



Investigation of informative CBDP and SCoT markers for morphological traits in wheat genotypes

Behzad Naeimi 

MSC Graduate, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous, University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: naeimi.behzad.n73@gmail.com

Fakhtak Taliei 

*Corresponding Author: Associate Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: Taliey.fa@gmail.com

Abbas Biabani 

Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: abbas.biabani@gonbad.ac.ir

Masoumeh Kheirgu 

Department of Horticulture-Crops Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran. Email address: mkheirgoo@gmail.com

Abstract

Objective

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the world's most important and economically significant cereal crops, serving as a staple food for a large portion of the global population. Enhancing grain yield and quality through the identification of genetically diverse, high-performing genotypes is a core objective in wheat breeding programs.

Materials and Methods

In this study, 63 bread wheat genotypes were evaluated for morphological traits using an augmented experimental design at the Araqi Mahalleh Research Farm in Gorgan. The aim was to assess genetic diversity and perform association analysis between morphological traits and molecular markers. Sixteen Start Codon Targeted (SCoT) and CAAT Box-Derived

Polymorphism (CBDP) markers were employed to identify molecular markers linked to key agronomic traits.

Results

The results revealed a high level of morphological variation among the genotypes. Traits such as spike weight, number of grains, and grain weight exhibited high coefficients of variation. Grain weight showed significant positive correlations with number of grains, spike length, and peduncle diameter, emphasizing the importance of these traits in improving yield. Molecular marker analysis demonstrated a high degree of genetic diversity, with 340 total alleles associated with morphological traits. Stepwise regression analysis identified peduncle diameter, harvest index, spike length, peduncle length, number of spikes, and grain length as key predictors of yield-related traits. Among the markers, SCoT8 and CBDP15 exhibited the highest polymorphism, each generating 13 bands, while CBDP15 produced the most monomorphic bands. The polymorphic information content (PIC) ranged from 0.316 to 0.500, with primer SCoT8 showing the highest polymorphism percentage (81.25%) and the highest marker index (3.808). Based on regression analysis, CBDP15 had the highest frequency of association with the most significant number of traits overall.

Conclusion

The morphological and molecular data obtained in this study provide valuable insights for the selection of superior genotypes. These findings can support the development of high-yielding wheat cultivars through marker-assisted selection and contribute to the advancement of wheat breeding programs.

Keywords: Wheat, Morphological traits, Genetic diversity, SCoT, CBDP.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Naeimi B, Taliei F, Biabani A, Kheirgu M (2025). Investigation of informative CBDP and SCoT markers for Morphological Traits in Wheat Genotypes. *Journal of Genetics and Plant Breeding* 1 (2), 25-46.

Journal of Genetics and Plant Breeding 1 (2), 25-46.

DOI: 10.22103/gpb.2024.4986

Received: October 24, 2024.

Received in revised form: December 20, 2024.

Accepted: December 21, 2024.

Published online: December 25, 2024.




Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and Iranian Genetics Society.

© the authors




شناسایی نشانگرهای مولکولی CBDP و SCoT مرتبط با صفات مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های

مختلف گندم

 بهزاد نعیمی


دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران. رایانامه: naeimi.behzad.n73@gmail.com

 فاختک طلایی

*نویسنده مسئول: دانشیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران. رایانامه: Taliey.fa@gmail.com

 عباس بیابانی

استاد، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران. رایانامه: abbas.biabani@gonbad.ac.ir

 معصومه خیرگو

گروه تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، گنبد کاووس، ایران. رایانامه: mkheirgoo@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۸/۰۳ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۳/۰۹/۳۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۰۱

چکیده

هدف: گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین محصولات کشاورزی در سطح جهانی است. این گیاه منبع اصلی غذایی برای بخش قابل توجهی از جمعیت جهان بوده و به امنیت غذایی و ثبات اقتصادی در مناطق مختلف کمک می‌کند. شناسایی و توسعه ژنوتیپ‌های پربازده گندم با کیفیت مناسب از طریق تنوع ژنتیکی، به‌عنوان یک راهکار کلیدی در برنامه‌های به‌نژادی این گیاه شناخته می‌شود.

مواد و روش‌ها: در این آزمایش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط نشانگرهای مولکولی با صفات مورفولوژیک در گندم، ۶۳ ژنوتیپ گندم نان در قالب طرح آگمنت در مزرعه تحقیقاتی عراقی محله گرگان از نظر صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفتند. به‌منظور شناسایی نشانگرهای پیوسته با صفات مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های گندم از ۱۶ نشانگر SCoT و CBDP استفاده شد.

نتایج: نتایج نشان داد تنوع بالایی در صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود دارد و صفاتی نظیر وزن سنبله، تعداد دانه و وزن دانه دارای ضریب تنوع بالایی بودند. همبستگی مثبت و معناداری میان وزن دانه و صفاتی مانند تعداد دانه، طول سنبله و قطر پدانکل مشاهده شد که مؤید نقش کلیدی این صفات در عملکرد است. آنالیز داده‌های مولکولی نیز تنوع ژنتیکی بالایی را میان ژنوتیپ‌ها نشان داد. در مجموع ۳۴۰ آلل با این صفات در ارتباط بودند. در رگرسیون گام به گام صفات به‌ترتیب، قطر پدانکل، شاخص برداشت، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد سنبله و طول دانه وارد مدل شدند. طبق نتایج بدست آمده نشانگرهای SCoT8 و CBDP15 با ۱۳ باند بیشترین چندشکلی را نشان دادند، همچنین بیشترین تعداد باندهای تک شکل مربوط به نشانگر CBDP15 بود. محتوای اطلاعات چندشکل از ۳۱۶/۰ تا ۵۰۰/۰ متغیر و بیشترین درصد چندشکلی مربوط به آغازگر SCoT8 با مقدار ۸۱/۲۵۰ بود. بیشترین شاخص نشانگری مربوط به پرایمر SCoT8 با مقدار ۳/۸۰۸ بود. بر اساس نتایج تجزیه گرسین، در مجموع پرایمر CBDP15 دارای بیشترین ارتباط با کل صفات مورد بررسی بود.

نتیجه‌گیری: با استفاده از نتایج این پژوهش، می‌توان ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات زراعی را گزینش و در برنامه‌های به‌زادی مورد استفاده قرار داد.

کلیدواژه‌ها: CBDP، SCoT، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، گندم.

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: نیمی بهزاد، طلیعی فاختک، بیابانی عباس، خیرگو معصومه (۱۴۰۳) شناسایی نشانگرهای مولکولی CBDP و SCoT مرتبط با صفات مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های مختلف گندم. *مجله ژنتیک و به‌زادی گیاهی*، ۱(۲)، ۴۶-۲۵.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,
Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and
Iranian Genetics Society



© the authors

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یکی از ارزش‌ترین گیاهان زراعی جهان است. از ۸۰۰۰ سال پیش، گندم غذای اصلی اکثر جوامع بوده و به‌طور گسترده در سراسر جهان کشت می‌شود. گندم ۱۷ درصد از سطح محصول در سراسر جهان را پوشش

می‌دهد و غذای ۴۰ درصد از جمعیت جهان را تشکیل می‌دهد (Goyal et al. 2020). جمعیت رو به رشد نیازمند امنیت غذایی است. بنابراین برای برآوردن نیازهای روزافزون جمعیت، لازم است با معرفی ژنوتیپ‌های جدید گندم پربازده با کیفیت مناسب بر حسب نیاز جامعه، عملکرد در واحد سطح را افزایش داد و به اهداف مورد نیاز دست یافت (Ali et al. 2021). وجود تنوع ژنتیکی بالا در بین صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک جمعیت‌های مختلف گندم و همبستگی آن‌ها با عملکرد دانه و وراثت‌پذیری بالا سبب می‌شود که از آن‌ها به‌عنوان شاخص‌های گزینش در کنار روش‌های نوین مولکولی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر این محصول مهم استفاده کرد (Saint-Pierre et al. 2010). تنوع ژنتیکی اساس بیشتر برنامه‌های به‌نژادی بوده و انجام گزینش، منوط به وجود تنوع ژنتیکی مطلوب از نظر ویژگی‌های مورد بررسی است (Ashrafi Parchin et al. 2011). همچنین ارزیابی تنوع ژنتیکی برای حفظ منابع ژرم پلاسم و مدیریت مؤثر آن و شناسایی ژن‌های ارزشمند و تجمع این ژن‌ها در ارقام جدید ضروری است (Condón et al. 2008).

تخمین میزان تنوع ژنتیکی، یکی از مراحل مهم و اساسی در نگهداری و حفاظت مواد ژنتیکی می‌باشد. بررسی تنوع ژنتیکی در گندم و سایر خویشاوندان وحشی آن، اغلب با استفاده از صفات زراعی-مورفولوژیکی و تکنیک‌های مولکولی انجام می‌شود. در مطالعات متعدد از صفات مورفولوژیکی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسم‌های گندم (Masoudi et al. 2020; Sharma et al. 2022)، ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم برای مقاومت به بیماری زنگ زرد گندم (Khan et al. 2025)، ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های تربیت‌کاله در شرایط تنش خشکی (Basiri et al. 2026) و ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم در شرایط مختلف محیطی (Alipour et al. 2020) استفاده شده است. اما کاربرد صفات مورفولوژیکی همیشه موفقیت آمیز نبوده است. زیرا این صفات اغلب تحت تاثیر عوامل محیطی قرار دارند. در مقابل نشانگرهای مولکولی نه تنها تحت تاثیر شرایط محیطی قرار نمی‌گیرند بلکه به‌عنوان یک ابزار ژنتیکی، اطلاعات مهمی در مورد ساختار ژنتیکی و روابط خویشاوندی گونه‌های مختلف گیاهی ارائه می‌کنند (Pour-Aboughadareh et al. 2017). با توسعه نشانگرهای مولکولی، از آن‌ها به‌طور گسترده برای تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی در گندم معمولی استفاده شده است. امروزه از نشانگرهای DNA به‌عنوان ابزاری مفید برای ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در ژرم پلاسم و تعیین مکان ژن‌های مقاومت به بیماری و تنش‌های محیطی و همچنین رابطه بین اجداد وحشی و رقم‌های اصلاح شده در گیاهان استفاده می‌شود (Condón et al. 2008). نشانگرهای مولکولی مانند RFLP (Barbosa et al. 1996)، RAPD (Carvalho et al. 2009; Zhu et al. 2011;) AFLP^۱ (Roy et al. 2004)، ISSR^۲ (Žvingila et al. 2012) و Inter simple sequence repeat^۳

¹ Restriction Fragment Length Polymorphism

² Random Amplified Polymorphism

^۳ Amplified Fragment Length Polymorphism

^۴ Inter simple sequence repeat

و IRAP (Nazari and Abdoshahi 2014; Pahlavani et al. 2016) SSR (Ahmadi et al. 2017) و iPBS^۳ (Masoudi et al. 2017; Saravani et al. 2019) به‌طور گسترده‌ای در بررسی تنوع ژنتیکی گندم مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در سال‌های اخیر سیستم‌های نشانگری جدید مبتنی بر PCR مانند SCoT^۴ و CDBP^۵ معرفی شده‌اند. ارائه تکرارپذیری و چندشکلی بالا توسط این نشانگرها سبب شده است که کاربرد این سیستم نشانگری در مطالعات مرتبط با ساختار جمعیت، تنوع ژنتیکی، مکان‌یابی صفات کمی و همچنین اشباع نقشه‌های ژنتیکی مورد توجه قرار گیرد (Collard & Mackill 2009; Singh et al. 2014).

نشانگر SCoT یکی از نشانگرهای مناسب برای انگشت نگاری DNA است که بر اساس وجود پلی‌مورفیسم در نواحی کوتاه حفاظت شده اطراف کدون آغازگر ATG در ژنوم گیاه طراحی شده‌اند (Collard & Mackill 2009). سیستم این نشانگر غالب بودن است. رشته‌های مخالف DNA الگو، در واکنش زنجیره‌ای پلیمرز به پرایمرهای تک رشته‌ای در جهت عکس هم متصل می‌شوند و توسط آنزیم پلیمرز در واکنش PCR تکثیر می‌شوند (Davis et al. 1995). نشانگرهای SCoT برخلاف نشانگرهای RAPD و ISSR، به نواحی کدکننده و عملکردی ژنوم هدف متصل می‌شوند، که دقت آن را افزایش می‌دهند. همچنین این نشانگرها از تکرارپذیری بیشتری برخوردارند و طول و دمای اتصال آغازگرها تنها عوامل موثر بر تکرارپذیری الگوی نواربندی آن‌ها نیستند. از مزایای این نشانگر می‌توان به چندشکلی بالا، آشکارسازی اطلاعات ژنتیکی وسیع و فراگیر بودن آغازگرهای آن در ژنوم گیاهان اشاره کرد (Collard & Mackill 2009). نیاز به بهینه‌سازی دقیق شرایط PCR، دشواری در تفسیر نتایج برای گونه‌های دارای ژنوم پیچیده و نیاز به DNA با کیفیت بالا از معایب اصلی کار با این آغازگر می‌باشد (Rai 2023). همچنین نشانگر CDBP نیز از جمله نشانگرهای جدید است که براساس نواحی حفاظت شده پروموتور ژن‌ها و با استفاده از یک آغازگر واحد می‌باشد. این آغازگرها چندشکلی موجود در جعبه CAAT پروموتور ژن‌های گیاهان را نشان می‌دهند و همگی دارای توالی CCAAT به‌عنوان هسته اصلی و ثابت می‌باشند (Singh et al. 2014). این نشانگرها از نواحی عملکردی ژنوم تولید می‌شوند (Shahmuradov et al. 2003). از مزایای این نشانگر می‌توان به تکرار پذیری بالا، هزینه پایین، ارائه سطوح بالایی از چندشکلی، همچنین تولید باندهای غیراختصاصی اشاره کرد (Singh et al. 2014). از این دو نشانگر به‌طور موفقیت‌آمیزی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار جمعیت، شناسایی ارقام و تعیین مکان لوکوس‌های صفات کمی (QTL) و همچنین انگشت نگاری DNA در گونه‌های مختلف گیاهی استفاده شده است (Collard & Mackill 2009, Etminan et al. 2018; Hamidi et al. 2018).

1 Simple Sequence Repeat

2 Inter-retrotransposon Amplified Polymorphism

3 inter-primer binding site

4 Start codon targeted

5 CAAT Box Derived Polymorphism

Que et al. 2014; Gowayed & El-Moneim 2021; 2014). این تحقیق به بررسی تنوع ژنتیکی و تعیین ارتباط نشانگرهای مولکولی با صفات مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های گندم ایرانی با استفاده از نشانگرهای نوظهور CBDP و SCoT می‌پردازد.

مواد و روش‌ها

بذور مورد استفاده از خزانه‌های مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت (CIMMYT) و مرکز تحقیقات بین‌المللی در مناطق خشک (ICARDA)، دریافت شدند. بذور ۶۱ ژنوتیپ گندم (جدول ۱) دریافتی از خزانه‌های مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت (CIMMYT) و مرکز تحقیقات بین‌المللی در مناطق خشک (ICARDA)، به همراه دو رقم کریم و قابوس به عنوان شاهد‌های محلی، در قالب طرح آگمنت در خطوط یک متری، در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی محله گرگان (پنج کیلومتری شمال گرگان با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شرقی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه و ۲۵ دقیقه شمالی) وابسته به مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان کاشته شدند. خاک ایستگاه دارای بافت سیلتی رسی با هدایت الکتریکی ۱/۵-۱ دسی زیمنس بر سانتی‌متر مربع و اسیدیته ۸-۷/۵ بود. در این ایستگاه، متوسط بارندگی سالانه ۴۵۰ میلی‌متر، میانگین سالانه رطوبت ۷۱ درصد و میانگین سالانه‌ی دمای هوا ۱۷ درجه بود. قبل از کاشت کود سوپرفسفات تریپل به میزان ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار به زمین داده شد. در طول آزمایش و در سه نوبت کود اوره (۴۶ درصد نیتروژن) به مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار استفاده شد. کنترل علف‌های هرز با علفکش‌های اختصاصی انجام گرفت.

اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک: در زمان برداشت، تعداد ۱۰ سنبله گندم به‌طور تصادفی از هر لاین نمونه‌برداری شد

و صفات ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول ساقه (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، طول دانه (میلی‌متر)، طول ریشک (سانتی‌متر)، طول برگ پرچم (سانتی‌متر)، عرض برگ پرچم (سانتی‌متر)، قطر پدانکل (میلی‌متر)، قطر دانه (میلی‌متر)، تعداد برگ، تعداد دانه، تعداد سنبله، وزن برگ پرچم (گرم)، وزن ساقه (گرم)، وزن سنبله (گرم)، وزن پدانکل (گرم)، وزن دانه‌ها (گرم)، شاخص برداشت، کلروفیل، روز تا خوشه دهی و روز تا پرشدن دانه اندازه‌گیری شدند.

استخراج DNA و PCR: استخراج DNA از نمونه‌های برگ گیاه گندم در مرحله پنجه‌زنی با استفاده از روش CTAB

انجام شد (Saghai-Marooft et al. 1984). جهت بررسی کیفیت DNA نمونه‌ها با روش الکتروفورز DNA بر روی ژل آگارز ۰/۸ درصد بررسی شد. پس از انجام PCR، الکتروفورز DNA تکثیری روی ژل اکریل آمید ۶ درصد انجام گرفت و رنگ‌آمیزی به روش سریع نیترات نقره صورت گرفت (Merril et al. 1983). از نشانگرهای CBDP و SCoT (جدول ۲) برای بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها استفاده شد.

تجزیه و تحلیل داده‌ها: مقایسه میانگین (LSD) و رگرسیون چند مرحله‌ای برای داده‌های مورفولوژیک با استفاده از

نرم افزار SPSS24 انجام شد. تجزیه کلاستر و خوشه بندی گروه‌ها به روش WARD و بر اساس فاصله اقلیدسی انجام شد.

جدول ۱. شجره ۶۳ ژنوتیپ مختلف گندم مورد مطالعه

Table 1. Pedigree of 63 different wheat genotypes

شماره Entry	شجره Pedigree
1	Karim
2	Ghabous
3	PAVON (dwarf)/KAUZ (tall) IRW 05-06-84-OMAR-OMAR_OMAR
4	CROC-1/AE.SQUARROSA (205)// KAUZ/3/SASIA/4/CHEN/... IRW 05-06-221-OMAR-OMAR_OMAR
5	ZARGANA-3//JUN/BOMB IRW 05-06-333-OMAR-OMAR_OMAR
6	SOROCA//SAULESKU #44/TR810200 IRW 05-06-171-OMAR-OMAR_OMAR
7	SERI 82/SHUHA'S//GRU90-204782/3/ IRW 05-06-210-OMAR-OMAR_OMAR
8	ALTAY/GAHAR IRW 05-06-41-OMAR-OMAR_OMAR
9	NGDA146/4/YMH/TOB//MCD/3/LIRA/5/..... IRW 05-06-138-OMAR-OMAR_OMAR
10	NGDA146/4/YMH/TOB//MCD/3/LIRA/5/F130L1.12/ 6.....NAC IRW 05-06-138-OMAR-OMAR_OMAR
11	GAHAR/3/KAUZ/PASTOR//PASTOR*2/OPATA IRW 05-06-145-OMAR-OMAR_OMAR
12	Sardari/Ardabil 82 - 33 IRBW07-23-54-36 IRBW07-23-54-36-0SAR-0SAR_OMAR
13	MV14-2000//SHARK/F4105W2.1
14	37025 Turkey/Sabalan//AKSEL IRW08-291-0Mar-0Mar
15	RAN/NE701136//CI13449/CTK/3/CUPE/4/SXL/VEE/5/1D13.1 IRW08-540-0Mar-0Mar
16	Altay/3/PTZ NISKA/UT1556-170//UNKNOWNT IRW08-076-0Mar-0Mar
17	Sabalan//Fenkang/Sefid IRW08-102-0Mar-0Mar
18	Fgs/Azar-2 IRW08-220-0Mar-0Mar
19	Fenkang/Sefid/6/RAN/NE701136//CI13449/CTK/3/CUPE/4/SXL/VEE/5IRW08-250-0Mar-0Mar
20	WESTON/VEE/6/RAN/NE701136//CI13449/CTK/3/CUPE/4/SXL/ IRW08-323-0Mar-0Mar
21	PAVON DWARF/Azar-2 IRW08-151-0Mar-0Mar
22	PAVON DWARF/Azar-2 IRW08-151-0Mar-0Mar
23	Trakia//Maga"s"74/Mon"s"3/Shahi/4/91-142 a 61/3/F35.70/MO73//1D13.1/MLT IRW08-232-0Mar-0Mar
24	Bayrak tar/4/DONSKAYA POLUKARLIKOVAYA/OLVIA /3/2*AGRI/BJY//VEE IRW08-126-0Mar-0Mar
25	G.B
26	G.B
27	Vee/Nac//SARA-BW-F6-06-85-86-2-5 IRW2009-10-048-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-1MA
28	Maroon/3/Sardari//Ska/Aurifen IRW2009-10-003-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-3MA
29	Maroon/3/Sardari//Ska/Aurifen IRW2009-10-003-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
30	Maroon/Gahar IRW2009-10-006-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-5MA
31	Arvand//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-058-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
32	Chenab/GB-SARA-27 IRW2009-10-023-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-6MA
33	Chenab/GB-SARA-27 IRW2009-10-023-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-7MA
34	Wang shui bai//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-070-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
35	Sorkhtokhm/Desconciod-7 IRW2009-10-112-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-8MA
36	Kavir//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-087-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
37	K5-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
38	K50-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-3MA
39	Arvand//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-058-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA-4MA
40	KARL/NIOBRARA//TAM200/KAUZ/3/TAM200/KAUZ
41	Mahooti/6/Vee"s"/Pvn"s"4/Cc//Cal/Sr/3/Kal/Bb/5 IRW2009-10-115-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
42	Bocro-4/Shahi(Ir64...Ste//Weebill1 IRW2009-10-142-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
43	Systani/3/KS82W409/SPN//TAM106/TX78V3630 IRW2009-10-143-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
44	Azar-2/14- Gen Bank IRW2009-10-171-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
45	F130-L-1-12//PONY/OPATA/3/Kharchia IRW2009-10-217-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
46	Shahi/Prl"S"//Fenkang15/Sefid/3/316 Collection IRW2009-10-230-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
47	Int F5 2014-44-OMA-1MA
48	Int F5 2014-54-OMA-1MA

ادامه جدول ۱.

Table 1. Continued

شماره Entry	شجره Pedigree
49	Int F5 2014-70-OMA-3MA
50	Int F5 2014-78-OMA-1MA
51	MK 3744/BWKLDN-95 (23FAWWON)
52	TX71A983.4/TX69D4812//PYN/3/VPM/MOS83.11.4.8//PEW/4/NS-55-25 (23FAWWON)
53	DAGDAS/APCB-40 (23FAWWON)
54	Mahooti/6/Vee"s"/Pvn"s"/4/Cc//Cal/Sr/3/Kal/Bb/5/Sabalan IRW2009-10-z-OMA-OMA-OMA-OMA-OMA
55	Maroon/Gahar IRW2009-10-006-OMAR-00SAR-0SAR-0SAR-0SAR-1SAR
56	Bocro-4/Shahi(Ir64...Ste//Weebill1 IRW2009-10-142-0Mar-0MAR-00SAR-0SAR-0SAR-0SAR-2SAR
57	SARDARI-HD83//LINFEN875072//...IRW2009-10-214-0MAR-00SAR-0SAR-0SAR-0SAR-1SAR
58	KROSHKA/4/VORONA//MILAN/SHA7/3/MV17
59	CITARI-9/MV18-2000//STARSHINA
60	ZCL/3/PGFN//CNO67/SN64/4/SERI/5/UA.2837/6/ATTLA/3*BCN/7/ZARGANA-6
61	Sardari
62	Azar2
63	Homa

جدول ۲. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده

Table 2. Characteristics of used primer

نام آغازگر Primer name	دمای اتصال Annealing Temperature	توالی Sequence
SCoT2	61	5-CAACAATGGCTACCACCC-3
SCoT4	55	5-CAACAATGGCTACCACCT-3
SCoT5	55	5-CAACAATGGCTACCACGA-3
SCoT8	55	5-CAACAATGGCTACCACGT-3
SCoT9	55	5-CAACAATGGCTACCAGCA-3
SCoT11	55	5-AAGCAATGGCTACCACCA-3
SCoT12	55	5-ACGACATGGCGACCAACG-3
SCoT14	55	5-ACGACATGGCGACCACGC-3
SCoT21	55	5-CACCATGGCTACCACCAT-3
SCoT24	55	5-CCATGGCTACCACCGCCA-3
SCoT26	55	5-ACAATGGCTACCACCATC-3
CBDP4	55	5-TGAGCACGATCCAATAAG-3
CBDP10	61	5-TGAGCACGATCCAATGTT-3
CBDP11	61	5-TGAGCACGATCCAATTGC-3
CBDP12	55	5-TGAGCACGATCCAATATA-3
CBDP15	61	5-TGAGCACGATCCAATTGA-3

برای تجزیه داده‌های مولکولی، ابتدا امتیازبندی باندها به صورت صفر و یک، انجام و سپس تنوع مولکولی داده‌ها با استفاده

از نرم‌افزارهای Ntsys و POPGENE، تعیین شد. ارتباط داده‌های فنوتیپی و مولکولی با کمک تجزیه رگرسیون و با استفاده از

نرم‌افزار SPSS24 مشخص گردید. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) که تخمینی از قدرت تمایز هر آغازگر با در نظر گرفتن

تعداد و فراوانی نسبی آل هاست به صورت زیر محاسبه شد:

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

که در آن p_i فراوانی وجود نوار در هر جایگاه و q_i فراوانی عدم وجود نوار در هر جایگاه است (Rana & Bhat 2004). همچنین شاخص نشانگری به صورت زیر محاسبه شد.

$$MI = PIC \times EMR \quad \text{رابطه (۲)}$$

$$EMR = np \times \beta \quad \text{رابطه (۳)}$$

در این رابطه EMR نسبت چندگانه موثر است که بیانگر تعداد جایگاه‌های چندشکل موجود در یک ژرم پلاسِم می‌باشد و از رابطه زیر، np تعداد کل نوارهای چندشکل و β نسبت تعداد نوارهای چندشکل np به تعداد کل نوارها است (Yeh et al. 1997). سایر آماره‌های تنوع ژنتیکی مانند تعداد آل موثر، شاخص تنوع ژنتیکی نی (Naghavi et al. 2009) و شاخص شانون (Shannon & Weaver 1963) با استفاده از نرم افزار Popgene محاسبه گردید.

نتایج و بحث

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات مورفولوژیکی: نتایج نشان داد که تنوع مورفولوژیکی بالایی

در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر تمامی صفات اندازه‌گیری شده وجود دارد. میانگین، حداقل، حداکثر، انحراف معیار و واریانس برای هریک از خصوصیات ژنوتیپ‌ها در جدول ۳ ارائه شده است. ژنوتیپ ۲۴ با کمترین ارتفاع به‌عنوان پاکوتاهترین و ژنوتیپ ۴۷ با بیشترین ارتفاع به‌عنوان پابلندترین معرفی شد. به‌علاوه بیشترین شاخص برداشت و میزان وزن دانه به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های شماره ۳ و ۲۴ و کمترین مقدار این صفات در ژنوتیپ‌های شماره ۱۴ و ۴۱ مشاهده شد. در صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه و وزن ساقه ژنوتیپ شماره ۴۹ بیشترین مقدار را در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به خود اختصاص داد. همچنین صفات وزن سنبله، وزن دانه، وزن برگ پرچم، مقدار کلروفیل و وزن ساقه دارای ضریب تنوع فنوتیپی بالاتری بودند. بنابراین می‌توان از این صفات در به‌نژادی و گزینش مؤثر ژنوتیپ‌ها استفاده نمود. از آن‌جا که پارامتر ضریب تغییرات تحت تأثیر واحد اندازه‌گیری صفت و یا دامنه تغییرات آن قرار نمی‌گیرد، یکی از مهمترین و با ارزش‌ترین شاخص‌های برآورد تنوع در جمعیت‌ها محسوب می‌شود (Shahvardi et al. 2022). وجود ضریب تغییرات بالا در ژنوتیپ‌های ارزیابی شده، نشان داد که تنوع بالایی در بین آن‌ها وجود دارد. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به روش UPGMA و ضریب تشابه اقلیدسی (شکل ۱) ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. گروه اول با ۲۸ ژنوتیپ (بزرگ‌ترین)، گروه دوم با ۱۶ ژنوتیپ (کوچک‌ترین) و گروه سوم با ۱۹ ژنوتیپ بود. میانگین صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مورد مطالعه برای هر یک از گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در جدول ۴ آمده است. گروه اول از نظر شاخص برداشت در سطح متوسطی قرار داشت به‌جز ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۱۳ و ۳۵ که شاخص برداشت بیشتری داشتند. همچنین در گروه دوم ژنوتیپ شماره ۳۳ و در گروه سوم نیز ژنوتیپ‌های شماره ۲۴، ۲۶ و ۴۳ دارای شاخص برداشت بیشتری بودند.

تجزیه رگرسیون گام به گام: نتایج حاصل از تحلیل همبستگی نشان داد که وزن دانه دارای همبستگی مثبت و معنی داری با صفاتی نظیر طول سنبله ($r=0/65$)، قطر پدانکل ($r=0/66$)، تعداد دانه ($r=0/67$) و وزن سنبله ($r=0/98$) است. در این میان، ضریب همبستگی نسبتاً بالا بین وزن دانه و تعداد دانه ($r=0/67$, $P<0/01$) تأکیدی بر اهمیت این مؤلفه در تعیین عملکرد نهایی دارد. از آنجا که تعداد دانه در سنبله در بازه زمانی وسیع‌تری از مرحله‌ی جوانه‌زنی تا گرده‌افشانی، تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرد، به‌نظر می‌رسد که هر عامل محدودکننده در این بازه می‌تواند منجر به کاهش تعداد دانه و در نتیجه کاهش عملکرد دانه گردد. بنابراین تأثیر این عوامل بر تعداد دانه، از منظر اثرگذاری بر عملکرد نهایی دانه، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Navabpour et al. 2013).

جدول ۳. میانگین، حداکثر، حداقل، واریانس و انحراف معیار برای صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم

Table 3. Mean, maximum, minimum, variance, and standard error of the characteristics evaluated among different wheat genotypes

دامنه تغییرات		ضریب تغییرات CV (%)	واریانس Variance	میانگین \pm خطای استاندارد Mean \pm Se	صفات Traits	
حداکثر Max	حداقل Min					
121.05	70.16	11.56	117.87	93.87754 \pm 1.37	Plant Length(cm)	ارتفاع بوته
102.99	59.89	11.90	89.101	79.3141 \pm 1.19	Shoot Length(cm)	طول ساقه
12.62	5.97	14.89	1.666	8.66998 \pm 0.16	Spike Length(cm)	طول سنبله
48.96	27.94	12.03	18.811	36.05684 \pm 0.55	Peduncle Length(cm)	طول پدانکل
7.64	5.431	6.83	0.193	6.43104 \pm 0.06	Grain Length(cm)	طول دانه
9.006	3.288	18.61	1.254	6.01862 \pm 0.14	Awn Length(cm)	طول ریشک
40.02	14.41	21.80	28.207	24.36377 \pm 0.67	Flag Leaf Length(cm)	طول برگ پرچم
1.52	0.6	19.80	0.034	0.93118 \pm 0.02	Flag Leaf Width(mm)	عرض برگ پرچم
4.07	2.194	13.48	0.18	3.1472 \pm 0.05	Peduncle Thickness(mm)	قطر پدانکل
3.31	1.66	13.23	0.106	2.4615 \pm 0.04	Grain Thickness(mm)	قطر دانه
2.9	1	28.22	0.196	1.56873 \pm 0.06	Leaf Number	تعداد برگ
59	17.6	17.36	25.787	29.26005 \pm 0.64	Grain Number	تعداد دانه
19.7	9.9	14.58	3.702	13.19409 \pm 0.24	Spike Number	تعداد سنبله
0.26	0.05	36.92	0.002	0.12114 \pm 0.01	Flag Leaf Weight(gr)	وزن برگ پرچم
1.86	0.472	30.80	0.098	1.01632 \pm 0.04	Shoot Weight(gr)	وزن ساقه
1.85	0.34	37.90	0.126	0.93662 \pm 0.04	Spike Weight(gr)	وزن سنبله
1.81	0.36	37.96	0.107	0.86179 \pm 0.04	Grains Weight(gr)	وزن دانه‌ها
0.58	0.17	21.36	0.007	0.39166 \pm 0.01	Harvest Index	شاخص برداشت
25.5	2.35	36.26	29.173	14.89639 \pm 0.69	Chlorophyll	کلروفیل
139	113	4.02	27.318	129.9365 \pm 0.66	Days to Spike initiation	روز تا خوشه‌دهی
51	27	15.20	34.01	38.37 \pm 0.735	Days until grains full	روز تا پر شدن دانه

مطالعات متعدد انجام شده در خصوص تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات مورفولوژیکی در ارقام گندم، وجود همبستگی بالایی بین عملکرد دانه با وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله را اثبات کرده است (Alipour et al. 2017; Navabpour et al. 2013). بر اساس نتایج رگرسیون گام به گام (جدول ۵) برای صفات، وزن دانه به‌عنوان متغیر وابسته در مقابل دیگر صفات که به‌عنوان متغیرهای مستقل بودند قرار گرفت. صفات باقی‌مانده در مدل در مجموع ۹۸/۶ درصد از تغییرات عملکرد در قالب وزن دانه را توجیه نمودند، بر این اساس، قطر پدانکل بیشترین اثر را بر روی عملکرد داشت. سایر محققین نیز بر اساس تجزیه رگرسیونی صفات عملکرد بیولوژیکی، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله را به‌عنوان صفات مهم با بیشترین تأثیر مثبت بر عملکرد دانه معرفی نمودند (Alipour et al. 2017; Saravani et al. 2019). بنابراین صفات قطر پدانکل، شاخص برداشت، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد سنبله و طول دانه را می‌توان به‌عنوان بهترین صفات برای انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا در ارقام گندم در نظر گرفت.

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با استفاده از نشانگرهای مولکولی: در این تحقیق از ۱۱ نشانگر SCoT و ۵

نشانگر CBDP برای بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم استفاده شد که در مجموع ۷۰ باند چند شکل را تولید نمودند. بر اساس نتایج بدست آمده، تعداد باندهای چندشکل، از ۱۰ آلل چندشکل برای نشانگر SCoT8(PR6) تا یک آلل پلی‌مورفیک برای نشانگرهای SCoT11(PR8) و SCoT26(PR14) متغیر بود و به‌طور میانگین ۴/۳۷ آلل چندشکل برای هر پرایمر با متوسط نرخ چندشکلی برابر ۶۳/۲ درصد مشاهده گردید. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) از ۰/۳۱۶ تا ۰/۵۰۰ متغیر و به‌طور متوسط ۰/۳۵۱ بود (جدول ۶). نشانگر CBDP10 با مقدار ۰/۵۰۰ بیشترین و SCoT21 با مقدار ۰/۳۱۶ کمترین مقدار PIC را به خود اختصاص دادند. بیشترین مقدار درصد چندشکلی متعلق به نشانگر SCoT8 با مقدار ۸۱ درصد بود که نشان داد این نشانگر برای بررسی تنوع ژنتیکی مناسب است. کمترین مقدار درصد چند شکلی به آغازگر CBDP12 با مقدار ۳۸/۸۸ درصد اختصاص یافت. همچنین کمترین شاخص نشانگری MI به نشانگر SCoT2 (PR1) با مقدار ۰/۷۳ و بالاترین مقدار آن به نشانگر SCoT8 (PR6) با مقدار ۳/۸۰۸ اختصاص داده شد که نشان‌دهنده قدرت تفکیک بالاتر این آغازگر نسبت به سایر آغازگرها است.

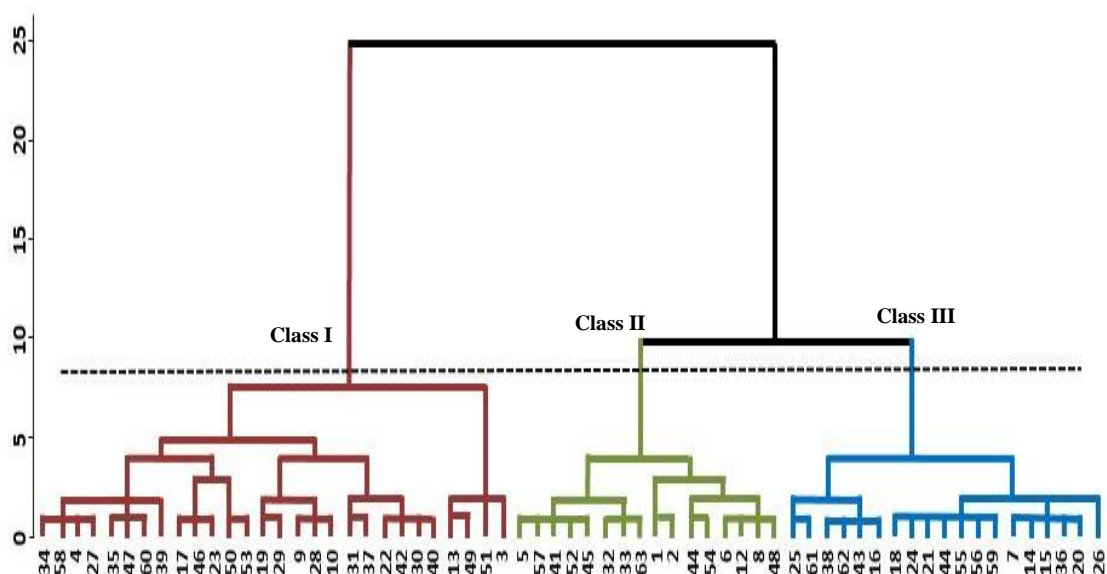
بر اساس شاخص‌های ژنتیکی محاسبه شده می‌توان بیان نمود که نشانگر SCoT8 به‌دلیل داشتن درصد جایگاه چندشکلی، بالا و محتوای اطلاعات چندشکلی بیشتر، بیشترین تنوع را بر روی جمعیت مورد مطالعه داشت. در تحقیق حاضر از مجموع ۱۱ آغازگر SCoT و ۵ آغازگر CBDP مورد استفاده به‌ترتیب ۴۴ و ۲۶ قطعه چند شکل تکثیر شد. اگرچه مقادیر برخی شاخص‌ها در آغازگرهای SCoT بیشتر بود اما در مجموع هر دو آغازگر توانستند سطح قابل قبولی از تنوع را شناسایی نمایند. مطالعه بر روی گیاه چچم با استفاده از ۱۵ نشانگر مولکولی SCoT نشان داد که از مجموع ۸۶ باند تولید شده، ۱۲ باند یک‌شکل مشاهده شد و سایر باندها چندشکل بودند (Farshadfar et al. 2006). همچنین در بررسی ارزیابی تنوع ژنتیکی در ۱۰۳ توده Aegilops با استفاده از دو نشانگر SCoT و CBDP مشخص شد که در مجموع ۱۵ آغازگر SCoT و ۱۵ آغازگر CBDP به‌ترتیب ۱۶۴ و ۱۴۱ قطعه چندشکل

تکثیر کردند که در نتیجه متوسط کلیه شاخص‌های تعیین‌کننده کارایی نشانگرهای مولکولی برای آغازگرهای SCoT بیشتر از CBDP بود (Pour-Aboughadareh et al. 2022). تحقیقات نشان داده است که نشانگرهای SCoT و CBDP با داشتن تکرارپذیری بالا و توان قابل قبول در تشخیص پلی مورفیسیم، نشانگرهای مفیدی برای مطالعه تنوع ژنتیکی گندم محسوب می‌شوند (Pour-Aboughadareh et al. 2022; Etminan et al. 2018; Hamidi et al. 2014). نشانگرهای مولکولی، ارزیابی تنوع ژنتیکی را تسهیل نموده و به دلیل سرعت بالا و دقت در ردیابی تنوع در جمعیت، جایگزین مناسبی برای سایر روش‌ها می‌باشند (Kara et al. 2016).

جدول ۴. میانگین صفات در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۶۳ ژنوتیپ گندم بر اساس صفات مورفولوژیک
Table 4. Means of traits in groups obtained from cluster analysis of 63 wheat genotypes based on morphological traits

میانگین مربعات Mean squared	گروه سوم Class III	گروه دوم Class II	گروه اول Class I	صفت Traits	
1484.498 *	87.632 b	87.862 b	101.552 a	Plant length (cm)	ارتفاع بوته
716.288 *	75.355 b	74.696 b	84.638 a	Shoot length (cm)	طول ساقه
20.803 *	7.504 c	8.742 b	9.419 a	Spike length (cm)	طول سنبله
100.514 *	33.743 b	35.571 b	37.904 a	Peduncle length (cm)	طول پدانکل
0.202 *	6.373 a	6.567 a	6.392 a	Grain length (cm)	طول دانه
9.749 *	5.406 b	5.675 b	6.630 a	Awn length (cm)	طول ریشک
340.364 *	21.426 b	21.420 b	28.038 a	Flag leaf length (cm)	طول برگ پرچم
0.202 *	0.816 b	0.939 a	1.004 a	Flag leaf width (mm)	عرض برگ پرچم
2.553 *	2.733 c	3.190 b	3.402 a	Peduncle thickness (mm)	قطر پدانکل
0.267 *	2.330 b	2.568 a	2.489 a	Grain thickness (mm)	قطر دانه
1.945 *	1.335 b	1.359 b	1.846 a	Leaf number	تعداد برگ
216.045 *	25.284 b	30.690 a	31.140 a	Grain number	تعداد دانه
44.818 *	11.552 c	13.096 b	14.363 a	Spike number	تعداد سنبله
0.019 *	0.091 b	0.109 b	0.147 a	Flag leaf weight (gr)	وزن برگ پرچم
1.546 *	0.765 b	0.890 b	1.258 a	Shoot weight (gr)	وزن ساقه
2.379 *	0.549 c	0.940 b	1.197 a	Spike weight (gr)	وزن سنبله
1.927 *	0.509 c	0.875 b	1.092 a	Grains weight (gr)	وزن دانه‌ها
0.007 *	0.370 a	0.409 a	0.395 a	Harvest index	شاخص برداشت
105.360 *	12.139 b	16.505 a	15.838 a	Chlorophyll	کلروفیل
272.841 *	132.947 a	125.187 b	130.607 a	Days to spike initiation	روز تا خوشه دهی
292.010 *	33.894 b	41.562 a	39.571 a	Days until grains full	روز تا پرشدن دانه

حروف متفاوت، وجود اختلاف معنی‌دار را در سطح احتمال ۵ درصد به روش LSD نشان می‌دهد.



شکل ۱. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر اساس صفات مورفولوژیک به روش WARD و فاصله اقلیدسی (شجره ژنوتیپ‌ها بر اساس شماره در جدول شماره ۱ آمده است).

Figure 1. Dendrogram of different wheat genotypes based on morphological traits using the WARD method and Euclidean distance (Genotype pedigree is presented in Table 1).

جدول ۵. نتایج رگرسیون مرحله‌ای برای وزن دانه و سایر صفات در ۶۳ ژنوتیپ گندم

Table 5. Stepwise regression analysis for grain weight and other investigated traits in 63 wheat genotypes

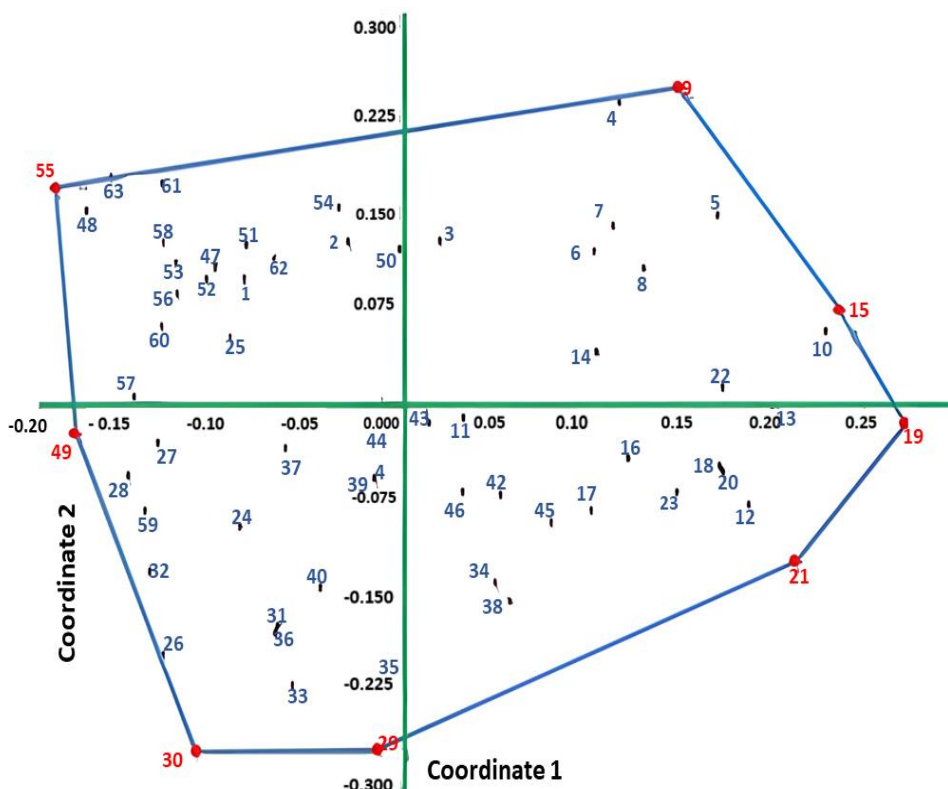
VIF	F	خطای استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون Regression coefficient	صفات Traits
2.361	46.102**	0.245	0.234	قطر پدانکل Peduncle thickness (mm)
6.521	47.924**	0.203	1.893	شاخص برداشت Harvest index
3.681	59.869**	0.163	0.057	طول سنبله Spike length (cm)
3.965	53.077**	0.153	0.016	طول پدانکل Peduncle length (cm)
1.362	42.889**	0.142	0.052	تعداد سنبله Spike number
2.984	40.912**	0.136	0.105	طول دانه Grain length (cm)
$R^2 = 0.884$			عرض از مبدا (intercept) = -3.152	

جدول ۶. نام، تعداد و محتوای اطلاعات چندشکلی نشانگرهای SCoT و CDBP در ژنوتیپ‌های گندم

Table 6. Name, allele number and polymorphic information content of SCoT and CDBP primers in wheat genotypes

نام آغازگر	تعداد آل‌های چندشکل	درصد چندشکلی	محتوای اطلاعات چندشکلی	شاخص نشانگری
Primer name	Polymorphic allele	Polymorphism (%)	PIC	MI
SCoT2(PR1)	4	62.500	0.456	0.730
SCoT4(PR3)	5	69.231	0.402	1.117
SCoT5(PR4)	5	66.667	0.490	1.225
SCoT8(PR6)	10	81.250	0.495	3.808
SCoT9(PR7)	3	60.000	0.476	0.476
SCoT11(PR8)	1	52.632	0.487	0.049
SCoT12(PR9)	3	57.895	0.479	0.392
SCoT14(PR10)	5	64.706	0.480	1.091
SCoT21(PR12)	5	72.727	0.316	0.988
SCoT24(PR13)	2	56.250	0.492	0.219
SCoT26(PR14)	1	54.545	0.482	0.080
CAAT4(PR18)	4	70.000	0.440	1.006
CAAT10(PR24)	6	68.750	0.500	1.636
CAAT11(PR25)	7	73.333	0.499	2.223
CAAT 12(PR26)	4	38.889	0.499	0.726
CAAT 15(PR29)	5	61.905	0.474	0.912
Mean	4.37	63.205	0.466	1.042

در تجزیه‌ی بای پلات (شکل ۲) مشخص گردید که توزیع ژنوتیپ‌ها به‌صورت یکسانی در محدوده دو عامل اول صورت گرفته است و ژنوتیپ‌های ۴، ۹، ۱۵، ۱۹، ۲۱، ۲۹، ۳۰، ۴۹، ۵۵ و ۶۳ جزء ژنوتیپ‌های بحرانی بودند که در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های مولکولی نشانگرهای SCoT و CDBP نقش مهمی داشتند. بر اساس نتایج حاصل از گروه‌بندی ۶۳ ژنوتیپ با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به‌روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد (شکل ۳) ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند، گروه اول با ۲۵ ژنوتیپ (۴۲ درصد ژنوتیپ‌ها) بزرگترین گروه و گروه دوم با ۱۶ ژنوتیپ (با ۲۶ درصد ژنوتیپ‌ها) کوچکترین گروه را تشکیل دادند. افراد داخل گروه‌ها دارای بیشترین شباهت بودند، به‌عنوان مثال در گروه اول ژنوتیپ‌های ۲۵، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۲ و ۳۳، در گروه دوم ژنوتیپ‌های ۴۴، ۴۹، ۵۰ و ۶۲ و در گروه سوم ژنوتیپ‌های ۲۱ و ۲۲ دارای والد مشترک بودند (شکل ۳).

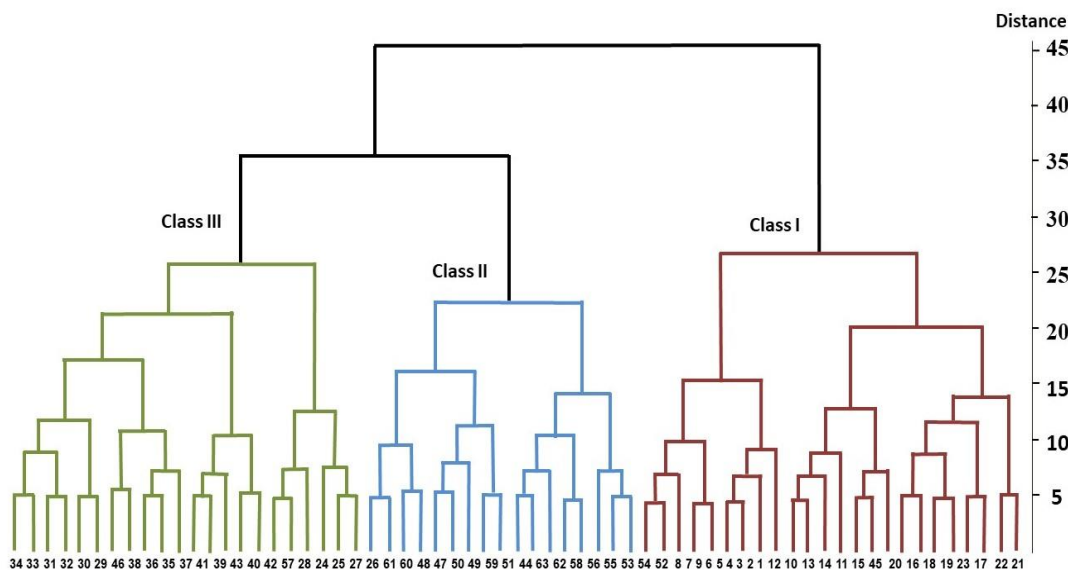


شکل ۲. نمودار بای پلات تجزیه به هم‌هانگ‌های اصلی برای ۶۳ ژنوتیپ گندم براساس نشانگرهای SCoT و CBDP.

Figure 2. Biplot of principal coordinate analysis for 63 wheat genotypes based on SCoT and CBDP markers.

ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات مورفولوژیکی: به‌منظور شناسایی نواحی ژنومی دخیل بر کنترل صفات مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده و تعیین نشانگرهای مثبت، ارتباط بین نشانگرهای SCoT و CBDP و صفات مورفولوژیک با استفاده از تجزیه رگرسیون مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۷). مدل‌های برازش شده با صفت طول برگ پرچم (FLL)، وزن برگ پرچم (FLW)، طول سنبله (SPL)، تعداد سنبله (SPN) و وزن دانه‌ها (GRW) به‌ترتیب ۱۰۰، ۹۹، ۹۷ و ۹۷ درصد از تغییرات صفات را تبیین نمودند. در مجموع ۳۴۰ آلل با این صفات در ارتباط بودند که پرایمر CAAT15 دارای بیشترین فراوانی بود. در بین صفات موثر انتخاب شده بر اساس رگرسیون گام به گام، دو صفت طول سنبله و تعداد سنبله به‌ترتیب به وسیله مکان‌های ۳۱ و ۲۹ نشانگر تبیین شدند، که نشان‌دهنده اهمیت کاربرد این صفات در مطالعه تنوع می‌باشد. بیشترین تغییرات مربوط به صفت طول برگ پرچم بود که به‌وسیله مکان‌های ۵۱ نشانگر تبیین شد. در حالی که سه مکان CAAT12، CAAT11، CAAT15 تنها ۲۳ درصد از

تغییرات مربوط به صفت طول دانه را تبیین نمودند. بر اساس نتایج بدست آمده در جدول تجزیه ارتباط، پرایمر CAAT15 با تعداد ۴۱ تکرار دارای بیشترین ارتباط با صفات مورد بررسی بود. بیشتر نشانگرها با بیش از یک صفت در ارتباط بودند مانند نشانگر CAAT15 که با صفات تعداد سنبله، طول برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول سنبله، روز تا پرشدن دانه، طول دانه، طول پدانکل، وزن سنبله، تعداد دانه، وزن برگ پرچم، عرض برگ پرچم، وزن دانه، قطر پدانکل، تعداد برگ، روز تا ظهور سنبله در ارتباط بود و نشانگر SCoT8 که با صفات تعداد سنبله، طول برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول سنبله، روز تا پرشدن دانه، وزن ساقه، طول ساقه، طول پدانکل، وزن سنبله، وزن برگ پرچم، کلروفیل، عرض برگ پرچم، وزن دانه، تعداد برگ، روز تا ظهور سنبله در ارتباط بود که احتمالاً نشان‌دهنده پیوستگی مکان کروموزومی کنترل‌کننده این صفات می‌باشد. بررسی کاربرد نشانگرهای CBDP و SCoT در ارزیابی تنوع گندم دوروم (Heidari et al. 2017) و گندم نان (Hamidi et al. 2014) نشان داده است که نشانگرهای هدفمند ژنی مانند SCoT و CBDP با ایجاد چندشکلی زیاد با قابلیت اعتماد بالا، نشانگرهای مناسبی در ارزیابی تنوع ژنتیکی می‌باشند.



شکل ۳. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۶۳ ژنوتیپ گندم بر اساس نشانگرهای SCoT و CBDP به روش WARD و فاصله اقلیدسی (شجره ژنوتیپ‌ها بر اساس شماره در جدول شماره ۱ آمده است).

Figure 3. Cluster Analysis of 63 wheat genotypes based on SCoT and CBDP markers using the WARD method and Euclidean distance (Genotype pedigree is presented in Table 1).

جدول ۷. تجزیه ارتباطی برای نشانگرهای SCoT و CDBP مثبت مرتبط با صفات مورفولوژیک در ۶۳

ژنوتیپ گندم

Table 7. Associate analysis of positive SCoT and CDBP molecular markers for the studied morphological traits in 63 wheat genotypes

F	R ²	نشانگرهای مرتبط Associate markers	صفت Traits
47.73	0.97	(SCoT26)5, (SCoT4)3, (CAAT15)3, (SCoT11)4, (SCoT14)1, (CAAT15)5, (CAAT10)4, (CAAT15)6, (SCoT8)2, (CAAT11)3, (SCoT2)3, (CAAT 4)4, (SCoT8)2, (SCoT12)3, (SCoT12)6, (SCoT5)2, (SCoT8)4, (SCoT11)-6, (SCoT12)5, (SCoT24)1, (CAAT15)4, (SCoT9)6, (SCoT12)5, (CAAT10)2, (SCoT8)6, (CAAT12)2, (CAAT4)5, (SCoT12)1, (SCoT14)6	SPN
2721.2	1	(CAAT15)1, (SCoT14)3, (CAAT15)6, (SCoT5)2, (SCoT5)4, (SCoT4)6, (SCoT21)4, (CAAT15)6, (SCoT11)2, (SCoT21)-3, (SCoT4)-3, (CAAT11)2, (SCoT26)4, (SCoT2)2, (CAAT15)4, (CAAT4)3, (SCoT5)5, (SCoT8)6, (SCoT2)2, (SCoT24)3, (CAAT15)5, (SCoT12)5, (SCoT9)2, (SCoT4)6, (SCoT2)3, (CAAT11)3, (SCoT2)6, (SCoT2)1, (SCoT9)5, (SCoT24)5, (SCoT11)5, (SCoT26)3, (CAAT11)6, (SCoT14)2, (SCoT12)4, (SCoT14)6, (SCoT2)5, (SCoT14)5, (SCoT11)3, (SCoT8)4, (SCoT9)4, (CAAT12)2, (CAAT15)4, (SCoT14)4, (CAAT 11)4, (CAAT 4)3, (CAAT 15)5, (CAAT 11)4, (CAAT 12)6, (CAAT 12)5, (SCoT9)4	FLL
203.10	0.99	(CAAT15)1, (SCoT4)3, (SCoT26)4, (SCoT8)2, (SCoT11)5, (SCoT9)2, (CAAT15)3, (SCoT14)3, (CAAT15)6, (SCoT12)2, (SCoT5)2, (SCoT12)5, (SCoT12)4, (CAAT10)5, (SCoT2)6, (SCoT4)3, (CAAT15)1, (CAAT11)5, (CAAT15)2, (CAAT11)4, (SCoT5)6, (CAAT4)5, (SCoT2)4, (SCoT2)1, (SCoT2)4, (SCoT12)3, (SCoT5)5, (SCoT8)6, (CAAT15)2, (SCoT8)3	FLW
115.9	0.99	(SCoT4)3, (SCoT9)3, (CAAT4)4, (SCoT2)3, (CAAT11)4, (CAAT15)5, (SCoT24)2, (CAAT15)2, (SCoT4)4, (SCoT11)6, (SCoT12)2, (CAAT15)6, (SCoT2)1, (SCoT14)6, (SCoT5)2, (CAAT15)1, (CAAT10)6, (CAAT10)2, (SCoT21)3, (SCoT4)3, (SCoT2)2, (CAAT12)6, (CAAT10)5, (CAAT10)4, (SCoT5)3, (SCoT5)2, (CAAT12)2, (CAAT11)6, (SCoT9)4, (SCoT11)2, (SCoT9)2	SPL
13.702	0.78	(SCoT8)5, (SCoT5)2, (CAAT4)5, (SCoT4)6, (SCoT4)-6, (CAAT11)2, (CAAT15)6, (CAAT15)2, (CAAT10)4, (SCoT2)5, (CAAT10)2, (SCoT24)4, (SCoT24)3	PLL
19.61	0.90	(SCoT11)4, (SCoT26)3, (SCoT8)6, (SCoT11)5, (CAAT15)1, (SCoT5)3, (SCoT14)1, (SCoT24)3, (SCoT2)2, (SCoT4)3, (SCoT21)3, (SCoT5)5, (SCoT2)5, (SCoT2)3, (CAAT10)6, (SCoT5)3, (CAAT10)5	SPW
21.63	0.89	(SCoT11)5, (CAAT10)3, (SCoT9)5, (SCoT11)3, (CAAT11)3, (SCoT4)6, (SCoT2)1, (SCoT26)4, (SCoT8)4, (SCoT9)2, (SCoT2)6, (CAAT10)2, (SCoT12)3, (SCoT9)4, (SCoT12)4, (SCoT8)3, (CAAT4)4, (CAAT15)4	GRP
46.2	0.97	(SCoT26)-3, (SCoT8)-6, (SCoT11)-5, (CAAT15)1, (SCoT14)3, (SCoT14)-1, (CAAT15)2, (SCoT26)5, (SCoT9)4, (CAAT12)7, (CAAT12)5, (SCoT8)2, (CAAT11)3, (SCoT11)5, (SCoT24)2, (SCoT5)2, (SCoT12)4, (CAAT10)4, (SCoT14)2, (SCoT12)3, (CAAT4)5, (SCoT24)4, (CAAT11)5, (SCoT11)5, (SCoT4)-3, (SCoT5)5, (CAAT 4)5, (SCoT8)2, (SCoT9)5, (SCoT11)5, (CAAT11)3, (CAAT15)5, (CAAT12)2, (SCoT2)4, (SCoT2)5, (SCoT11)2, (SCoT4)5, (SCoT26)5, (SCoT11)6, (SCoT5)2, (CAAT10)5, (CAAT10)6	GRW
18.52	0.89	(SCoT11)5, (SCoT4)-3, (SCoT5)5, (CAAT 4)5, (SCoT8)2, (SCoT9)5, (SCoT11)5, (CAAT11)3, (CAAT15)5, (CAAT12)2, (SCoT2)4, (SCoT2)5, (SCoT11)2, (SCoT4)5, (SCoT26)5, (SCoT11)6, (SCoT5)2, (CAAT10)5, (CAAT10)6	FLD
14.55	0.79	(SCoT8)5, (SCoT21)3, (SCoT11)4, (CAAT10)4, (CAAT4)4, (SCoT2)3, (CAAT12)8, (CAAT10)2, (SCoT12)2, (SCoT12)4, (CAAT 4)4, (CAAT15)1, (SCoT2)3	FLWI
8.07	0.64	(SCoT5)3, (SCoT14)6, (SCoT2)6, (SCoT24)4, (SCoT8)6, (SCoT11)4, (SCoT12)2, (SCoT24)2, (CAAT15)6, (CAAT4)2, (SCoT14)4	FLN
9.58	0.64	(CAAT4)4, (CAAT15)3, (CAAT11)4, (SCoT24)4, (CAAT12)2, (SCoT12)3, (CAAT10)4, (SCoT2)2, (SCoT11)6, (SCoT9)5	PDT
14.46	0.82	(SCoT14)6, (CAAT4)4, (CAAT11)4, (SCoT21)6, (SCoT8)3, (CAAT10)6, (SCoT12)6, (CAAT12)8, (CAAT15)1, (CAAT11)4, (SCoT2)3, (SCoT9)5, (SCoT24)5, (SCoT9)2, (SCoT24)4	CHL
9.05	0.63	(SCoT26)3, (CAAT11)5, (SCoT11)5, (SCoT4)6, (SCoT12)4, (SCoT14)2, (CAAT15)6, (CAAT15)1, (CAAT15)3	GRN
9.50	0.61	(SCoT5)3, (SCoT4)5, (SCoT4)3, (SCoT5)5, (SCoT11)4, (SCoT21)4, (SCoT24)4, (CAAT12)6	HI
10.86	0.42	(SCoT4)7, (SCoT5)6, (CAAT10)6, (SCoT14)3	GRT
7.05	0.32	(CAAT10)4, (SCoT8)5, (SCoT9)3, (CAAT4)4	SHW
6.18	0.23	(CAAT12)8, (CAAT11)3, (CAAT15)2	GRL
7.54	0.44	(SCoT5)5, (SCoT14)3, (CAAT12)7, (SCoT26)4, (SCoT11)2, (SCoT5)5	AWL
6.95	0.32	(SCoT8)5, (SCoT4)4, (SCoT14)5, (SCoT14)3	SHL
9.46	0.45	(CAAT10)4, (SCoT8)4, (SCoT9)2, (SCoT21)3, (CAAT15)6	PEL

SPN: تعداد سنبله، FLL: طول برگ پرچم، PLL: ارتفاع بوته، SPL: طول سنبله، GRP: روز تا پرشدن دانه، SHW: وزن ساقه، GRL: طول دانه، AWL: طول ریشک، SHL: طول ساقه، PEL: طول پدانکل، SPW: وزن سنبله، GRN: تعداد دانه، GRT: قطر دانه، FLW: وزن برگ پرچم، CHL: کلروفیل، FLWI: عرض برگ پرچم، GRW: وزن دانه، HI: شاخص برداشت، PDT: قطر پدانکل، FLN: تعداد برگ، FLD: روز تا ظهور سنبله.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که صفات قطر پدانکل، شاخص برداشت، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد سنبله و طول دانه را می‌توان به‌عنوان بهترین صفات برای انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا در ارقام گندم در نظر گرفت. اما صفات مورفولوژیکی به‌تنهایی نمی‌توانند بازتاب دقیقی از تنوع ژنتیکی موجود ارائه دهند. بنابراین، در برنامه‌های به‌نژادی، ارزیابی همزمان تفاوت‌های فنوتیپی و ژنتیکی ژنوتیپ‌ها به‌عنوان یکی از اصول اساسی در انتخاب صحیح والدین مناسب تلقی می‌شود. در این تحقیق از دو نشانگر CBDP و SCoT برای بررسی ژنوتیپ‌ها استفاده شد. مطالعات نشان داده است که که نشانگرهای هدفمند ژنی مانند CBDP و SCoT، نشانگرهای مناسبی در ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم می‌باشند. در این راستا، نشانگرهای مولکولی به‌عنوان ابزاری کارآمد در شناسایی دقیق ژنوتیپ‌های گندم مطرح هستند و استفاده از آن‌ها به‌منظور افزایش دقت در برآورد تنوع ژنتیکی و تعیین روابط فیلوژنتیکی میان ژنوتیپ‌ها، برای بهبود کارایی برنامه‌های اصلاح نباتات پیشنهاد می‌گردد.

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. *Journal of Crop Breeding*, 9(22), 31-40. <https://doi.org/10.29252/jcb.9.22.31> [In Persian]
- Ali, N., Hussain, I., Ali, S., Khan, N. U., & Hussain, I. (2021). Multivariate analysis for various quantitative traits in wheat advanced lines. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(1), 347-352. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.10.011>
- Alipour, H., Arzani, A., Rabani, A., Nikbakht, M. (2020). Evaluation of Genetic Diversity of Agronomic and Physiological Traits in Wheat under Two Field Environments. *Journal of Crop Production and Processing*, 10 (3), 59-72. <https://doi.org/10.47176/jcpp.10.3.20055>
- Alipour, H., Bihanta, M. R., Mohammadi, M., & Peyghambari, S. A. (2017). Evaluation of genetic variability of agronomic traits in Iranian wheat landraces and cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 9(22), 168-177. <https://doi.org/10.29252/jcb.9.22.168> [In Persian]
- Ashrafi Parchin, R. (2011). Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum*) genotypes using agronomic and morphological characters and molecular markers. M. Sc. Thesis, University of Razi, Kermanshah, Iran. [In Persian]
- Barbosa-Neto, J. F., Sorrells, M. E., & Cisar, G. (1996). Prediction of heterosis in wheat using coefficient of parentage and RFLP-based estimates of genetic relationship. *Genome*, 39(6), 1142-1149. <https://doi.org/10.1139/g96-144>
- Basiri, H., Alizadeh, O., Bazrafshan, F., Zare, M., & Yazdani, M. (2026). Genotypic and Phenotypic Association of Agronomic Features in Triticale Genotypes under Drought Stress Conditions. *Journal of Crop Breeding*, 17(1), 104-116. <https://doi.org/10.61186/jcb.17.1.104>
- Carvalho, A., Lima-Brito, J., Maçãs, B., & Guedes-Pinto, H. (2009). Genetic diversity and variation among botanical varieties of old Portuguese wheat cultivars revealed by ISSR assays. *Biochemical Genetics*, 47, 276-294. <https://doi.org/10.1007/s10528-009-9227-5>
- Collard, B. C., & Mackill, D. J. (2009). Start Codon Targeted (SCoT) polymorphism: a simple novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27(1), 86-93. <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5>
- Condón, F., Gustus, C., Rasmusson, D. C., & Smith, K. P. (2008). Effect of advanced cycle breeding on genetic diversity in barley breeding germplasm. *Crop Science*, 48(3), 1027-

1036. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.07.0415>
- Davis, T. M., Yu, H., Haigis, K. M., & McGowan, P. J. (1995). Template mixing: a method of enhancing detection and interpretation of codominant RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, *91*, 582-588. <https://doi.org/10.1007/BF00223283>
- Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Noori, A., & Ahmadi-Rad, A. (2018). Applicability of CAAT box-derived polymorphism (CBDP) markers for analysis of genetic diversity in durum wheat. *Cereal Research Communications*, *46*(1), 1-9. <https://doi.org/10.1556/0806.45.2017.054>
- Farshadfar, E. (2006). *Multivariate Principles and Procedures of Statistics*. Razi University Press, 734 pp. [In Persian]
- Gowayed, S. M., & Abd El-Moneim, D. (2021). Detection of genetic divergence among some wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using molecular and biochemical indicators under salinity stress. *PloS one*, *16*(3), e0248890. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248890>.
- Goyal, V. K., Pandey, S., Shukla, R. S., & Rani, A. (2020). Multivariate Analysis for Morphological traits in newly developed Cytoplasmic lines of wheat. *International Archive of Applied Science Technology*, *11*(1), 116-121. <https://doi.org/10.15515/iaast.0976-4828.11.1.116121>.
- Hamidi, H., Talebi, R., & Keshavarzi, F. (2014). Comparative efficiency of functional gene-based markers, start codon targeted polymorphism (SCoT) and conserved DNA-derived polymorphism (CDDP) with ISSR markers for diagnostic fingerprinting in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Cereal Research Communications*, *42*(4), 558-567. <https://doi.org/10.1556/CRC.2014.0010>
- Heidari, P., Etminan, A., Azizinezhad, R., & Khosroshahli, M. (2017). Genomic variation studies in durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum) using CBDP, SCoT and ISSR markers. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, *77*(03), 379-386. <https://doi.org/10.5958/0975-6906.2017.00051.7>
- Kara, K., Mezghani, N., Saddoud Debbabi, O., Madini, M., Rached-Kanouni, M., & Ben Naceur, M. (2016). Assessment of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) using agro-morphological characters and microsatellite markers. *International Journal of Biosciences*, *9*(4), 92-101. <http://dx.doi.org/10.12692/ijb/9.4.92-101>
- Khan, M. A., Mehmood, H., Razzaq, F., Ali, B., Aljowaie, R. M., Elshikh, M. S., & Iqbal, R. (2025). Evaluating Genetic Variability for Yellow Rust Resistance in Wheat Using Morphological Traits. *Journal of Crop Health*, *77*, 22. <https://doi.org/10.1007/s10343-024-01085-6>
- Masoudi, H., Sabouri, H., Taliey, F. & Jaafarby, J. (2020). Genetic diversity of some wheat germplasm based on morpho-phenological traits. *Journal of Crop Breeding*, (35), 54-68. <https://doi.org/10.52547/jcb.12.35.54> [In Persian]
- Masoudi, H., Sabouri, H., Taliei, F., & Jafarby, J. (2017). Genetic diversity and association analysis for morphophenolgic traits and resistance to Powdery mildew using ISSR, IRAP and iPBS markers. *Crop Biotechnology*, *18*, 41-56. <https://doi.org/20.1001.1.22520783.1396.7.18.4.3> [In Persian]
- Merril, C. R., Goldman, D., & Van Keuren, M. L. (1983). Silver staining methods for polyacrylamide gel electrophoresis. *Methods in Enzymology*, (96), 230-239. Academic Press. [https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(83\)96021-4](https://doi.org/10.1016/S0076-6879(83)96021-4)
- Naghavi, M., Ghare yazi, B., & Hoseini Salekde, G. H. (2009). *Molecular markers*. Tehran

- University Publication. 350 p [In Persian]
- Navabpour, S. & Kazemi, G. (2013). Study the relations between grain yield and related traits in wheat by path analysis. *Electronic Journal of Crop Production*, 6, 191-203. <https://doi.org/10.15446/rfnam.v74n3.92488> [In Persian]
- Nazari, M., & Abdolshahi, R. (2014). Evaluation of genetic diversity in bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) using morpho-physiological traits and SSR markers. *Agricultural Biotechnology Journal*, 6(1), 215-231. <https://doi.org/10.22103/JAB.2014.1302> [In Persian]
- Pahlavani, S., Izanloo, A., Parsa, S., Ghaderi, M. G. (2016). Association between Grain Quality Traits and SSR Molecular Markers in Some Bread Wheat Genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 8, 25- 36. <https://doi.org/20.1001.1.22286128.1395.8.19.4.9> [In Persian]
- Pour-Aboughadareh, A., Mahmoudi, M., Moghaddam, M., Ahmadi, J., Mehrabi, A. A., & Alavikia, S. S. (2017). Agro-morphological and molecular variability in *Triticum boeoticum* accessions from Zagros Mountains, Iran. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64, 545-556. <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0381-4>
- Pour-Aboughadareh, A., Poczai, P., Etminan, A., Jadidi, O., Kianersi, F., & Shooshtari, L. (2022). An analysis of genetic variability and population structure in wheat germplasm using microsatellite and gene-based markers. *Plants*, 11(9), 1205. <https://doi.org/10.3390/plants11091205>
- Que, Y., Pan, Y., Lu, Y., Yang, C., Yang, Y., Huang, N., & Xu, L. (2014). Genetic analysis of diversity within a Chinese local sugarcane germplasm based on start codon targeted polymorphism. *BioMed Research International*, 2014(1), 468375. <https://doi.org/10.1155/2014/468375>
- Rai, M. K. (2023). Start codon targeted (SCoT) polymorphism marker in plant genome analysis: current status and prospects. *Planta*, 257, 34. <https://doi.org/10.1007/s00425-023-04067-6>
- Roy, J. K., Bandopadhyay, R., Rustgi, S., Balyan, H. S., & Gupta, P. K. (2006). Association analysis of agronomically important traits using SSR, SAMPL and AFLP markers in bread wheat. *Current Science*, 90, 5-10.
- Saghai Maroof, M. A., Biyashev, R. M., Yang, G. P., Zhang, Q., & Allard, R. W. (1994). Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(12), 5466-5470. <https://doi.org/10.1073/pnas.91.12.5466>
- Saint Pierre, C., Crossa, J., Manes, Y., & Reynolds, M. P. (2010). Gene action of canopy temperature in bread wheat under diverse environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(6), 1107-1117. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1238-4>.
- Saravani, S., Sabouri, H., Taliei, F., Biabani, A., & Karizaki, A. R. (2019). Genetic Diversity of Wheat Genotypes based on Resistance to Powdery Mildew, Grain Yield, Yield Components and Molecular Markers. *11(3)*, 57-82. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1238-4> [In Persian]
- Shahmuradov, I. A., Gammerman, A. J., Hancock, J. M., Bramley, P. M., & Solovyev, V. V. (2003). PlantProm: a database of plant promoter sequences. *Nucleic Acids Research*, 31(1), 114-117. <https://doi.org/10.1093/nar/gkg041>
- Shahvardi, M. S., Mohsenzadeh, M., & Habibollah Samizadeh Lahiji, H. (2022). Investigating the relationship between morphological and molecular diversity in safflower genotypes. *Crop Biotechnology*, 11(4), 93-110. [In Persian]
- Shannon, C. E., & Weaver, W. (1963). The mathematical theory of communication. University

- of Illinois Press, Urbana. III.
- Sharma, P., Rana, V., Sood, V., & Upmanayu, S. (2022). Association and path analysis for agromorphological traits among diverse wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm lines for Northern Hill Zone under rainfed conditions. *Journal of Cereal Research*, 14(3), 299-307. <http://doi.org/10.25174/2582-2675/2022,129090>, 299
- Singh, A. K., Rana, M. K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R., & Singh, R. (2014). CAAT boxderived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 23(2), 175-183. <https://doi.org/10.1007/s13562-013-0199-5>
- Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T. B., Ye, Z. H., & Mao, J. X. (1997). POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. *Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada*, 10, 295-301.
- Zhu, Y. F., 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. *Australian Journal of Crop Science*, 5, 846-850.
- Žvingila, D., Vaitkūnienė, V., Patamsytė, J., Leistrumaitė, A., Staniūtė, M., Balčiūnienė, L., & Rančelis, V. (2012). DNA polymorphism and agronomic traits of revertants from barley (*Hordeum vulgare* L.) mutant tw.139-148.