، چهار ژنوتیپ *T. araraticum*، چهار ژنوتیپ *T. boeoticum* و سه ژنوتیپ *T. urartu* بود (جدول ۱). بذرهای ارقام زراعی گندم و جو از موسسه تحقیقات دیم کشور و بذرهای خویشاوندان وحشی جو و گندم از قطب علمی اصلاح مولکولی غلات دانشگاه تبریز تهیه شد. گونه‌های *T. urartu*، *T. araraticum* و *T. boeoticum* از استان ایلام و گونه‌های جو وحشی از حوزه دریاچه ارومیه جمع‌آوری شدند. استخراج DNA ژنومی از مخلوط نمونه برگی ۱۰ بوته از هر ژنوتیپ در مرحله چندبرگی به روش CTAB (Saghai Maroof *et al*., 1984) انجام و کمیت و کیفیت نمونه‌های DNA با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد و اسپکتروفتومتری تعیین گردید.

جدول ۱- ارقام گندم، جو و گونه‌های خویشاوند وحشی مورد مطالعه آن‌ها

Table 1. Name of wheat and barley cultivars and their wild relative species

ارقام زراعی و خویشاوندان وحشی گندم Wheat cultivars and wild relatives	ارقام زراعی و خویشاوندان وحشی جو Barley cultivars and wild relatives
Zagros (ABD)	Eram (H)*
Sivand (ABD)	Gohar jou (H)
Shahriyar (ABD)	Afzal (H)
Ohadi (ABD)	Fajr 30 (H)
Azar2 (ABD)	Sina (H)
Tekab (ABD)	Karoon (H)
Homa (ABD)	Walfajr (H)
Karim (ABD)	Nimrooz (H)
Sardari (ABD)	Nosrat (H)
T. urartu kc-55045 (A)	Ashar (H)
T. urartu kc-55047 (A)	Yea 188 (H)
T. urartu kc-55043 (A)	Aras (H)
T. araraticum kc-55099 (AG)	Steptoe (H)
T. araraticum kc-55061 (AG)	Shirin (H)
T. araraticum kc-55060 (AG)	Loot (H)
T. araraticum kc-55058 (AG)	Seyed Tajaddin (H)
T. boeoticum kc-55035 (A)	Sahara 3771 (H)
T. boeoticum kc-55033 (A)	*H. morineum* TN-02-216 (Y)
T. boeoticum kc-55034 (A)	*H. morineum* TN-02-290 (Y)
T. boeoticum kc-55036 (A)	*H. spontaneum* TN-02-1306 (H)

* ژنوم گونه‌های مورد مطالعه — The genome of studied species

برای آزمون انتقال‌پذیری و چندشکلی ریزماهواره‌های جو در جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم،

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

تکثیر جایگاه‌های ریزماهواره از ۱۵۰ جفت آغازگر استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز در حجم ۱۰ میکرولیتر شامل دو میکرولیتر DNA ژنومی، ۰/۵ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای مستقیم و معکوس، چهار میکرولیتر مخلوط استاندارد PCR (Master mix) و سه میکرولیتر ظاهر کننده DNA (Dye) بود. اجزای مخلوط استاندارد PCR شامل dNTPs، $MgCl_2$، بافر PCR، آنزیم *Taq* DNA polymerase و ماده رنگی بود. فرآورده‌های تکثیر شده حاصل از PCR با استفاده از الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید چهار درصد غیر واسرشته‌ساز با ضخامت ۰/۲ میلی‌متر در دستگاه ژل اسکن ۳۰۰۰ (Corbett Robotics, Australia) تفکیک شدند.

انتقال‌پذیری آغازگرها به صورت نسبت تعداد آغازگرهای تکثیریافته در گونه‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم به کل آغازگرهای مورد استفاده محاسبه شد. الگوی نواری نشانگرهای چندشکل به - صورت یک (وجود آلل) و صفر (عدم وجود آلل) امتیازدهی گردید. بعلاوه تعداد آلل‌ها، فراوانی آللی، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) و تنوع ژنی (He) نیز برای هر جایگاه برآورد گردید. پارامترهای PIC و He به ترتیب با استفاده از رابطه‌های $PIC = 1 - \sum p_i^2 - 2\sum p_i^2 p_j^2$ و $H_e = 1 - \sum p_i^2$ با استفاده از نرم‌افزار Power Marker V3.25 (Liu and Muse, 2005)محاسبه شدند. (p_i و p_j به ترتیب فراوانی آلل i ام و j ام هستند). گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، با استفاده از تجزیه خوشه‌ای با الگوریتم Neighbour–Joining و ضریب فاصله Kimura-2-Parameters با استفاده از نرم‌افزار MEGA 5.05 (Tamura *et al.*, 2011) انجام و اعتبار گروه‌بندی براساس ۱۰۰۰ بار بوت‌استرپ تعیین گردید. تجزیه به بردارهای اصلی (PCoA) نیز به عنوان روش مکمل تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار GenAlEx6.41 انجام شد. علاوه براین، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) و نیز برآورد شاخص‌های شانون (Shannon, 1948) و تنوع ژنی نی (Nei, 1973) برای برآورد تنوع درون‌گروه‌ها با استفاده از نرم‌افزار GenAlEx V.6.41 (Peakall and Smouse, 2012) انجام شد.

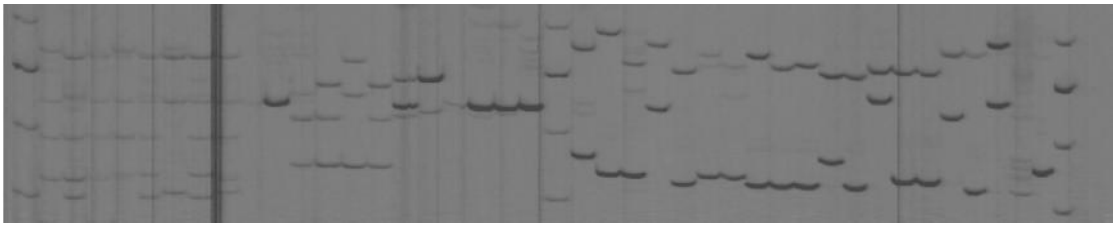
نتایج و بحث

نتایج نشان داد که در مجموع، از ۱۵۰ جفت آغازگر مورد استفاده، ۴۹ جفت آغازگر بطور مشترک در هر دو جنس تریتیکوم و هوردئوم تکثیر شدند که از این تعداد فقط ۱۸ جفت آغازگر چندشکل بودند. شکل ۱ الگوی نواری نشانگر SC07970 را در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد. آغازگرهای GBM1501، GBM1227، GBM1446، GBM1408، SC05939 و SC08447 در تعداد محدودی از ژنوتیپ‌های گندم و تعداد ۴۵ جفت آغازگر در کلیه ژنوتیپ‌های تریتیکوم تکثیر شدند. در نهایت ۲۱ جفت آغازگر چند شکل که در اغلب ژنوتیپ‌های جنس تریتیکوم (بیش از ۹۰ درصد) تکثیر شده بودند برای امتیازدهی و تجزیه‌های بعدی انتخاب شدند. تعداد ۱۳۱ جفت آغازگر از آغازگرهای مورد مطالعه در جنس هوردئوم تکثیر، ۱۹ جفت آغازگر بدون تکثیر و فقط ۴۳ جفت آغازگر چندشکلی نشان دادند.

تعداد نشانگرهای مورد استفاده، تکثیریافته و چندشکل به تفکیک هفت کروموزوم جو در مجموع هردو جنس، در جدول ۲ نشان داده شده است. تعداد نشانگرهای مورد استفاده از ۱۴ برای کروموزوم 7H تا ۴۳ برای کروموزوم 5H با میانگین ۲۱/۴۲ نشانگر به ازای هر کروموزوم و تعداد نشانگرهای تکثیر شده نیز از پنج (1H، 3H، 6H و 7H) تا ۱۳ (2H) با میانگین هفت نشانگر به ازای هر کروموزوم متغیر بود. از ۴۹ نشانگر تکثیر شده، فقط ۱۸ نشانگر در هر دو جنس چندشکلی نشان دادند که بیشترین آن به 4H و 5H با پنج نشانگر چند شکل تعلق داشت و هیچ کدام از پنج نشانگر تکثیر یافته 1H چندشکلی نشان ندادند.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]



شکل ۱- الگوی نواری نشانگر ریزماهواره جو SC07970 در گونه جنس‌های *Triticum* و *Hordeum*

Fig. 1. The banding pattern of SC07970 barley microsatellite marker in the species of *Triticum* and *Hordeum* genus

جدول ۲- انتقال‌پذیری نشانگرهای ریزماهواره جو در گونه‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم به تفکیک کروموزوم‌ها

Table 2. Transferability of barley microsatellite markers in *Triticum* and *Hordeum* species

		All accessions			*Hordeum*		*Triticum*		
		Total	Amp.	Poly.	Mono.	Amp.	Poly.	Mono.	Poly.
Barley chromosome	1H	15	4	0	4	13	4	9	0
	2H	30	8	4	4	26	11	15	3
	3H	17	3	1	2	15	2	13	1
	4H	15	9	6	3	13	7	6	5
	5H	43	10	6	4	39	11	28	5
	6H	16	8	2	6	13	4	9	2
	7H	14	3	2	1	12	4	8	2
	Total	150	45	21	24	131	43	88	18

وانگ و همکاران (Wang *et al*., 2005) با ارزیابی انتقال‌پذیری نشانگرهای ریزماهواره چهار گونه از غلات دانه درشت شامل گندم، سورگوم، ذرت و برنج و در گونه‌های دانه‌ریز شامل ارزن، چمن و پنجه‌مرغی، میانگین انتقال‌پذیری این نشانگرها را ۵۷ درصد گزارش کردند. میزان انتقال‌پذیری نشانگرها با رابطه فیلوژنتیکی یا خویشاوندی ژنتیکی آن‌ها ارتباط داشت و تکثیر بین‌گونه‌ای در گونه‌های خویشاوند بیشتر بود. کمترین میزان انتقال‌پذیری به نشانگرهای ذرت (۴۸ درصد) و بیشترین آن مربوط به انتقال‌پذیری نشانگرهای گندم نان در گندم دوروم (۸۰ درصد) اختصاص داشت. کاستیلو و همکاران (Castillo *et al*., 2008)، انتقال‌پذیری و چندشکلی ۸۲ نشانگر EST-SSR جو را در *H. chilense* مورد بررسی قرار دادند. هرچند که کلیه نشانگرها تکثیر شدند، ولی فقط ۲۱ نشانگر با الگوی تکثیری قابل قبول چندشکلی نشان دادند. وارشنی و همکاران (Varshney *et al*., 2005) نیز در بررسی انتقال‌پذیری نشانگرهای EST-SSRهای جو، تکثیرپذیری ۷۸/۲ درصد آن‌ها را در گندم، ۷۵/۲ درصد را در چاودار و ۴۲/۴ درصد را در برنج گزارش کردند. یلدیرم و همکاران (Yildirim *et al*., 2009) انتقال‌پذیری ۲۳ جفت آغازگر SSR جو را در تعدادی از ارقام زراعی غلات سردسیری شامل پنج ژنوتیپ گندم، شش ژنوتیپ جو، دو ژنوتیپ یولاف و دو ژنوتیپ چاودار مورد بررسی قرار دادند. میزان انتقال‌پذیری آغازگرهای SSR جو در گندم ۶۹ درصد، یولاف ۴۳/۵ درصد و چاودار ۵۲/۵ درصد بود و از ۱۶، ۱۰ و ۱۲ نشانگر تکثیر شده در گندم، یولاف و چاودار به ترتیب ۱۴، ۴ و ۳ نشانگر چند شکلی نشان دادند. کاستیلو و همکاران (Castillo *et al*., 2009) انتقال‌پذیری ۱۳۰ نشانگر ریزماهواره جو و ۱۴۷ نشانگر ریزماهواره گندم مربوط به ژنوم D را در گونه وحشی *H. chilense* مورد بررسی قرار دادند که ۵۸ آغازگر گندم

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

جدول ۳- خصوصیات نشانگرهای ریزماهواره جو در گونه‌های جنس تریتیکوم شامل جایگاه کروموزومی، دمای اتصال، فراوانی آلل شایع، تعداد آلل، تنوع ژنی و محتوای اطلاعات چند شکلی

Table 3. Description of barley SSR markers in *Triticum* species including chromosome location, annealing temperature, frequency of common allele, number of alleles, gene diversity and polymorphic information content

نشانگر Marker	کروموزوم Chromosome	اندازه قطعات Fragment size (bp)	دمای اتصال Annealing temperature	فراوانی آلل شایع Frequency of common allele	تعداد آلل Number of allele	تنوع ژنی Gen diversity	میزان اطلاعات چندشکلی Polymorphic information content
GBM1422	4H	150-170	60	0.80	2	0.32	0.26
GBM1405	3H	260-285	60	0.66	4	0.50	0.45
GBM1299	4H	150-192	58	0.65	3	0.50	0.44
GBM1446	2H	200-215	59	0.50	3	0.54	0.44
GBM1364	4H	135-150	59	0.85	2	0.25	0.22
GBM1366	2H	150-183	60	0.65	2	0.45	0.35
GBM1440	2H	105-114	60	0.47	3	0.61	0.53
GBM1432	7H	280-295	60	0.55	2	0.49	0.37
GBM1423	6H	250-263	60	0.70	4	0.46	0.42
SC02306	5H	105-111	60	0.94	2	0.10	0.09
SC02503	5H	115-135	59	0.55	2	0.49	0.37
SC03907	5H	112-135	59	0.85	2	0.25	0.22
SC05599	6H	150-180	60	0.61	3	0.51	0.42
SC07970	7H	125-225	60	0.70	5	0.48	0.46
SC14079	4H	120-130	59	0.75	4	0.41	0.37
SC15334	5H	175-190	59	0.88	2	0.19	0.17
SC16991	5H	135-154	59	0.70	4	0.47	0.44
SC18005	4H	150-175	59	0.55	2	0.49	0.37
SC25691	4H	210-218	59	0.55	2	0.49	0.37
SC02093	5H	185-198	59	0.60	4	0.54	0.47
SC00334	2H	205-210	59	0.95	2	0.09	0.09
Mean	میانگین			0.68	2.8	0.41	0.35

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

و ۷۱ آغازگر جو در گونه *H. chilense* تکثیر نشان دادند. در مجموع، ۱۹ نشانگر ژنوم D گندم و ۲۰ نشانگر جو چندشکل بودند. بانو بای‌کونال و آکایا (Buyukuna-Ball and Akaya, 2002) امکان استفاده از آغازگرهای ریزماهواره چندشکل جو را در گندم مورد بررسی قرار دادند. این نشانگرها در گندم تکثیر نشان دادند ولی چندشکل نبودند.

با استفاده از ۲۱ جفت آغازگر چندشکل، در مجموع ۵۹ آلل با دامنه آللی ۲ تا ۵ و میانگین ۲/۸ آلل به ازای هر جایگاه در جنس تریتیکوم تکثیر گردید. کمترین تعداد آلل به نشانگرهای GBM1422، GBM1364، GBM1366، GBM1432، SC02306، SC02503، SC03907، SC15334، SC18005، SC25691 و SC00334 با دو و بیش‌ترین آن به نشانگر SC07970 با پنج آلل تعلق داشت. فراوانی آلل شایع (آللی که در بین آلل‌های یک جایگاه بیش‌ترین فراوانی را دارد) از ۰/۹۵ برای نشانگر SC00334 تا ۰/۴۷ برای نشانگر GBM1440 متغیر بود. حداکثر و حداقل تنوع ژنی که احتمال متفاوت بودن دو آلل تصادفی از دو فرد را نشان می‌دهد، به ترتیب ۰/۶۱ (GBM1440) و ۰/۰۹ (SC00334) با میانگین ۰/۴۱ بود. محتوای اطلاعات چندشکلی از ۰/۰۹ تا ۰/۵۳ با میانگین ۰/۳۵ متغیر بود. بیشترین میزان PIC به نشانگر GBM1440 و کمترین آن به نشانگرهای SC00334 و SC02306 اختصاص داشت (جدول ۳).

در جنس هوردئوم از ۱۵۰ جفت آغازگر مورد استفاده، ۱۳۱ جفت آغازگر تکثیر و ۴۳ جفت آغازگر چندشکلی نشان دادند. در مجموع ۱۳۳ آلل تکثیر شد و تعداد آلل از ۲ تا ۱۴ متغیر بود و حداکثر تعداد آلل به نشانگر SC07970 اختصاص داشت. فراوانی آلل شایع برای نشانگرهای GBM1149، GBM1432، GBM1423، SC02503 و SC16991 دارای بیش‌ترین مقدار (۰/۹۵) و برای نشانگر SC07970 کمترین مقدار (۰/۱۵) را داشت. حداکثر تنوع ژنی به نشانگر SC07970 (۰/۹۱) و حداقل آن به نشانگرهای GBM1149، GBM1432، GBM1423، SC02503 و SC16991 (۰/۰۹) با میانگین ۰/۴۲ اختصاص داشت. محتوای اطلاعات چندشکلی از ۰/۰۹ تا ۰/۹ با میانگین ۰/۳۶ متغیر بود. نشانگر SC07970 حداکثر و نشانگرهای GBM1423، GBM1432، GBM1149، SC16991 و SC02503 کمترین مقادیر را دارا بودند (جدول ۴).

در مجموع جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم با استفاده از ۱۸ جفت آغازگر چندشکل، در مجموع ۹۱ آلل در جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم تکثیر شدند (جدول ۵). تعداد آلل‌ها از ۲ (GBM1364) تا ۱۹ (SC07970) با میانگین ۵/۰۵ متغیر بود. فراوانی آلل شایع برای نشانگر SC00334 دارای بیش‌ترین مقدار (۰/۹۲) و نشانگر GBM1405 دارای کمترین مقدار (۰/۳۱) بود و میانگین آن برابر ۰/۵۲ بدست آمد. مقدار تنوع ژنی از ۰/۱۴ تا ۰/۸۵ با میانگین ۰/۵۹ متغیر بود و نشانگرهای SC07970 و SC00334 به ترتیب حداکثر و حداقل این شاخص را داشتند.

ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2014) تنوع و ساختار ژنتیکی ۸۰ ژنوتیپ جو وحشی تبتی و ۱۹ رقم اصلاحی را با استفاده از ۴۹ نشانگر EST-SSR و ۲۰ نشانگر SSR بررسی کردند. در مجموع، ۲۱۳ آلل با میانگین ۳/۱۴ آلل به ازای هر جایگاه تکثیر گردید. محتوای اطلاعات چند شکلی از ۰/۰۸ تا ۰/۷۵ با میانگین ۰/۴۶ و تنوع ژنی (هتروزیگوتی مورد انتظار) از ۰/۰۸ تا ۰/۷۸ با میانگین ۰/۵۳ متغیر بود. کاستیلو و همکاران (Castillo *et al.*, 2010) انتقال‌پذیری و چندشکلی ۱۳۰ ریزماهواره جو و ۱۴۷ ریزماهواره ژنوم D گندم در گونه وحشی *H. chilense* مورد بررسی قرار دادند. از ۱۳۰ نشانگر جو، ۷۱ آغازگر تکثیر قابل قبولی را در ژنوم *H. chilense* نشان داشتند، ولی فقط ۲۹ نشانگر چند شکل بودند. در مجموع، ۲۵۰ آلل با استفاده از این نشانگرها در ۸۸ ژنوتیپ *H. chilense* تکثیر شدند و تعداد آلل از ۲ تا ۸ با میانگین ۸/۷۶ آلل

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

جدول ۴- خصوصیات نشانگرهای ریزماهواره جو در گونه‌های جنس هوردئوم شامل جایگاه کروموزومی، دمای اتصال، فراوانی آلل شایع، تعداد آلل، تنوع ژنی و محتوای اطلاعات چند شکلی

Table 4. Description of barley SSR markers in *Hordeum* species including chromosome location, annealing temperature, frequency of common allele, number of alleles, gene diversity and polymorphic information content

نشانگر Marker	کروموزوم Chromosome	اندازه قطعات Fragment size (bp)	دمای اتصال Annealing temperature	فراوانی آلل شایع Frequency of common allele	تعداد آلل Number of allele	تنوع ژنی Gene diversity	میزان اطلاعات چندشکلی Polymorphic information content
GBM1364	4H	135-150	59	0.68	2	0.43	0.33
GBM1299	4H	150-200	58	0.70	4	0.46	0.42
GBM1422	4H	150-185	60	0.50	4	0.64	0.58
GBM1405	3H	280-295	60	0.55	3	0.56	0.48
GBM1440	2H	140-152	60	0.80	2	0.32	0.26
GBM1366	2H	150-183	60	0.75	3	0.39	0.34
GBM1423	6H	230-250	60	0.95	2	0.09	0.09
GBM1432	7H	280-295	60	0.95	2	0.09	0.09
SC25691	4H	200-225	59	0.68	4	0.48	0.43
SC16991	5H	150-175	59	0.95	2	0.09	0.09
SC07970	7H	160-300	60	0.15	14	0.91	0.90
SC05599	6H	175-190	60	0.85	2	0.25	0.22
SC02093	5H	175-185	59	0.65	3	0.48	0.40
SC02306	5H	190-220	60	0.45	4	0.68	0.63
SC02503	5H	150-180	59	0.95	2	0.09	0.09
SC03907	5H	120-150	59	0.47	5	0.69	0.65
SC00334	2H	190-210	59	0.90	3	0.18	0.17
GBM1408	2H	220-230	60	0.75	2	0.37	0.30
GBM1411	1H	300-310	60	0.70	2	0.42	0.33
GBM1459	2H	160-175	60	0.55	2	0.79	0.37
GBM1480	1H	250-280	60	0.60	2	0.48	0.36
GBM1475	2H	140-150	60	0.63	2	0.46	0.35
GBM1149	2H	190-200	60	0.95	2	0.09	0.09
GBM1158	2H	260-275	60	0.75	2	0.37	0.30
GBM1276	6H	350-360	56	0.80	2	0.32	0.26
BMAC0508	3H	160-180	58	0.47	3	0.54	0.44
GBM1400	6H	155-172	60	0.75	3	0.40	0.36
GBM1434	1H	163-182	60	0.60	3	0.51	0.42
GBM1501	4H	270-284	56	0.63	3	0.52	0.45
GBM1516	7H	100-110	59	0.75	3	0.39	0.34
GBM1227	5H	155-172	60	0.64	2	0.45	0.35
GBM1229	5H	120-135	60	0.90	3	0.18	0.17
GBM1231	5H	165-182	59	0.60	4	0.57	0.52
GBM1446	2H	200-215	59	0.78	3	0.34	0.31
SC14079	4H	125-147	59	0.68	4	0.48	0.43
SC15334	5H	150-190	59	0.60	4	0.56	0.50
SC15864	7H	160-177	59	0.50	4	0.58	0.50
SC04163	1H	180-195	59	0.75	5	0.42	0.40
SC05939	5H	155-170	59	0.55	2	0.49	0.37
SC07106	5H	155-165	59	0.63	2	0.46	0.35
SC08447	2H	160-175	59	0.90	3	0.18	0.17
SC03381	2H	210-226	59	0.45	3	0.64	0.57
GBM1364	4H	135-150	59	0.45	2	0.17	0.35
Mean میانگین				0.68	3.11	0.42	0.36

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

جدول ۵- خصوصیات نشانگرهای ریزماهواره جو در گونه‌های جنس تریتیکوم و هوردئوم شامل جایگاه کروموزومی، دمای اتصال، فراوانی آلل شایع، تعداد آلل، تنوع ژنی و محتوای اطلاعات چند شکلی

Table 5. Description of barley SSR markers in *Triticum* and *Hordeum* species including chromosome location, annealing temperature, frequency of common allele, number of alleles, gene diversity and polymorphic information content.

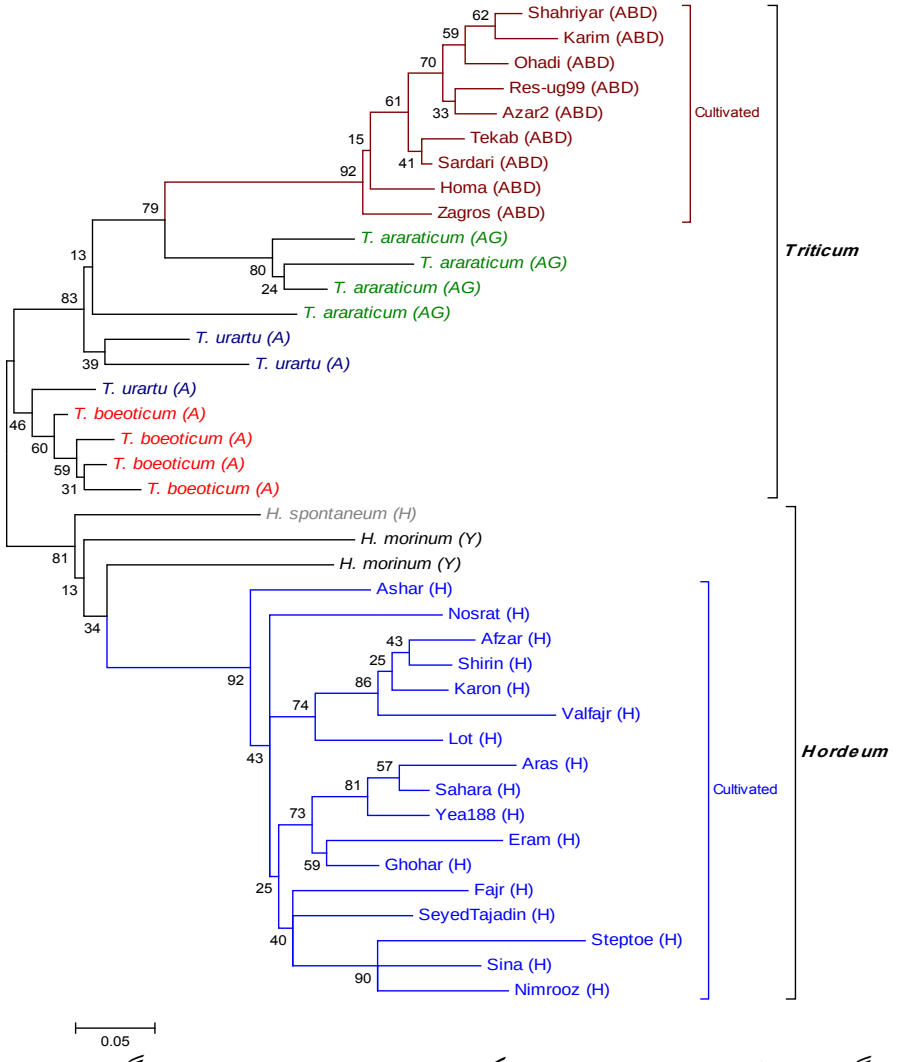
نشانگر Marker	کروموزوم Chromosome	اندازه قطعات Fragment size (bp)	دمای اتصال Annealing temperature	فراوانی آلل شایع Frequency of common allele	تعداد آلل Number of allele	تنوع ژنی Gen diversity	میزان اطلاعات چندشکلی Polymorphic information content
GBM1364	4H	135-150	59	0.58	2	0.48	0.36
GBM1299	4H	145-200	58	0.40	5	0.69	0.63
GBM1422	4H	150-185	60	0.55	5	0.62	0.57
GBM1405	3H	260-295	60	0.31	4	0.73	0.68
GBM1440	2H	105-152	60	0.58	3	0.53	0.45
GBM1366	2H	150-183	60	0.55	3	0.56	0.48
GBM1423	6H	230-263	60	0.50	5	0.61	0.54
GBM1432	7H	280-295	60	0.47	4	0.64	0.58
SC25691	4H	200-225	59	0.62	4	0.54	0.48
SC14079	4H	120-147	59	0.43	5	0.67	0.62
SC16991	5H	135-175	59	0.52	7	0.65	0.61
SC07970	7H	125-300	60	0.35	19	0.85	0.84
SC05599	6H	150-190	60	0.60	4	0.54	0.47
SC02093	5H	175-198	59	0.62	4	0.55	0.50
SC02306	5H	105-220	60	0.55	4	0.60	0.54
SC02503	5H	115-180	59	0.47	3	0.63	0.56
SC03907	5H	112-150	59	0.43	6	0.69	0.64
SC00334	2H	190-210	59	0.92	4	0.14	0.13
Mean	میانگین			0.52	5.05	0.59	0.54

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

به ازای هر جایگاه بدست آمد.

روابط ژنتیکی گونه‌های دو جنس مورد مطالعه براساس داده‌های نشانگرهای ریزماهواره جو با استفاده از الگوریتم Neighbor-Joining تجزیه خوشه‌ای و ضریب فاصله Kimura-2-Parameters و نیز تجزیه به بردارهای اصلی مورد بررسی قرار گرفت. در دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای (شکل ۲)، گونه‌های مربوط به دو جنس در دو گروه مجزا قرار گرفتند. در خوشه جنس تریتیکوم گونه‌ها براساس سطح پلوئیدی در زیر خوشه‌های جداگانه‌ای گروه‌بندی شدند، به طوری که ارقام زراعی گندم نان کاملا از خویشاوندان وحشی آن تفکیک شدند و گونه‌هایی با ژنوم A نیز تقریبا در کنار هم واقع شدند. گونه‌های جنس هوردئوم نیز یک گروه مجزا تشکیل دادند. در این گروه نیز ارقام زراعی جو از سه خویشاوند وحشی آن تفکیک شدند.



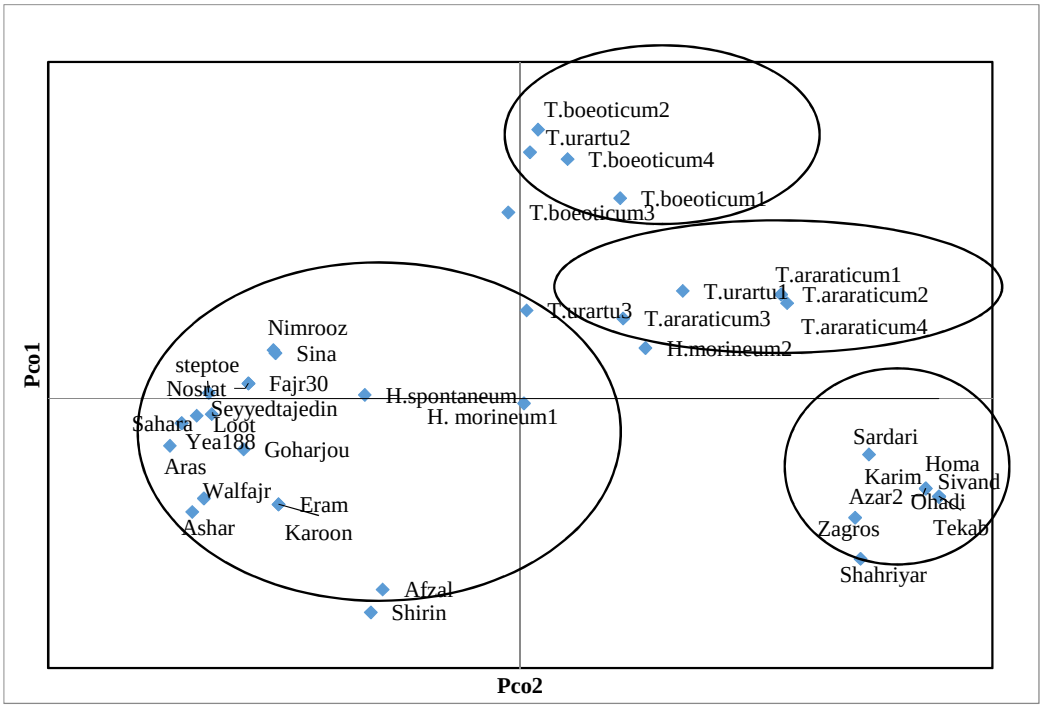
شکل ۲- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم بر اساس داده‌های نشانگرهای ریزماهواره جو با استفاده ازالگوریتم Neighbor-Joining و ضریب فاصله Kimura-2-Parameters

Fig. 2. Grouping of *Triticum* and *Hordeum* genotypes based on barley SSR markers data using Neighbor-Joining algorithm and Kimura-2-Parameters coefficient

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

در تجزیه به بردارهای اصلی، سه بردار اصلی اول به ترتیب ۴۸/۹۸، ۱۷/۸۰ و ۱۰/۵۶ درصد و در مجموع ۷۷/۳۴ درصد تغییرات مولکولی کل ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را تبیین کردند. پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو بردار اصلی اول مطابقت بالایی را با گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد (شکل ۳). بردار اصلی اول، گونه‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم را از هم تفکیک کرد. براساس بردار اصلی دوم نیز ارقام زراعی گندم (*T. aestivum*) از گونه‌های خویشاوند وحشی جدا شدند. علاوه براین، گونه‌های *T. boeoticum* و *T. araraticum* نیز گروه‌های مجزایی تشکیل دادند.



شکل ۳- پراکنش ژنوتیپ‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم بر اساس دو بردار اول حاصل از تجزیه به بردارهای اصلی

Fig. 3. Distribution of *Triticum* and *Hordeum* genotypes based on two first principal coordinates derived from principal coordinate analysis

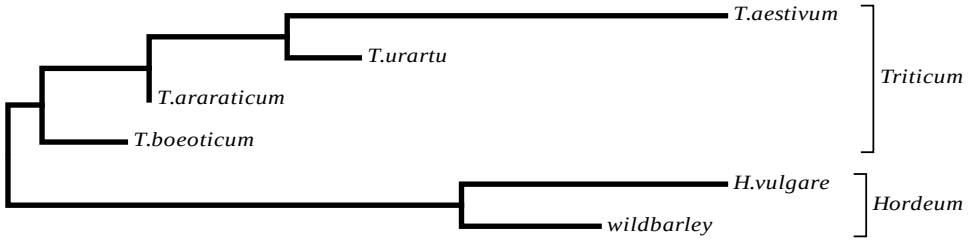
در گروه‌بندی گونه‌های مورد مطالعه با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره جو، گونه‌های جنس‌های تریتیکوم و هوردئوم به دو گروه مجزا منتسب شدند و در گروه جنس تریتیکوم بیشترین شباهت مربوط به گندم نان و *T. urartu* بود (شکل ۴). در تجزیه واریانس مولکولی با در نظر گرفتن گونه‌های این دو جنس هوردئوم و تریتیکوم به عنوان دو گروه، ۴۴ و ۵۶ درصد واریانس مولکولی کل به ترتیب توسط تغییرات بین و درون گروهی تبیین گردید.

شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای برای گونه‌های مورد مطالعه در جدول ۶ ارائه شده است. تعداد آلل متفاوت و تعداد آلل موثر به ترتیب از ۱/۳۸ (*T. aestivum*) تا ۲/۶۱ (*H. vulgare*) و ۱/۱۶ (*T. aestivum*) تا ۲/۰۹ (*H. vulgare*) متغیر بود. حداکثر و حداقل میانگین تعداد آلل خصوصی به ترتیب به گونه‌های *T. araraticum* (۰/۱۱) و *H. vulgare* (۱/۱۶) اختصاص داشت. بر اساس شاخص شانون، *T. aestivum*

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

و گونه‌های وحشی جو با مقادیر ۰/۱۵ و ۰/۶۳ دارای حداقل و حداکثر تنوع درون گروهی بودند. تنوع ژنی نااریب نیز از ۰/۲۵ (*T. urartu*) تا ۰/۵۱ (گونه‌های وحشی جو) تغییر کرد.



شکل ۴- گروه‌بندی گونه‌های گندم و جو مورد مطالعه بر اساس الگوریتم Neighbor-Joining و ضریب فاصله نی

Fig. 4. Grouping of the wheat and barley species using Neighbor-Joining algorithm Nei's genetic distance

جدول ۶- شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون گونه‌های مورد مطالعه بر اساس نشانگرهای ریزماهواره جو

Table 6. Within species genetic diversity parameters based on barley SSR markers

Index شاخص	Wild barley	*H. vulgare*	*T. boeoticum*	*T. araraticum*	*T. urartu*	*T. aestivum*
Number of different allele	2.05(0.15)*	2.61(0.55)	1.66(0.16)	1.66(0.16)	1.5(0.14)	1.38(0.16)
Number of effective allele	1.94(0.15)	2.09(0.46)	1.74(0.12)	1.54(0.12)	1.40(0.13)	1.16(0.08)
Shannon index	0.63(0.08)	0.60(0.14)	0.37(0.08)	0.41(0.08)	0.30(0.08)	0.15(0.07)
Number of private allele	0.55(0.20)	1.16(0.62)	0.22(0.10)	0.11(0.11)	0.16(0.09)	0.33(0.11)
Unbiased gen diversity	0.51(0.06)	0.34(0.07)	0.28(0.06)	0.32(0.06)	0.25(0.07)	0.27(0.04)

*Digits within parenthesis indicate standard error

*اعداد داخل پرانتز انحراف استاندارد را نشان می دهد

خانواده گندمیان (Poaceae) با ۶۰۰ جنس و حدود ۱۰۰۰۰-۹۰۰۰ گونه شامل گونه‌های زراعی مهم مانند گندم، جو، برنج و چاودار است (Kellogg, 1998). مطالعات سیتوژنتیکی نشان‌دهنده شباهت ژنومی بین گونه‌های جنس هوردئوم، به ویژه *H. chilense* با ژنوم D گندم در مقایسه با ژنوم‌های A یا B می‌باشد (Cabrera *et al.*, 1995). مطالعات کمتری برای بررسی روابط فیلوژنتیک گونه‌های هوردئوم و تریتیکوم با استفاده از نشانگرهای مولکولی انجام شده است. کاستیلو و همکاران (Castillo *et al.*, 2008) در بررسی روابط فیلوژنتیک *T. aestivum*، *T. durum*، *T. tauschii*، *T. urartu*، *H. vulgare*، *H. chilense* و *H. murinum* با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره جو گونه‌های مورد مطالعه را براساس ساختار ژنوم آن‌ها گروه‌بندی کردند، بطوری که کلاستر گونه‌های تریتیکوم به زیرگروه شامل گونه‌هایی با ژنوم A و گونه‌هایی با ژنوم‌های B و D و کلاستر گونه‌های هوردئوم نیز به زیرگروه *H. vulgare* و *H. murinum* و زیرگروه *H. chilense* تفکیک گردید.

نتیجه‌گیری

نتایج آزمایش حاضر نشان‌دهنده کارآیی نشانگرهای ریزماهواره جو در تجزیه روابط فیلوژنتیک جنس‌های هوردئوم و تریتیکوم بود، به طوری که نشانگرهای مورد استفاده علاوه بر چند انتقال‌پذیری و چند شکلی قابل قبول در گونه‌های این دو جنس، قادر به تفکیک آن‌ها براساس ساختار ژنومی و روابط تکاملی گردیدند. با توجه به اینکه یکی از مشکلات مطالعه تنوع و روابط ژنتیکی گونه‌های وحشی خویشاوند گیاهان زراعی، عدم وجود و یا تعداد کافی

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

نشانگرهای مناسب مانند نشانگرهای ریزماهواره می‌باشد و تولید چنین نشانگرهایی تا حدودی وقت‌گیر و هزینه‌بر است، انتقال‌پذیری و چندشکلی مناسب نشانگرهای ریزماهواره در این آزمایش نشان دادند که نشانگرهای ریزماهواره جو می‌توانند به عنوان ابزارهای کارآمد در بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت خویشاوندان وحشی آن‌ها مورد استفاده قرار گیرند. همچنین برای این ژرم‌پلاسم ها می‌توان پیشنهاد کرد که تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس صفات مورفولوژی و فیزیولوژی مورد بررسی قرار گیرد.

سپاسگزاری

این تحقیق با حمایت مالی قطب علمی اصلاح مولکولی غلات دانشگاه تبریز انجام شده است که بدینوسیله سپاسگزاری می‌شود.

منابع مورد استفاده

References

Adonina, I. G., E. A. Salina, E. G. Restsova and M. S. Roder. 2005. Transferability of wheat microsatellite to diploid *Aegilops* species and determination of chromosomal localization of microsatellite in the S genome. Genome, 48: 959-970.

Andrew, H., J. E. Paterson, M. D. Bawers, X. D. Buraw, G. E. Christin and J. W. Robert. 2000. Comparative genomics of plant chromosomes. Plant Cell Rep., 12: 1523-1539.

Buyukunal-Bal, E. B. and M. S. Akaya. 2002. Assessment of two highly polymorphic barley microsatellite markers for detecting polymorphism in wheat. Turk. J. Biol., 26: 9-12.

Bennetzin, J. L. and M. Freeling. 1993. Grasses as a single genetic system: genome composition, collinearity and compatibility. Trends Genet., 9: 259-261.

Cabrera, A., B. Friebe, J. Jiang J and B.S. Gill. 1995. Characterization of *Hordeum chilense* chromosomes by C-banding and *in-situ* hybridization using highly repeated DNA probes. Genome, 38: 435-442.

Castillo, A., H. Budak, R.V. Varshney, G. Dorado, A. Graner and P. Hernandez. 2008. Transferability and polymorphism of barley EST-SSR markers used for phylogenetic analysis in *Hordeum chilense*. BMC Plant Biol., 8: 97-100.

Castillo, A., H. Budak, A. C. Martin, G. Dorado, A. Borner, M. Roder and P. Hernandez. 2009. Interspecies and intergenus transferability of barley and wheat D-genome microsatellite markers. Ann. Appl. Biol., 156: 347-356.

Castillo, A., G. Dorado, C. Feuillet, P. Sourdille and P. Hernandez. 2010. Genetic structure and ecogeographical adaptation in wild barley as revealed by microsatellite markers. BMC Plant Biol., 10: 266-279.

Charmet, G. 2011. Wheat domestication: lessons for the future. C. R. Biol., 334: 212-220.

Doebley, J., R. Von Bothmer and S. Larson. 1992. Chloroplast DNA variation and the phylogeny of *Hordeum* (Poaceae). Am. J. Bot., 79: 576-584.1

Fahima, T., M. S. Roder, A. Grama and E. Nevo. 1998. Microsatellite DNA polymorphism divergence in *Triticum dicoccoides* accessions highly resistant to yellow rust. Theor. Appl. Genet., 96: 187-195.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

Gupta, P. K., S. Rustigi, S. Sharma, R. Singh, N. Kumar and H. S. Balyan. 2003. Transferable EST-SSR markers for the study of polymorphism and genetic diversity in bread wheat. Mol. Genet. Genomics, 270: 315-323.

Holton, T. A., J. Christopher, L. McClure, N. Harker and R. J. Henry. 2002. Identification and mapping of polymorphic SSR markers from expressed gene sequences of barley and wheat. Mol. Breed. 9: 63-71.

Kellogg, E.A. 1998. Relationships of cereal crops and other grasses. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95: 2005-2010.

Khlestkina, E. K., M. H. M. Than, E. G. Pestsova, M. S. Röder, S. V. Malysheva, V. Korzun and A. Börner. 2004. Mapping of 99 new microsatellite-derived loci in rye (*Secale cereale* L.) including 39 expressed sequence tags. Theor. Appl. Genet., 109: 725-732.

Korzun, V., M. S. Röder, K. Wendehake, A. Pasqualone, C. Lotti, M. W. Ganal and A. Blanco. 1999. Integration of dinucleotide microsatellites from hexaploid bread wheat into a genetic linkage map of durum wheat. Theor. Appl. Genet., 98: 1202-1207.

Kuleung, C., P. S. Baenziger and I. Dweikat. 2004. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale. Theor. Appl. Genet., 108: 1147-1150.

Liu, K. and S. V. Muse. 2005. Power Marker: Integrated analysis environment for genetic marker data. Bioinformatics, 21: 2128-2129.

Nei, M. 1973. Analysis of gen diversity in subdivided populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 70: 3321-3323.

Peakall, R. and P. Smouse. 2012. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, an update. Bioinformatics, 28: 2537-2539.

Pestsova, E., V. Korzun, N. P. Goncharov, K. Hammer, M. W. Ganal and M. S. Röder. 2000. Microsatellite analysis of *Aegilops tauschii* germplasm. Theor. Appl. Genet., 101: 100-106.

Polgári, D., A. Cseh, É. Szakács, K. Jäger, M. Molnár-Láng, L. Sági. 2014. High-frequency generation and characterization of intergeneric hybrids and haploids from new wheat–barley crosses. Plant Cell Rep., DOI 10.1007/s00299-014-1618-3.

Röder, M. S., J. Plaschke, S. U. Konig, A. Borner, M. E. Sorrells, S. D. Tanksley and M. W. Ganal. 1995. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Mol. Gen. Genet., 246: 327-333.

Saghai Maroof, M. A., K. Solaiman, R. A. Torgensen and R. W. Allard. 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 8014-8018.

Salina, E. A., I. N. Leonova, M. S. Roder, L. I. Laikova, O. I. Maystrenko, E. B. Budashkina and V. K. Shumnyi. 2001. Wheat microsatellites: the prospects of application for gene mapping and analysis of the reconstructed genomes. Russ. J. Plant Physiol., 48: 377–381.

Shannon, C. E. 1948. A mathematical theory of communication. Bell Sys. Technic. J., 27: 379-423.

Sourdille, P., M. Tavand, G. Charmet and M. Bernard. 2001. Transferability of wheat microsatellites to

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

diploid Triticeae species carrying the A, B and D genomes. Theor. Appl. Genet., 103: 346–352.

Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei and S. Kumar. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Mol. Biol. Evol., 28: 2731-2739.

Varshney, R. K., R. Sigmund, A. Borner, V. Korzun, N. Stein, M.E. Sorrells, P. Langridge and A. Graner. 2005. Interspecific transferability and comparative mapping of barley EST-SSR markers in wheat, rye and rice. Plant Sci., 168: 195-202.

Wang, M. L., N. A. Barkley, J. K. Yu, R. E. Deam, M. L. Newman, M. E. Sorrells and G. A. Pederson. 2005. Transfer of simple sequence repeat (SSR) markers from major cereal crops to minor grass species for germplasm characterization and evaluation. Plant Genet. Resour., 3: 45-57.

Yildirim, A., N. Kandemir, O. Ates Sonmezoglu and T. Eserkaya Gulec. 2009. Transferability of microsatellite markers among cool season cereals. Biotechnol. Biotechnol. Equip., 23: 1299-1302.

Zhang, M., W. Mao, G. Zhang and F. Wu. 2014. Development and characterization of polymorphic EST-SSR and genomic SSR markers for Tibetan annual wild barley. PLoS ONE 9(4): e94881. DOI: 10.1371/ Journal Pone. 0094881.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]

Transferability and polymorphism of barley SSR markers in analysis of phylogenetic relationships of *Triticum* and *Hordeum* genera

Alipour, Kh.[1], S. A. Mohammadi[2], M. Moghadam[3] and B. Sadeghzadeh[4]

ABSTRACT

Alipour, Kh., S. A. Mohammadi, M. Moghadam and B. Sadeghzadeh. 2016. Transferability and polymorphism of barley SSR markers in analysis of phylogenetic relationships of *Triticum* and *Hordeum* genera**. Iranian Journal of Crop Sciences. 18(2): 104-119. (In Persian).**

Triticum and *Hordeum* are two genera of Triticeae family with important cultivated species. Analysis of phylogenetic relationships of cultivated species and wild relatives of these genera is essential for their efficient use in breeding programs. In the present study, phylogenetic relationships of four *Triticum* and three *Hordeum* species were assessed using 150 barley microsatellite primer pairs. In total, 49 primer pairs amplified products in the both genera and 19 only in *Hordeum* species. Out of the 49 amplified markers, 21 were only polymorphic in *Triticum* species and in total, 59 alleles ranging from 2 to 5 with an average of 2.80 alleles per locus were amplified. In *Hordeum* genus using 43 polymorphic markers, 123 alleles with an average of 3.02 allele per locus and range of 2 to 14 were obtained. In two genera species, 18 polymorphic primer pairs amplified 91 alleles ranging from 2 to 19 with an average of 5.05 and gene diversity varied from 0.14 to 0.85 with a mean value of 0.59. Cluster analysis using Neighbor-Joining algorithm and Kimura-2-parameter distance coefficient and principal coordinate analysis separated the species of the two genera. In a cluster of *Triticum* genus, species were grouped based on their ploidy levels and bread wheat cultivars were separated from its wild relatives, and species with A genomes were grouped together. In *Hordeum* genus, cultivated barley was also separated from their wild relatives. Results of the present study show the efficiency of barley SSR markers in analysis of phylogenetic relationships of *Triticum* and *Hordeum* genera. In addition to reasonable transferability and polymorphism of the used markers in the species of both genera, they could also group the species based on their genomic constitution and evolutionary relationships.

Key words: Barley, Genetic diversity, SSR markers, Transferability and Wheat.

Received: Januray 2016 **Accepted: August 2016**

1- Former MSc. Student, Unversity of Tabriz, Tabriz, Iran
2- Professor, University of Tabriz, Tabriz, Iran (Corresponding author) (Email: mohammadi@tabrizu.ac.ir)
3- Professor, University of Tabriz, Tabriz, Iran
4- Assitant Prof., Dryland Agricultural Research Institute, Maraghe

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-06-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1395.18.2.2.3]