

نتایج و بحث

تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری‌شده در آزمایش هیدروپونیک نشان داد که تأثیر ژنوتیپ‌ها و سطوح تنش شوری بر صفات مورفوفیزیولوژیک معنا دار بود (جدول ۳). با افزایش شوری از میزان طول ریشه، حجم ریشه، پتاسیم و نسبت پتاسیم به سدیم کاسته شد و مقدار سدیم افزایش یافت. در پژوهشی اثر شوری بر روی رشد گیاهچه‌های گندم بررسی و اعلام شد که شوری میزان Na^+ را در ریشه و ساقه افزایش می‌دهد (۶). درحالی‌که، محتوای K^+ با افزایش شوری کاهش می‌یابد.

از آغازگر ارزیابی شده ISSR، تعداد ۱۵ آغازگر با الگوی نواریبندی چند شکل برای بررسی‌های مولکولی ژنوتیپ‌های گندم استفاده شدند. این آغازگرها در مجموع ۸۶ نوار، با میانگین ۵/۷۳ نوار به‌ازای هر آغازگر تولید کردند که در این بین ۲۲ نوار، مونومورف و ۶۴ نوار،

چندشکل بودند (جدول ۴). الگوی نواریبندی آغازگر شماره ۲۷ در شکل (۱- الف) ارائه شده است. همچنین در نشانگرهای RAPD تعداد شش آغازگر از ۲۰ آغازگر ارزیابی‌شده با الگوی نواریبندی چندشکل و مناسب انتخاب و این آغازگرها در مجموع ۳۲ نوار چندشکل با میانگین ۵/۳۳ نوار به‌ازای هر آغازگر تولید کردند (جدول ۵). الگوی نواریبندی آغازگر شماره ۶ در شکل (۱- ب) ارائه شده است. میزان اطلاعات چندشکلی (PIC)، شاخص نشانگر (MI)، شاخص شانون (I) در نشانگرهای ISSR و RAPD محاسبه شد. به‌طوری‌که میانگین آن‌ها برای آغازگرهای استفاده‌شده در تجزیه ISSR به‌ترتیب برابر با ۰/۳۳۵، ۱/۳۹ و ۰/۵۰۲ و در تجزیه RAPD ۰/۳۹۱، ۱/۲۰ و ۰/۵۷۲ و در مجموع دو نشانگر برابر با ۰/۳۶۳، ۱/۳۳ و ۰/۵۳۷ برآورد شد (جدول‌های ۴ و ۵)..

جدول ۳. تجزیه واریانس صفات مورفوفیزیولوژیک ژنوتیپ‌های بررسی‌شده گندم در شرایط تنش شوری

میانگین مربعات						
منابع تغییرات	درجه آزادی	طول ریشه	حجم ریشه	سدیم	پتاسیم	نسبت پتاسیم به سدیم
تکرار	۲	۷/۰۷۳ ^{ns}	۰/۱۱۵ ^{ns}	۳۵/۷۴۰ ^{ns}	۸/۹۵۵ ^{ns}	۰/۴۴۶ ^{ns}
شوری	۲	۵۰۲۳/۹۱۳ ^{**}	۳/۵۰۹ ^{**}	۲۶۴۴۳۹۸/۵۱۶ ^{**}	۷۲۶۹۰۵/۶۶۱ ^{**}	۱۹۲۷۰/۹۷۳ ^{**}
ژنوتیپ	۲۳	۲۲۲/۶۳۱ ^{**}	۳/۶۶۱ ^{**}	۱۸۱۶۰/۰۸۰ ^{**}	۶۱۳۶۴/۷۵۷ ^{**}	۹۹/۷۰۷ ^{**}
شوری × ژنوتیپ	۴۶	۳۱/۵۴۱ ^{ns}	۰/۴۸۸ ^{ns}	۸۹۸۹/۶۸۴ ^{**}	۱۴۹۹۵/۸۴۶ ^{**}	۱۰۱/۰۶۳ ^{**}
اشتباه	۱۴۲	۲۸/۴۰۳	۰/۷۳۶	۶۲۸/۵۷۳	۱۰۹/۰۳۱	۲/۵۳۴
ضریب تغییرات(%)		۱۶/۲۷	۲۰/۷۶	۱۰/۱۶	۱/۵۳	۱۳/۹۹

^{ns}، ^{**} به‌ترتیب غیرمعنادار و معنادار در سطح احتمال یک‌درصد

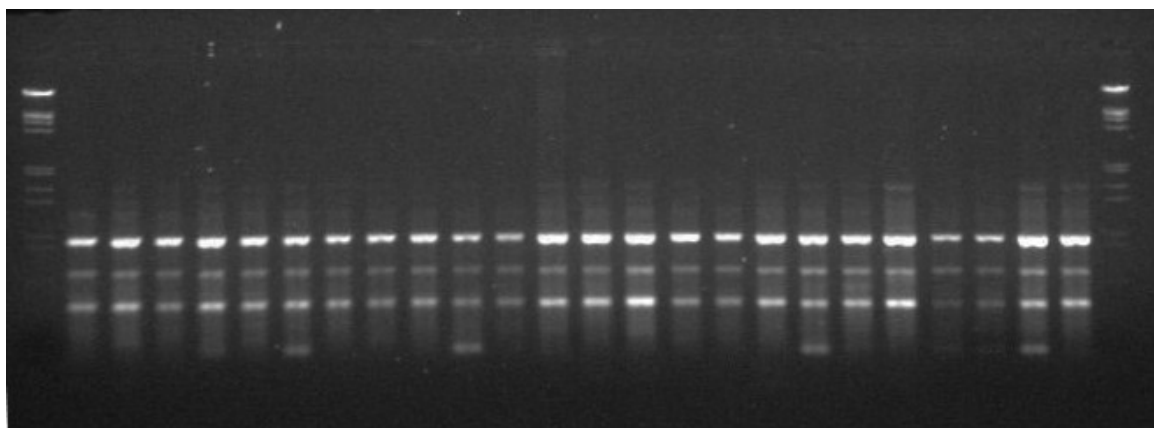
ارزیابی تحمل شوری در ارقام مختلف گندم و ارتباط آن با نشانگرهای مولکولی

جدول ۴: نشانگرهای ISSR چندشکل به کاررفته در ژنوتیپ‌های گندم مطالعه شده

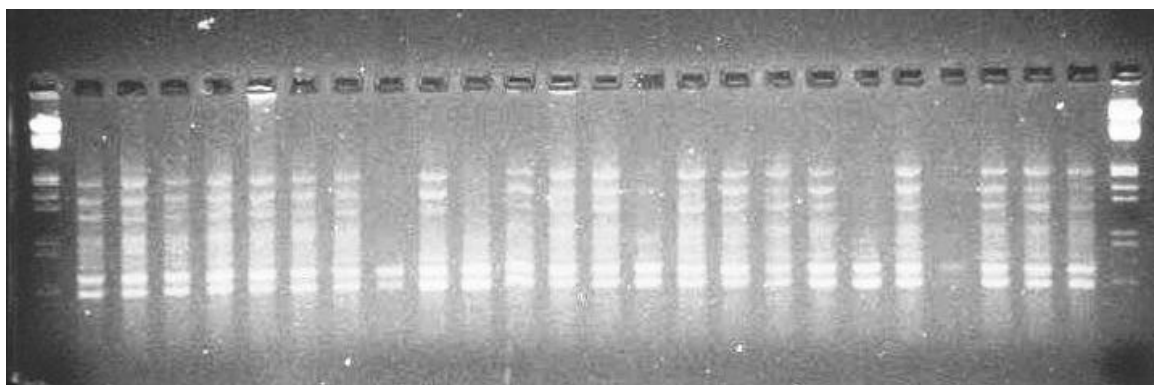
تعداد نوارهای چندشکل	تعداد نوارها	شاخص شانون	MI	PIC	شماره آغازگر	توالی آغازگرها
۵	۶	۰/۴۳۰	۱/۳۹	۰/۲۷۸	۱	5' AGAC AGACGC 3'
۷	۸	۰/۵۲۸	۲/۵۱	۰/۳۵۹	۲	5' GACAGACAGACA GACA 3'
۵	۷	۰/۵۱۲	۱/۷۰	۰/۳۳۹	۳	5' AGAGAGAGAGAGAGAGC 3'
۵	۵	۰/۴۳۶	۱/۳۹	۰/۲۷۸	۱۱	5' GTGGTGGTGGC 3'
۴	۵	۰/۳۰۰	۰/۷۲	۰/۱۸۱	۱۲	5' TTGTTGTTGTTGTTGC 3'
۳	۴	۰/۴۳۹	۰/۸۶	۰/۲۸۶	۱۳	5' ACACACACACACACACYG 3'
۶	۶	۰/۳۱۶	۱/۰۸	۰/۱۸۰	۱۵	5' ACGACGACGACGAAC 3'
۶	۷	۰/۵۲۴	۲/۱۱	۰/۳۵۱	۱۶	5' CACACACACACAAG 3'
۴	۶	۰/۵۶۹	۱/۵۶	۰/۳۹۱	۱۹	5' AGAGAGAGAGAGAGAGT 3'
۴	۵	۰/۶۴۷	۱/۸۲	۰/۴۵۵	۲۰	5' AATAATAATDG 3'
۳	۴	۰/۶۰۱	۱/۲۳	۰/۴۱۱	۲۱	5' ACTCACTCGC 3'
۴	۷	۰/۵۵۵	۱/۵۱	۰/۳۷۸	۲۷	5' CTTCCTTCACTTCA 3'
۳	۶	۰/۵۶۸	۱/۱۵	۰/۳۸۲	۲۸	5' GAGGAGGAGGC3'
۳	۶	۰/۴۳۳	۰/۸۲	۰/۲۷۲	۳۰	5' GAGAGAGAGAGAGAGAC 3'
۲	۴	۰/۶۷۹	۰/۹۷	۰/۴۸۶	۳۴	5' CACACACACACACACAG 3'
۶۴	۸۶	۷/۵۳۵	۲۰/۸۲	۵/۰۲۶		تعداد کل
۴/۲۶	۵/۷۳	۰/۵۰۲	۱/۳۹	۰/۳۳۵		میانگین

جدول ۵: نشانگرهای RAPD چندشکل به کاررفته در ژنوتیپ‌های گندم مطالعه شده

تعداد نوارهای چندشکل	تعداد نوارها	شاخص شانون	MI	PIC	شماره آغازگرها	توالی آغازگرها
۶	۸	۰/۶۰۱	۲/۴۸	۰/۴۱۳	۶	5' CCT GGG CCT A 3'
۲	۷	۰/۳۴۲	۰/۴۱	۰/۲۰۵	۱۷	5' CCT GGG CCT C 3'
۲	۵	۰/۶۷۷	۰/۹۷	۰/۴۸۴	۲۳	5' CCC GCC TTC C 3'
۴	۵	۰/۶۲۳	۱/۷۳	۰/۴۳۲	۲۸	5' CCG G CC TTA A 3'
۲	۴	۰/۶۳۳	۰/۸۸	۰/۴۴۱	۳۴	5' CCG GCC CCA A 3'
۲	۳	۰/۵۵۶	۰/۷۵	۰/۳۷۳	۳۵	5' CCG GGG TTA A 3'
۱۸	۳۲	۳/۴۳۲	۷/۲۱	۲/۳۴۹		تعداد کل
۳	۵/۳۳	۰/۵۷۲	۱/۲۰	۰/۳۹۱		میانگین
۸۲	۱۱۸	۱۰/۹۶۷	۲۸/۰۳	۷/۳۷۶		تعداد کل دو نشانگر
۳/۹۰	۵/۶۲	۰/۵۳۷	۱/۳۳	۰/۳۶۳		میانگین دو نشانگر



(الف)



(ب)

شکل ۱. الگوی نواربندی آغازگر شماره ۲۷ ISSR (الف) و آغازگر شماره ۶ RAPD (ب) در ژنوتیپ‌های گندم مطالعه شده

تمام نشانگرهای بررسی شده، برنج‌های مطالعه شده را به سه گروه تقسیم‌بندی کردند، مطالعات آن‌ها نشان داد که نشانگرهای AFLP و آیزوزایم‌ها بهتر می‌توانند تفاوت بین گروه‌های مختلف را مشخص کنند. کم‌بودن تغییرات توجیه‌شده توسط چهار مؤلفه اول، می‌تواند ناشی از پراکنش خوب نشانگرهای بررسی شده و نمونه‌برداری مناسب آن‌ها از کل ژنوم باشد (۳)

فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم مطالعه شده براساس فاصله ژنتیکی نی (۱۹) بر آورد شد. در نشانگر ISSR ژنوتیپ‌های آگوستا سفید و سرداری بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۷۶۶) و ژنوتیپ‌های شیروودی و گاسگوژن

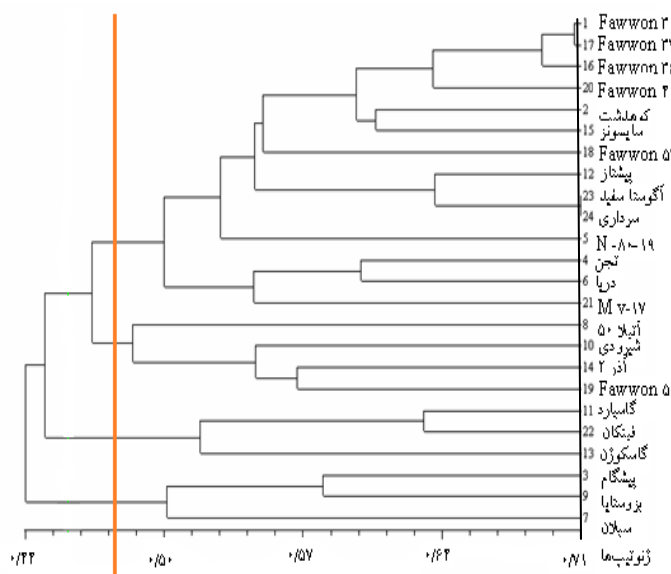
حداکثر مقدار PIC در جایگاه‌های دو آللی برابر با ۰/۵ است و فقط زمانی این اتفاق می‌افتد که فراوانی آلل‌ها در جمعیت مساوی باشد. به عبارت دیگر وقتی که یک قطعه نشانگر در نیمی از افراد تولید و در نیمی دیگر تولید نشود، مقدار PIC برابر ۰/۵ خواهد بود. (۱۴). شاخص نشانگر (MI) نیز علاوه بر پارامترهای مذکور، از تعداد مکان‌های ژنی چندشکل حاصل از آغازگرها در برآورد کارایی و قدرت تفکیک آغازگر استفاده می‌کند (۲۱). ویرک و همکاران (۲۷) توانایی چهار گروه از نشانگرهای مولکولی (آیزوزایم‌ها، RAPD، ISSR و AFLP) را جهت تعیین تنوع ژنتیکی بین گونه‌های مختلف برنج مطالعه کردند.

ارزیابی تحمل شوری در ارقام مختلف گندم و ارتباط آن با نشانگرهای مولکولی

یافته و توده‌های بومی و ارقام وارداتی تنوع ژنتیکی بیشتری در مقایسه با ارقام اصلاح‌شده دارند (۲۶).

معیار PIC توان تمایز هر آغازگر را از طریق تعداد آلل‌ها در یک مکان ژنی و فراوانی نسبی آلل‌ها تعیین می‌کند (۱۶). به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم براساس داده‌های ISSR و RAPD، تجزیه خوشه‌ای براساس روش UPGMA و ضریب تشابه ژاکارد انجام شد (شکل ۲). پس از به‌دست‌آوردن ماتریس شباهت و کوفتتیک توسط نرم‌افزار NTSys، ضریب همبستگی بین این دو ماتریس محاسبه و با توجه به معناداربودن ضریب همبستگی کوفتتیک (۰/۷) در سطح احتمال یک‌درصد، مناسب‌بودن روش تجزیه خوشه‌ای مشخص شد. در این تجزیه، ژنوتیپ‌های مطالعه‌شده به چهار گروه متمایز تقسیم شدند. ژنوتیپ‌های پیشگام، بزوستایا و سبلان در گروه اول قرار گرفتند. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های گاسپارد، فینکان و گاسکوژن بود. در گروه سوم ژنوتیپ‌های آتیلا ۵۰، شیرودی، آذر ۲ و ۵ Fawwon و بقیه در گروه چهارم قرار گرفتند.

کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۲۶۳) را نسبت به یکدیگر نشان دادند. میانگین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها (۰/۵۰۲) به‌دست آمد. همچنین در نشانگر RAPD ژنوتیپ‌های آگوستا سفید و فینکان بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۸۸۹) و ژنوتیپ‌های آتیلا ۵۰ و گاسکوژن کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۰۷۱) را نسبت به یکدیگر نشان دادند. میانگین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها (۰/۴۳۴) به‌دست آمد. در مجموع دو نشانگر ژنوتیپ‌های آگوستا سفید و سرداری بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۷۰۷) و ژنوتیپ‌های شیرودی و گاسکوژن کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۲۶۰) را نسبت به یکدیگر نشان دادند. میانگین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها (۰/۴۸۶) به‌دست آمد، که نشان‌دهنده تنوع قابل ملاحظه‌ای بین ارقام گندم مطالعه‌شده بود. نشانگر RAPD را برای تعیین تنوع ژنتیکی ۲۸ رقم و لاین گندم به کار برده شد و نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی ارقام و لاین‌های مطالعه‌شده پایین است (۱). در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم معمولی چین به کمک نشانگر AFLP در فاصله سال‌های ۱۹۹۰-۱۹۴۰ نشان داده شد که تنوع ژنتیکی در طول زمان کاهش

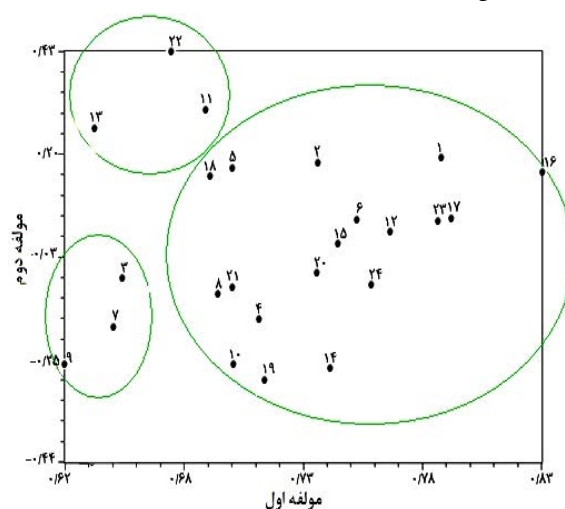


شکل ۲. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم براساس داده‌های مولکولی با استفاده از ضریب تشابه ژاکارد به روش UPGMA

(Stepwise) انجام شد. در مدل مورد نظر صفات بررسی شده به منزله متغیر تابع و داده‌های مولکولی (صفر و یک) به منزله متغیر ثابت وارد مدل رگرسیونی شدند. با توجه به صفات وارد شده به مدل، نوارهایی که مقدار R^2 بالایی داشتند بحث و بررسی شدند. مقادیر ضرایب تبیین تصحیح شده نشان داد که در سطح شاهد برای صفات طول ریشه و حجم ریشه، در تنش ۴۵ میلی مولار صفات طول ریشه، حجم ریشه، مقدار سدیم، پتاسیم و نسبت پتاسیم به سدیم و در تنش ۹۰ میلی مولار صفات طول ریشه، مقدار سدیم و نسبت پتاسیم به سدیم بیش از ۵۰ درصد تغییرات توسط نشانگرهای مثبت (دارای ارتباط معنادار با صفات اندازه گیری شده) شناسایی شده توجیه گردید. نشانگرهای ۱-

S_{11} ، S_{27-3} و S_{30-3} در سطح شاهد، S_{1-2} در تنش ۱ و ۲-
 S_3 ، S_{16-4} ، S_{20-4} و S_{21-3} در تنش ۲ ارتباط معنادار با صفات بررسی شده داشتند (جدول ۴). در تجزیه ارتباط برای ۵۵ ژنوتیپ گندم با استفاده از ۲۰ جفت آغازگر ریزماهواره، دو جفت آغازگر SAMPL و هشت جفت آغازگر AFLP در مجموع ۵۱۹ نشانگر چندشکل، تعداد ۱۳۱ آلل ریزماهواره، ۴۳ نشانگر SAMPL و ۱۶۶ نشانگر AFLP با ارتباط معنادار برای ۱۴ صفت زراعی شناسایی شد (۲۳). گزینش براساس نشانگرهای RAPD برای بهبود مقاومت به خشکی در سویای معمولی انجام شد (۲۵). با استفاده از تجزیه واریانس و رگرسیون چندگانه، پنج نشانگر شناسایی شد که به طور پیوسته و معناداری با عملکرد تحت شرایط تنش، غیرتنش و میانگین هندسی عملکرد در دامنه وسیعی از محیطها ارتباط داشتند. پنج نشانگر RAPD استفاده شده در گزینش به کمک نشانگر را جمعیت حاصل از تلاقی Sierra و RB Lef2 عملکرد را ۱۱ درصد در شرایط تنش و هشت درصد در شرایط بدون تنش بهبود بخشید

به منظور تعیین روابط ژنتیکی بین ارقام و نیز گروه بندی آنها تجزیه به مؤلفه های هماهنگ اصلی^۱ نیز به منزله روشی مکمل برای تجزیه خوشه ای انجام گرفت. براساس داده های مولکولی چهار مؤلفه هماهنگ اصلی اول در مجموع حدود ۶۴/۵۵ درصد تغییرات مولکولی بین ژنوتیپها را توجیه کردند. مؤلفه اول ۵۱/۰۳ درصد از تنوع کل را تبیین کرد. مؤلفه های دوم، سوم و چهارم نیز به ترتیب ۴/۸۷، ۴/۴۵ و ۴/۱۹ درصد از تنوع کل را تبیین کردند. نمایش ژنوتیپها در یک نمودار دویبعی براساس دو مؤلفه اصلی اول، گروه بندی حاصل از تجزیه خوشه ای را تأیید کرد و توانست ژنوتیپها را به خوبی از هم تفکیک کند (شکل ۳).



شکل ۳. نمایش دویبعی ژنوتیپهای گندم براساس داده های مولکولی در دو مؤلفه هماهنگ اول و دوم

ارتباط نشانگرهای مولکولی ISSR و RAPD با صفات اندازه گیری شده در کشت هیدروپونیک برای هر صفت در هر سه سطح به صورت مجزا انجام شد (جدول ۶). در این مرحله برای تمام صفات رگرسیون به روش گام به گام

1. Principle Coordinate Analysis

ارزیابی تحمل شوری در ارقام مختلف گندم و ارتباط آن با نشانگرهای مولکولی

جدول 1. ضرایب رگرسیون و ضریب تبیین تصحیح شده در رگرسیون چندگانه بین صفات مورفولوژیک و مکان‌های ژنی ISSR و RAPD در سطوح مورد نظر

نشان ۹۰ میلی مولار کلرید سدیم												نشان ۴۵ میلی مولار کلرید سدیم											
نسبت پاسم به سدیم	پاسم	سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	نسبت پاسم به سدیم	پاسم	سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	نسبت پاسم به سدیم	پاسم	سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	نسبت پاسم به سدیم	پاسم	سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	عرض از میلا			
۱/۴۷	۵۴۴/۶۹	۴۱/۰۳	۴/۵۲	۲۲/۳۰	۲/۹۵	۹۸۴/۳۶	۲۸/۳۶	۲/۶۲	۲۶/۰۰	۴۳/۹۳	۹۴۴/۵۰	۱۱/۵۴	۴/۷۴	۴۱/۷۴	۴۳/۰۰	۹۴۴/۵۰	۱۱/۵۴	۲/۶۲	۲۶/۰۰	۴۳/۹۳	۹۴۴/۵۰	۴۱/۷۴	S ₁₂
۰/۳۶**						-۲۰/۷۳**	-۵۴/۱۹**	۱/۱۷**															S ₁₃
					۱/۰۳**			-۰/۲۱*															S ₂₁
								-۰/۵۸**															S ₂₂
																							S ₂₃
																							S ₂₅
																							S ₂₆
۰/۱۴**																							S ₃₂
۰/۴۹**																							S ₁₁₋₁
																							S ₁₁₋₃
-۰/۳۵**																							S ₁₁₋₅
																							S ₁₃₋₁
																							S ₁₃₋₄
																							S ₁₅₋₅
																							S ₁₆₋₂
																							S ₁₆₋₄
																							S ₁₆₋₅
																							S ₁₆₋₆

**، *، ns به ترتیب غیرمعنادار و معنادار در سطح احتمال پنج و یک درصد
R و S به ترتیب نشان‌دهنده نشانگرهای ISSR و RAPD و اعداد به ترتیب شماره آغازگر و شماره نشانگر است.

امید سفالیان و همکاران

ادامه جدول ۱. ضرایب رگرسیون و ضریب تبیین تصحیح شده در رگرسیون چندگانه بین صفات مورفولوژیک و مکان‌های ژنی ISSR و RAPD در سطوح مورد نظر
 تنش ۹۰ میلی‌مولار کلرید سدیم
 تنش ۲۵ میلی‌مولار کلرید سدیم
 شاهد

نسبت پتانسیم به سدیم	پتانسیم سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	نسبت پتانسیم به سدیم	پتانسیم سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	نسبت پتانسیم به سدیم	پتانسیم سدیم	حجم ریشه	طول ریشه	شاهد
												S ₁₀₋₁
			۵/۰۵**		-۲۶۰/۸۹**		۶/۰۱۳**		-۱۰/۱۳۰**			S ₁₀₋₂
			-۱/۸۳**		۱۰۰/۱۵**							S ₃₀₋₁
			-۱/۰۴*		۰/۴۱**		-۴۴/۳۱**		۴۸/۸۲**			S ₃₀₋₂
			۱/۲۳**									S ₃₀₋₃
			-۹/۵۵**				-۴/۸۹**					S ₃₀₋₄
			۶/۸۰**									S ₂₁₋₁
			-۰/۵۱**									S ₂₁₋₃
			-۱/۰۸*									S ₂₇₋₁
												S ₂₇₋₂
												S ₂₇₋₃
												S ₃₈₋₁
												S ₃₈₋₃
												S ₃₀₋₁
												S ₃₀₋₂
												S ₃₀₋₃
												R ₁₇₋₂
												R ₃₄₋₂
												S ₁₀₋₁
												R ²

به ترتیب غیرمعتاد و معتاد در سطح احتمال پنج و یک درصد
 R و S به ترتیب نشان‌دهنده نشانگرهای ISSR و RAPD و اعداد به ترتیب شماره آغازگر و شماره نشانگر است.

منابع

9. Gupta PK, Mir RR, Mohan A and Kumar J (2008) Wheat genomics: present status and future prospects. International Journal of Plant Genomics. Article ID 896451, 36 P.
10. Kaushik A, Saini N, Jain S, Rana P, Singh RK and Jain RK (2003) Genetic analysis of a *Csr10* (*indica*) × *Taraori* Basmati F3 population segregating for salt tolerance using ISSR markers. Euphytica. 134: 231-238.
11. Kingsbury RW and Epstein E (1986) Salt sensitivity in wheat. A case for pacification toxicity. Plant Physiology. 90: 651-654.
12. Liu ZQ, Pei Y and Pu ZJ (1999) Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on RAPD markers in wheat, *Triticum aestivum* L. Plant Breeding. 118: 119-123.
13. Martinez L, Caragnaro P, Masueki R and Rodriguez J (2003) Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties using morphological data and AFLP markers. Biotechnology. 6(3): 241-250.
14. Mateescu RG, Zhang Z, Tsai K, Phavaphutanon Burton-Wurster NI, Lust G, Quaas R, Murphy K, Acland GM and Todhunter RJ (2005) Analysis of allele fidelity polymorphic information content and density of microsatellites in a genome wide screening for hip dysplasia in a crossbreed pedigree. Heredity. 96(7): 847-853.
15. Mohan M, Suresh N, Bhagwat A, Krishna TG and Yano M (1996) Genome mapping, molecular marker and marker-assisted selection in crop plants. Molecular Breeding. 3: 87-103
16. Muminovic J, Melchinger AE and Lubberstedt T (2004) Genetic diversity in corn salad (*Valerianella locusta*) and related species as determined by AFLP markers. Plant Breeding. 123: 460-466.
1. عبدالهی مندولکانی ب.، سیدطباطبایی بدرالدین ا.، شاه نجات بوشهری ع. ا.، قنادها م. ر. و امید م (۱۳۸۲) مطالعه روابط خویشاوندی و تنوع ژنتیکی ارقام و لاین‌های گندم (*Triticum aestivum*) با نشانگرهای RAPD. علوم کشاورزی ایران. ۳۴(۲): ۴۵۴-۴۴۷.
2. کریمی ه (۱۳۷۵) گیاهان زراعی، انتشارات دانشگاه اصفهان، ۲۸۵ صفحه.
3. محمدی و. و نجفی میرک ت (۱۳۸۵) اصلاح نباتات (عمومی و خصوصی)، انتشارات دیباگران تهران، ۱۸۸ صفحه.
4. نقوی ر.، قره‌یاضی ب. و حسینی سالکده ق (۱۳۸۶) نشانگرهای مولکولی. انتشارات دانشگاه تهران، چاپ دوم، ۳۳۴ صفحه.
5. دشتی ح.، نقوی م. ر.، شاه‌نجات بوشهری ع. ا. و ششیرانی ح (۱۳۸۸) بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم گندم با استفاده از نشانگرهای RAPD. ژنتیک نوین. ۴(۳): ۶۲-۵۵.
6. Alamgir A, Kutube KK and Paul T (1997) Use of mathematical growth curves in the analysis of growth and nutrient distribution patterns in wheat growth under salinity stress. Chitagong university studies. 21: 37-46.
7. Botstein D, White RL, Skolnick M and Davis RW (1980) Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics. 32: 314-331.
8. Esfandiari E, Shokrpour M and Alavi-Kia S (2010) Effect of mg deficiency on antioxidant enzymes activities and lipid peroxidation. Agricultural Science. 2(3): 131-136.

17. Munns A, Greenway H, Delan R and Gibbs J (1982) Ion concentration and carbohydrate status of elongating leaf tissue of *Hordeum vulgare* growing at high external NaCl. *Experimental Botany*. 33: 574-583.
18. Mwamburi MT (2005) Associating molecular markers with phenotypes in sweet potatoes and liriopogons using multivariate statistical modeling, Ph.D. dissertation Louisiana State Univ.
19. Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89: 583-590.
20. Peakall R and Smouse PE (2006) GenAl Ex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6, 288-295.
21. Powell W, Morgante M, Andre C, Hannafey M, Vogel J, Tingey S and Rafalaski A (1996) The comparisons of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germ plasm analysis. *Molecular Breeding*. 2: 225-238.
22. Romesburg HC (1990) Cluster analysis for researchers Robert F. Kriger pub. Co. Malabar. Florida. pp. 324.
23. Roy JK, Bandopadhyay R, Rustgi S, Balyan HS and Gupta PK (2006) Association analysis of agronomically important traits using SSR, SAMPL and AFLP markers in bread wheat. *Current Science*. 90: 683-694.
24. Saghai-Marouf MA, Soliman KM, Jorgensen RA and Allard RW (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance chromosomal location, population dynamics. *Proceeding of the National Academy of Sciences*. 81: 8014-8018.
25. Schneider KA, Brothers ME and Kelly JD (1997) Marker assisted selection to improve drought resistance in common bean. *Crop Science*. 37: 51-60.
26. Tian Q, Zhou R and Jia J (2005) Genetic diversity trend of common wheat (*Triticum aestivum* L.) in China revealed with AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 52 (3): 325-331.
27. Virk PS, Zhu J, Newburg HJ, Bryan GJ, Jackson MT and Ford-Lloyd BV (2000) Effectiveness of different classes of molecular marker for classifying and revealing variation in rice (*Oryza sativa* L.) germplasm. *Euphytica*. 112: 275-284.
28. Wyn Jones RG, Gorham J and McDonnell E (1984) Organic and inorganic solution contents as selection criteria for salt tolerance in the triticeae In: Staples, R.C and Toenniessen, G.H. *Salinity tolerance in plants*. John Wiley and Sons, New York. pp: 189-197.