

## مجلة الإنتاج النباتي

موقع المجلة: [www.jpp.mans.edu.eg](http://www.jpp.mans.edu.eg)  
متاح على: [www.jpp.journals.ekb.eg](http://www.jpp.journals.ekb.eg)



## الكشف عن التنوع الوراثي لبعض أصناف الحنطة سداسية المجموعة الكروموسومية باستخدام تقنية RAPD-PCR

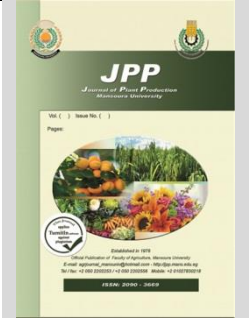
عبير ياسين محمد المجمعى\* واحمد هواس عبد الله انيس

كلية الزراعة، جامعة تكريت، العراق.

### المخلص

هدفت الدراسة الحالية إلى تقييم التنوع الوراثي لعشرة أصناف من حنطة الخبز (إباء-95، تموز-2، لطيفية، رشيد، شام-6، أبو غريب، إباء-99، بحوث-22، أدنه، جيهان-99) باستخدام تقنية التضاعف العشوائي المتعدد الأشكال لسلسلة DNA (RAPD) المصنعة على PCR لعشرة بادئات، والذي أنتجت 69 حزمة من بينها 50 حزمة متباينة ونسبة تباين وراثي بلغت (80%)، أظهر تحليل التباين الوراثي للأصناف أن أكبر تباين وراثي كان بين الصنفين جيهان-22 ولطيفة (0.451)، بينما أقل تباين وراثي كان بين الصنفين أبو غريب-3 وإباء-99 (0.045)، وصنفت الأصناف إلى مجموعتين رئيسيتين، تضمنت المجموعة الأولى الصنف إباء-95 والمجموعة الثانية لبقية الأصناف. إن معلومات RAPD كانت ذات كفاءة عالية في تشخيص الصلة الوراثية بين الأصناف، وتستعمل أيضاً كمؤشر لمربي النبات لاسيما في الدراسات المستقبلية لمحمول الحنطة.

**الكلمات المفتاحية:** الحنطة، الأصناف، التراكيب الوراثية، RAPD-PCR، التباين الوراثي



### المقدمة

تعد الحنطة الناعمة *Triticum aestivum* L. المحصول الأول من محاصيل الحبوب في العالم فحبوبها مصدر أساسي لغذاء الإنسان وذلك لارتفاع قيمتها الغذائية وانتاجيتها العالمية العالية إذ بلغت 722 مليون طن. وكذلك في العراق صنفت الحنطة بالمرتبة الأولى من حيث المساحة المزروعة والتي بلغت 1053976.5 هكتار وانتاجية بلغت 2.974 مليون طن (الجهاز المركزي للإحصاء، 2017). لذا يحتاج العراق سنوياً إلى 3.25 مليون طن من حبوبه، وما زال لم يصل إلى مستوى الطموح لاسيما انخفاض الانتاجية لوحدة المساحة قياساً بدول العالم المنتجة، وهذا بدوره يؤدي إلى عدم تحقيق الاكتفاء الذاتي من المحصول بالرغم من كون العراق يعتبر واحد من أهم مناشئ هذا المحصول. لذا يتوجب علينا إيجاد أصناف عالية الانتاج وملئمة للظروف البيئية الجافة لسد الاحتياجات المتزايدة لهذا المحصول.

إن التحليل الجزيئي هو الأكثر استخداماً بشكل متزايد على أساس المعلومات للمحصول النووي من قبل التقنيات الجزيئية المختلفة لاسيما العشوائية، وهي تقنية قائمة على PCR القادرة على التمييز بين الأفراد وتحديد تباينها الوراثي. وكذلك هي وسيلة سريعة وفعالة مستخدمة بشكل واسع لأغراض مختلفة والتي يمكن استغلالها من قبل مربي النبات لزيادة وتحسين الأنماط الوراثية وخصوصاً في محصول الحنطة. وهي تخالف التحليل العنقودي المعتمد على الصفات الظاهرية. هناك الكثير من المؤشرات المستخدمة في تقدير التنوع الوراثي و تعريف النمط الجيني والخريطة الوراثية منها مؤشرات التضاعف العشوائي متعدد الأشكال (Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)، إذ تستخدم فيه المادة الوراثية الأساسية DNA في جسم الكائن الحي كمؤشرات وراثية تسمى مؤشرات الدنا، ويتم بهذه الطريقة بمضاعفة مواقع (Loci) على شريط ال DNA باستخدام بادئات عشوائية قصيرة، وتتكون هذه التتابعات تقريبا من عشرة نيكليوتيدات وتتحد هذه البادئات بمواقع مكملة لها على شريط ال DNA، وأن نتائج التضاعف هو قطع مختلفة العدد والطول والآخر يعتمد على عدد القطع وعدد مواقع الارتباط وكذلك بين موقع ارتباط وآخر (McClelland and Welsh، 1990). إن تقنية ال RAPD ذات سيادة تامة لأنها لا تميز الأليلات المتماثلة والمتباينة وأن عدد القطع المتضاعفة تعتمد على حجم الجينوم و تتابعه وطول البادئ فضلاً عن ظروف وطرق الفصل (Shehadeh، 2011)، وأن هذه التقنية لها عدة مميزات منها البساطة في الاستخدام وسريعة وغير مكلفة واستخدام كمية صغيرة من المادة الوراثية ال DNA (10 نيكليوتيدات) لكل تفاعل بدون الحاجة إلى نقاوة عالية (Karp وآخرون، 1997).

ومن الدراسات التي تناولت تقنية RAPD في تحديد البعد الوراثي في الحنطة، وجد زكريا (2011) في دراسته التغيرات الفسيولوجية والوراثية لبعض التراكيب الوراثية في الحنطة باستخدام مؤشرات RAPD معتمداً على 8 بادئات، فقد تميزت 7 بادئات بإنتاج حزم واضحة بلغ عددها 82 حزمة كلية ضمن

التركيبين الوراثيين N3 و 2H والصنفين تموز 2 و دور 85 منها 38 حزمة متماثلة و 44 حزمة متباينة بنسبة 53.7%، وأكبر عدد من الحزم المتباينة بلغ 10 وموجوده في البادئ OPI-01، وأقل عدد من الحزم المتباينة بلغ 2 فقط في البادئ OPN-16، وأن أكبر بعد وراثي بين الوراثي 2H والصنف دور 85 وأقل بعد وراثي بين التركيبين الوراثيين 2H و N3 في البادئ OPI-01. وفي دراسة للتغير الوراثي لستة أصناف من الحنطة الناعمة وباستخدام معلومات RAPD، تبين وجود تباين بين الأصناف جميعها وبنسبة تتشابه بلغت 25-66.7% باستخدام 3 بوادئ أنتجت منها 42 حزمة أي بمتوسط 7.4 حزمة لكل بادئ (Saló وآخرون، 2011). كما حصل Yagdi و Cifci (2012) عند دراستهما التباين الوراثي في ستة عشر تركيب وراثي في حنطة الخبز على 142 حزمة كلية كان من بينها 110 حزمة متباينة أي بمتوسط 8.53 حزمة لكل بادئ وأوزانها بين 2800-3000 bp. ووجد الجبوري (2013) تغيرواً وراثياً بين الأصناف والتراكيب الوراثية المدروسة من الحنطة سداسية المجموعة الكروموسومية عند استخدامه تقنية RAPD بالاعتماد على 15 بادئا، وأظهرت 11 بادئا فقط نتائج تضاعف. وبين العاني (2013) عند دراسته التباين الوراثي وفقاً للمؤشرات المظهرية والمؤشرات الجزيئية لأربعة عشر تركيباً وراثياً من حنطة الخبز باستخدام تقنية RAPD، وأن 19 بادئا أعطت نتائج تضاعف فقط من أصل 23 بادئا، تراوحت عدد الحزم بين 15 حزمة للبادئين (OPI-06 و OPB-19) و 58 حزمة للبادئ (OPQ-20) وقد تراوح الحجم الجزيئي للحزم بين (2000-2400 bp). كما بين Al-Hamadny وآخرون (2014) عند دراستهم علاقة البعد الوراثي والمظهري للآباء مع المقدره الاتحادية الخاصة وقوة الهجين قياساً عن متوسط الأبوبين باستخدام تقنية RAPD وبالاعتماد على 24 بادئ، حيث أنتجت 141 حزمة وأن التعداد الشكلي لمعلومات RAPD كانت عالية 70.18% بمعدل 26.74 حزمة للبادئ واحد، وتراوح البعد الوراثي بين الآباء 0.167-0.629. والبعد المظهري للصفات المدروسة ( ارتفاع النبات وعدد السنابل بالنبات وعدد الحبوب بالسنبلة ووزن 1000 حبة وحاصل حبوب النبات والحاصل البيولوجي ودليل الحصاد) تراوحت بين 0.000604-0.0227. وحصلت جبرودية وآخرون (2015) في دراستهم عشرة أصناف محلية من الحنطة حدد التباين الوراثي بينها باستعمال مؤشرات RAPD بالاعتماد على 9 بادئات، وتراوحت عدد الحزم ما بين 18 حزمة للبادئ VBC3-2 إلى 48 حزمة للبادئ VBC3-9 وبمعدل بلغ 28.8 حزمة ، بادئ<sup>1</sup> وبلجمالي عدد الحزم بلغت 259 حزمة. أوضحت نتائج الكرخي وآخرون (2018) المتحصلة عليها بتقنية RAPD في الحصول على عدد من الحزم الكلية بلغت 1327 حزمة للأصناف السبعة عشر المدروسة من الحنطة الناعمة باستخدام ثلاثة وعشرون بادئ، منها 142 حزمة متماثلة و 127 حزمة متباينة وتراوحت أحجام الحزم المتضاعفة لجميع البادئات من 140-1500 bp، وأن أكبر بعد وراثي كان بين التركيبين جيهان-99 و Zengirci بلغ 0.791 وأقل بعد وراثي كان بين Gerek و Turkmen بلغ 0.318. وجد التميمي (2019) عند دراسته عشرون تركيباً وراثياً بهدف تحديد

\*الباحث المسنول عن التواصل

البريد الإلكتروني: [yasseenabeer8@gmail.com](mailto:yasseenabeer8@gmail.com)  
DOI: 10.21608/jpp.2020.158413

- 1.5 µl و 10 picomols/µl (2 µl و 5µl) ddH<sub>2</sub>O وبأحجام  
 و 16.5 µl) على الترتيب. حيث حضر مزيج التفاعل وفق الخطوات التالية:  
 1- مزجت مكونات التفاعل باستخدام الماصة الدقيقة Micro pipeti ووضعت في جهاز الطرد المركزي.  
 2- جهزت 11 انبوبة معقمة بحجم 0.5 مل ومعلمة حسب العينات المراد دراستها واضيف 23 ميكروليتر من مزيج (جنول 3) لكل انبوبة.  
 3- اضافة 1.5 ميكروليتر من DNA كل عينة في الانبوبة المخصصة لها مع ترك الانبوبة 11 ل Negative DNA، مع مراعاة توزيع الخليط أعلاه على الأنابيب يجب أن يكون قبل نقل DNA لتجنب حدوث التلوث.  
 4- نقل الأنابيب إلى جهاز الطرد المركزي لعدة ثوان وذلك لجمع القطرات الملصقة بالأنابيب وإزالتها إلى أسفل الانبوبة للحفاظ على الحجم النهائي لمزيج التفاعل 25 ميكروليتر.  
 5- وضعت أنابيب المزيج اعلاه في جهاز البلمرة الحراري PCR وفقا لـ Rabbani وآخرون (2008).

### جدول 3. برنامج ظروف تفاعل البلمرة المتسلسل RAPD-PCR

الرقم	المرحلة	C درجة الحرارة ( )	الوقت	الدورات
1-	Initial Denaturation	94°C	5 min.	1 cycle
2-	Denaturation	94°C	30 sec	
3-	Annealing	36°C	45 sec	
4-	Extension-1	72°C	45 sec	40 cycle
5-	Extension-2	72°C	7 min.	1 cycle

رفعت هذه الأنابيب بعد انتهاء الوقت وانخفاض درجة حرارتها ووضعت في التلاجة لحين الترحيل الكهربائي لنواتج PCR باستخدام هلام الاكاروز، ونفذ الترحيل الكهربائي لتحديد قطع DNA بعد تفاعل PCR للعينات الناتجة والدليل القياسي DNA (DNA Ladder marker) وفقاً لـ Sambrook وآخرون (1989). وكانت المحاليل المستخدمة هي: محلول TBE وتم تحضيره بقوة X1 وداري التحميل Loading buffer والصبغة الحمراء الامنة (Red safe) وهي مادة حامضية نوية جديدة وامنة بديل للصبغة التقليدية بروميد الايثيديوم (EtBr) تستخدم للكشف عن DNA في هلام الاكاروز حيث ان هذه الصبغة تغطي اشعاعاً اخضر عندما تكون مرتبطة بـ DNA او RNA. وهلام الاكاروز تم تحضيره بتركيز 1.5% طبقاً لـ Sambrook وآخرون (1989) أيضاً بإذابة 1.5 غرام من الاكاروز في 100 مل من محلول 1X TBE، نستخدم بيكر سعة 500 مل نضع فيه 450 مل ماء مقطر و 50 مل محلول TBE بتركيز 1X، يرح البيرك بمحتوياته جيداً باليد بعدها يسخن في جهاز Microwave oven بدرجة حرارة 100م° حتى تتم اذابته بشكل كامل و يصبح سائلاً صافياً خالي من الفقاعات بعدها يبرد تحت درجة حرارة 45- 50 م° ثم يضاف 2 ميكروليتر من الصبغة الحمراء الامنة إلى البيرك الحاوي على الاكاروز.  
 تم تحضير العينة للترحيل الكهربائي من خلال خلط 3 ميكروليتر من DNA Ladder مع 5 ميكروليتر من صبغة التحميل (KAPA DNA Loading) وبعد عملية الخلط تتم عملية التحميل بفتحات الهلام الأولى، وبعدها خلط 5 ميكروليتر من DNA Ladder و 3 ميكروليتر من صبغة التحميل و بعد عملية الخلط تحقن بتقريب الهلام الأخرى بلطف مع مراعاة عدم خروج العينات من الثقوب، و ثم توصل اقطاب جهاز الترحيل الكهربائي ويجهز تيار كهربائي بقوة 7 فولت لمدة 2 ساعة حتى تصل الصبغة إلى الجانب الأخر من الهلام، بعدها يرفع الهلام من حوض الترحيل الكهربائي بشفة ووضعه على مصدر للأشعة فوق البنفسجية UV ب 336 نانومتر لمشاهدة الحزم المتوهجة وتقدير احجامها وصورت بكاميرا رقمية (Sambrook وآخرون، 1989). استعمل برنامج Photo capt لحساب الحجم الجزيئي للكشف عن الحزم الناتجة من تفاعلات البلمرة الحراري PCR ومقارنتها بحجم المؤشر DNA Ladder (Cerasela وآخرون، 2011).

حللت نتائج RAPD التي ظهرت في الهلام بعد تحويل النتائج التوصيفية إلى بيانات رقمية بوضع 1 عند وجود الحزمة و 0 عند غيابها على هلام الاكاروز وترتيب البيانات بشكل جدول ليضمن نتائج الباندات كافة للعينات المدروسة، وتم حساب معامل البعد الوراثي بين العينات باستعمال معامل (Li و Nei، 1979) وحسب المعادلة الآتية:

$$\text{Genetic Distance} = 1 - \left( \frac{2 * N_{xy}}{N_y + N_x} \right)$$

إذ أن :

GD تمثل البعد الوراثي ،  $N_{xy}$  تمثل عدد الحزم المشتركة بين الامنوجين x و y التي تمثل عينتين ،  $N_x$  تمثل عدد الحزم الكلية في العينة x و  $N_y$  تمثل عدد الحزم الكلية في العينة y. رسم مخطط التحليل العنقودي وفقاً لطريقة UPGMA (Sokal و Sneath، 1973) باستعمال البرنامج الجاهز NTSYS-PC (Numerical Taxonomy System) للحصول على شجرة القرابة أو البعد الوراثي ، وبالتالي الحصول على المخطط التحليل التجميعي الذي يوضح المجاميع الوراثية القريبة والبعيدة لجميع العينات المدروسة.

البعد الوراثي بينها باستخدام مؤشرات RAPD بالاعتماد على 11 بادئ عشوائي حيث أعطت جميعها حزم واضحة بلغ عددها 702 حزمة بمعزل 63.81 حزمة بادئ-1، حيث أظهر الباندان OP-V09 و OP-R06 أكبر عدد من الباندات المتباينة بلغت 5 أليلات و اعلى تعددية شكلية بلغت 83.33%، وأعلى قدرة على التمييز بين التراكيب الوراثية بلغت 25%، وأن أكبر بعد وراثي كان بين التركيب الوراثي العراق و G5 و بين الهاشمية و G5 بلغ 0.2 و 0.194 بالترتيب و أقل بعد وراثي بين العراق و الناعمة بلغ 0.013.

وبناءً على ما تقدم فإن هدف هذه الدراسة هو معرفة التغيرات الجزيئية بين عشرة أصناف من حنطة الخبز من خلال عزل وتنقية DNA باستخدام مؤشرات RAPD لاعتمادها في برامج التربية والتحسين مستقبلاً.

### مواد وطرق العمل التجربة الحقلية

استخدم في هذه الدراسة عشرة أصناف من حنطة الخبز تم الحصول عليها من دائرة فحص وتصديق البذور، فرع صلاح الدين التابع لوزارة الزراعة الموضحة تفصيلها في الجدول 1. تم زراعة الأصناف في ناحية الاسحافي التابعة لمحافظة صلاح الدين بتاريخ 2019/11/25، إذ تم اعداد ارض التجربة وذلك بحرثها حرثتين متعامدتين باستعمال المحراث الحفار، ثم نعمت وتمت تسويتها واضيف لها سماد سوبر الفوسفات الثلاثي (P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) مصدرراً للفسفور بتركيز 46% وبمعزل 200 كغم/دفعة واحدة قبل الزراعة. كما اضيف سماد اليوريا مصدرراً للنتروجين تركيزه 46% بمعزل 200 كغم/دفعتين الأولى عند الزراعة والثانية في مرحلة طرد السنابل. وتم زراعة خمسة خطوط من كل أب وبطول 1.5 م وبين خط وآخر 0.30 م وبين نبات وآخر 0.10 م وعلى عمق 0.03 م في ثلاث مكررات باستخدام تصميم القطاعات كاملة العشوائية.

### جدول 1. ارقام اسماء ورموز ونسب اصناف الحنطة المستخدمة في الدراسة.

رقم التركيب	الأصناف	نسب التراكيب الوراثية
1	إباء-95	طريقة التربية (الأدخل) Veery S
2	تموز-2	(صابر بيك × مكسيك)
3	لطيفية	تضريبات بين سلالة استرالية × صنف محلي اراس
4	رشيد	تشيع سلالة نقية من صنف مكسيك الأشعة كما جرة 10 كيلوراد طريقة التربية (بأسلوب استخدام الطفرات الوراثية)
5	شام-6	Plo - Ruft GTOS - RHel (M12904) - IM - SM - 14 - OSK - GAP
6	أبو غريب	C-on) x inca - (Buckmon)
7	إباء-99	User\ Rows\3\Jup\B\S\User
8	بحوث-22	Local variety
9	أنته	PFAWL/seri-82/BOW
10	جيهان-99	مدخل من قبل مركز اجاث السليمانية

### التجربة المختبرية

تمت عملية استخلاص الـ DNA من الاوراق الغضة لنباتات الحنطة الناعمة في مرحلة البادرات للأصناف المستخدمة في هذه الدراسة باستعمال البروتوكول المجهز من قبل الشركة المنتجة للـ Kit المنتج من قبل شركة Zamo Research USA. تم استخدام عشر بادئات عشوائية والمبينة تفصيلها في جدول 2 والمجهزة من قبل شركة (Integrated DNA Technologies company, Canada). كانت الباندات مجففة وتم اذابتها بواسطة ماء منزوع الايونات ddH<sub>2</sub>O (Deionized distilled water) لكل بادئ ومزج المحلول جيداً للحصول على تركيز نهائي 100 بيكومول مل<sup>-1</sup> كمحلول جاهز، وخنز على درجة حرارة -20 م° لحين الاستعمال. أما المحلول المستخدم يومياً فقد تم تحضيره من سحب 10 مايكروليتر من المحلول الجاهز وأضيف له 90 مايكروليتر من الماء منزوع الايونات ddH<sub>2</sub>O ليصبح الحجم النهائي 100 مل لحين تنفيذ التفاعل.

### جدول 2. الباندات العشوائية المستخدمة في الدراسة وتتابعاتها.

الرقم	البادئ	التتابع
1	OP-V19	GGGTGTGCAG
2	OP-M05	GGGAACGTGT
3	OP-V02	AGTCACTCCC
4	OP-V09	TGTACCCGTC
5	OP-V14	AGATCCCGCC
6	OP-I02	GGAGGAGAGG
7	OP-R06	GTCTACGGCA
8	OP-H01	GGTCGGAGAA
9	Op-P04	GTGTCTCAGG
10	OP-L05	ACGCAGGCAC

نقد تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) باستخدام Maxime PCR PreMix Kit (i- Taq) المجهزة من شركة iNtRoN و DNTPs و Reaction buffer (10X) و Gel loading buffer (10X) و 5U/µl و 2.5mM و 1X و 1X على الترتيب، واجري تفاعل PCR بحجم 25 ميكروليتر يحتوي على المكونات التالية Taq PCR PreMix و primer و

والواقعة بين الاوزان الجزيئية (175 او 1350 bp) بالوقت نفسه تمثل نسبة الحزم المتباينة عالية بلغت 71.42 (جدول 6). ويلاحظ من الشكل (2) ان هذا البادئ اعطى توافقا بين تسلسل البادئ وتتابعات DNA الجينوم في جميع الاصناف في الحزم ذات الاوزان الجزيئية (300:400:550 bp) وان هذا التباين بين الاصناف في المواقع التي تتوزع بها المتضاعفة قد يعود لاختلاف القاعدة الوراثية المنحدرة منها هذه الاصناف (زكريا، 2011). وتميز البادئ ايضا في الصنف جيهان 99 (1) بوجود حزمة فريدة ذات وزن جزيئي 175 bp لذلك يمكن اعتبارها بصمة وراثية لهذا الصنف عند هذا الوزن الجزيئي بسبب اتحاده بالبادئ دون الاصناف الاخرى، وقد يكون سبب ظهور الحزمة الوحيدة في هذا الصنف هو اختلافه في البنية الوراثية كونه صنف مدخل.

#### جدول 6. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للبادئ OP-M05.

البادئ الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1350	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
1000	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

#### 3 - البادئ OP-V02

ساهم هذا البادئ في مضاعفة الحامض النووي للأصناف وبينت صورة ترحيل ناتج PCR على هلام الاكاروز (شكل 3) ظهور 59 موقع ارتباط لكل الاصناف في سبعة مواقع البلية اثنان منها رئيسية متماثلة وخمسة متباينة حيث بلغت النسبة المئوية للحزم المتباينة 71.42%، وكفاءة البادئ كانت جيدة نسبيا اذ بلغت 10%، وتمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات الكاملة لجينوم الاصناف واعطت اختلافا واضحا له في DNA للموقع والاوزان الجزيئية التي تراوحت بين 300 و 1000 bp (جدول 7)، كما اظهرت النتائج ان قيمة المقرة التمييزية كانت 10.14%. وان ظهور هذا التتابعات في جينوم معين وعدم ظهورها في جينوم اخر هو مقياس التباين الوراثي بين الجينومين (الكرخي، 2018).

#### جدول 7. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للبادئ OP-V02.

البادئ الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1000	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
600	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
550	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0
475	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

#### 4 - البادئ OP-V09

انتج هذا البادئ 52 حزمة كلية لجميع الاصناف المدروسة وكفاءة قدرها 14.49% من خلال ارتباط البادئ بعشرة مواقع البلية، حزمة واحدة منها متماثلة في جميع الاصناف عند الوزن الجزيئي 850 bp اذ تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات الكاملة في DNA جينوم الاصناف (جدول 8)، واعطى تباينا في سبعة مواقع اخرى عند الاوزان الجزيئية الواقعة بين 350 و 1400 bp وبهذا ارتفعت النسبة المئوية للحزم المتباينة اذ بلغت 90% مما زاد من كفاءته اذ بلغت 18%، واعطى هذا البادئ حزم فريدة بلغ عددها اثنان للصنف جيهان 99 عند الاوزان الجزيئية 750 و 950 bp (شكل 4)، وقد يعود سبب ظهور هذه الحزمة في هذا الصنف وعدم ظهورها في بقية الاصناف إلى اختلاف البنية الوراثية كونه صنف مدخل لذا يمكن اعتباره صنف متباين وراثيا وبزيادة شدة التباين وصف بانها متباين وراثيا وهذه الحالة ضروريا في برامج انتاج الهجن المتفوقة (التميمي، 2019).

#### جدول 8. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للبادئ OP-V09.

البادئ الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1400	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
1000	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
950	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
850	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
775	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
750	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
650	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
500	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1
400	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
350	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

وتم حساب تعدد الاشكال او نسبة الحزم المتباينة لكل بادئ وفقا للمعادلة الآتية:

النسبة المئوية (%) التعددية الشكلية لكل بادئ = (عدد الحزم المتباينة في البادئ / العدد الكلي لحزم البادئ) × 100

تم حساب النسبة المئوية المقرة للتمييزية لكل بادئ حسب المعادلة الآتية: المقرة التمييزية لكل بادئ % = (عدد الحزم المتباينة للبادئ / عدد الحزم المتباينة لكل البادئات) × 100

كفاءة البادئ % = (العدد الكلي لحزم البادئ / العدد الكلي لحزم كل البادئات) × 100

#### النتائج والمناقشات

#### نتائج RAPD

لأجل تحديد البعد الوراثي بين الاصناف المدروسة وتقييم فعاليتها في اظهار الاختلافات، نفذ هذا الاختبار بالاعتماد على تقنية RAPD واجراء التحليل الجزيئية اللازمة لها. اعطت نتائج RAPD-PCR المبينة في جدول 4 أن جميع البوادئ العشرة اعطت حزما واضحة بلغ عددها 69 حزمة واضحة، واختلفت هذه البادئات في اظهار الحزم المتباينة التي يعتمد عليها في تحديد التباينات الوراثية بين الاصناف المدروسة حيث بلغت 50 موقع ارتباط، وكذلك اختلفت في اوزانها الجزيئية الناتجة على هلام الاكاروز. لذا فان نسبة التباين الوراثي 80% وان نسبة التشابه 20%. اعطى البادئ OP-R06 اعلى عدد من الحزم الكلية بلغ 11 حزمة ارتباط بينما اعطى البادئان OP-I02 و OP-H01 اقل عدد حزم كلية بلغ عددها 4 حزم، واعطى البادئ OP-R06 اعلى عدد من الحزم المتباينة بلغت 10 حزم متباينة لامتلاكه مواقع ارتباط مختلفة واعلى تعددية شكلية بلغت 90.90% واعلى نسبة كفاءة بلغت (20%) في حين اعطى البادئ OP-V14 (2%)، كانت اعلى نسبة للمقرة التمييزية 15.94% في البادئ OP-R06 وتميزت البوادئ العشرة المستخدمة في الدراسة بوزن جزيئي تراوح بين 125-400 bp بالاعتماد على عدد الحزم الناتجة من ارتباط البوادئ مع الاصناف المستخدمة في الدراسة والاحجام الجزيئية للحزم والقيمة التعددية الشكلية للبادئ، وهذه النتائج تتوافق مع نتائج دراسة Cific وYadgi (2012) والعتاني (2013) وAl-Hamadny واخرون (2014) والكرخي (2018).

#### جدول 4. نواتج البادئات من الحزم الكلية والمتباينة مع نسب كفاءتها وقدرتها التمييزية للعينات المدروسة.

ت	اسم البادئ	العدد الكلي للحزم	عدد الحزم المتباينة	التعددية الشكلية للبادئ %	كفاءة البادئ %	المقرة التمييزية للبادئ %
1	OP-V19	7	3	42.857	6	10.144
2	OP-M05	7	5	71.428	10	10.144
3	OP-V02	7	5	71.428	10	10.144
4	OP-V09	10	9	90.000	18	14.4927
5	OP-V14	6	1	16.666	2	8.695
6	OP-I02	4	2	50.000	4	5.797
7	OP-R06	11	10	90.909	20	15.942
8	OP-H01	4	3	75.000	6	5.797
9	Op-P04	8	8	100.000	16	11.594
10	OP-L05	5	4	80.000	8	7.246
		69	50			

#### 1- البادئ OP-V19

اظهر هذا البادئ (OP-V19) 60 قطعة مضاعفة على هلام الاكاروز، بكفاءة 6%، وارتباط في 7 مواقع البلية اربعة منها متماثلة في جميع الاصناف بوصفها حزم رئيسية عند المواقع الجزيئية (300:400:550 bp)، ملوفا بذلك على عبوره للتتابعات الخاصة به في هذه الاصناف (جدول 5)، حيث تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات الكاملة في DNA الجينوم للأصناف، وحققت اختلافا واضحا في ثلاثة مواقع عند الاوزان الجزيئية (375:800:950 bp) ونسبة مئوية للحزم المتباينة (42.857%)، وكفاءة بلغت 6% وذات مقرة تمييزية (10.144%) كما يوضح بشكل رقم 1.

#### جدول 5. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للبادئ OP-V19.

البادئ الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
950	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
375	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
300	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
175	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

#### 2 - البادئ OP-M05

نتج عن استخدام هذا البادئ OP-M05 عدد من الحزم الكلية بلغ 57 حزمة كلية ارتبطت في 7 مواقع البلية كانت 5 منها متباينة الظهور بين الاصناف

و بلغ عدد الحزم المتباينة 3 فقط (جدول 12)، وبلغت التعددية الشكلية للباي 75% مما انعكس ذلك العدد على المقدرة التمييزية للباي اذ بلغ 5.79% (شكل 8)، بالوقت نفسه الذي تمكن هذا الباي من التعرف على التتابعات الكاملة له في DNA جينوم الاصناف عند الوزن الجزيئي 375 bp ، مما يدل ذلك بالتعرف على التتابعات الخاصة به في هذه الاصناف.

جدول 12. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-H01.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
375	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
175	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

### 9 - الباي OP-P04

كشفت هذا الباي 8 مواقع للحزم تراوحت أحجامها الجزيئية بين 200-1100 bp جميعها حزم متباينة وبلغ عدد الحزم الفريدة لهذا الباي حزمة واحدة عند الوزن الجزيئي 200 bp للصف جيهان (جدول 13)، وبلغ العدد الكلي للحزم المنتجة 50 حزمة، وتمكن هذا الباي من التعرف على التتابعات الكاملة له في DNA جينوم الاصناف. وبمقدرة تمييزية 11.59% والتعددية الشكلية له كانت 100%، بينما بلغت كفاءته 16% (شكل 9).

جدول 13. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-P04.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1100	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0
1000	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
775	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
750	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
600	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

### 10 - الباي OP-I02

انتج هذا الباي 5 مواقع للحزم وأن عدد الحزم الكلية بلغت 37 حزمة (جدول 14)، حزم فريدة واحدة وكانت من نصيب الصف اباء 99 عند الوزن الجزيئي 125 bp، وبذلك يمكن اعتباره بصمة وراثية لهذا الصف عند هذا الوزن الجزيئي في حالة استكمال العمل على تصميم بادئات خاصة للمنطقة المتضاعفة. وبلغت المقدرة التمييزية للباي 7.24%، والتعددية الشكلية كانت 80%، في حين بلغت كفاءة الباي 8% (شكل 10).

جدول 14. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-L05.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1000	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0
400	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
300	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
125	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

اوضحت هذه النتائج ان تقنية RAPD-PCR قد أثبتت نجاحا في ايجاد تباين بين الاصناف المدروسة حتى بين الاصناف التي لا يمكن التمييز بينها ظاهريا، وان العشرة بوادئ قد نجحت جميعها في مضاعفة DNA في جميع الاصناف المدروسة، وذلك لان جميعها وجدت مناطق ارتباط مكملة لتتابع القواعد النيوتروجينية في الحامض النووي DNA جينوم الاصناف المدروسة وبعضها انتج عددا كبيرا من الحزم في حين ان بعضها الاخر انتج عددا اقل من الحزم، وان ظهور نسبة عالية من التباين الوراثي بين الاصناف هذا دليل على فعالية تقنية RAPD في ايجاد التباين الوراثي بين التراكيب الوراثية حتى في حالة وجود اختلاف بسيط بينها، وهذه النتائج تتسجم مع نتائج Awaad وآخرون (2010) وزكريا (2011) و Benabdelhafid وآخرون (2015) التي أثبتت نجاح تقنية RAPD في ايجاد تباينات وراثية بين مجموعة من اصناف الحنطة الناعمة.

### 5 - الباي OP-V14

ارتبط هذا الباي OP-V14 في 6 مواقع خمسة منها كانت متمثلة في جميع الاصناف بوصفها حزم رئيسية عند الاوزان الجزيئية الواقعة بين 250 و 750 bp حيث تمكن هذا الباي بالتعرف على التتابعات الكاملة في DNA الجينوم للاصناف المدروسة (جدول 9)، بالوقت الذي تميز به الباي في الصف جيهان بظهور حزمة فريدة عند الوزن الجزيئي 200 bp (شكل 5).

جدول 9. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-V14.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
750	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
450	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
350	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

### 6 - الباي OP-I02

حقق هذا الباي OP-I02 عدد من الحزم الكلية بلغ 36 حزمة من خلال الارتباط بأربعة مواقع البلية (جدول 10)، وكانت كفاءة الباي منخفضة نسبيا والتي بلغت 4% وبلغ عدد الحزم المتباينة 3 فقط، وان التعددية الشكلية للباي بلغت 50%، وانعكس هذا العدد على المقدرة التمييزية للباي اذ بلغ 5.79%، بالوقت الذي تمكن الباي من التعرف على هذه التتابعات الكاملة له في DNA جينوم الاصناف عند الاوزان الجزيئية 250 و 500 bp (شكل 6).

جدول 10. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-I02.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
350	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

### 7 - الباي OP-R06

سجل هذا الباي OP-R06 عدد كبير من الحزم الكلية بلغ 76 حزمة واعطى كفاءة عالية نسبيا بلغت 15.94% والتي نتجت منه 11 موقع ارتباط واحده منها متمثلة (جدول 11) اذ ظهرت في جميع الاصناف عند الوزن الجزيئي 500 bp و 10 منها متباينة عند الاوزان الجزيئية التي تراوحت بين 150 و 1100 bp لتشكل نسبة مئوية لها بلغت 90.90% (شكل 7)، مما اعطى قدرة تمييزية بلغت 15.94%، فلم يجد الباي اي تتابع مع الجينوم عند الوزن الجزيئي 200 bp الا في الصف جيهان و وبالتالي يمكن اعتباره بصمة وراثية لهذا الصف عند هذا الوزن الجزيئي في حالة استكمال العمل على تصميم بادئات خاصة للمنطقة المتضاعفة، اصف إلى ذلك ان ظهور الحزمة الوحيدة في هذا الصف دون الاصناف الاخرى قد يرجع إلى تباين الاباء المنحدر منها هذا الصف ونو اختلاف في البنية الوراثية قياسا بالاصناف الاخرى.

جدول 11. الحزم المتباينة المنفردة وغير المتباينة مع اوزانها الجزيئية للباي OP-R06.

الاوزان الجزيئية	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1100	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
900	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
775	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
750	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
600	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
375	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
300	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1
250	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0
200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
150	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0

ظهور الحزمة: 1

غياب الحزمة: 0

### 8 - الباي OP-H01

احرز هذا الباي OP-H01 عدد حزم كلي بلغ 36 حزمة من خلال الارتباط بأربعة مواقع البلية، وكانت كفاءة الباي منخفضة نسبيا والتي بلغت 6%

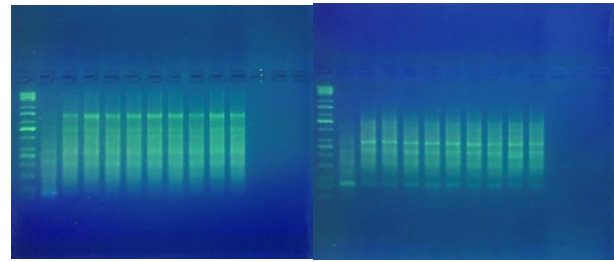
قيم الابعاد الوراثية بين الأصناف المستخدمة باستخدام تقنية RAPD تم حساب معامل البعد الوراثي بين الاصناف المدروسة بالاعتماد على النتائج التي اظهرت على وجود 50 حزمة ذات تعدد شكلي باستخدام برنامج NTSYS-pc و بالاعتماد على مقياس التشابه Hamming Similarity Index والمبينة في الجدول (15) وان اعلى نسبة تشابه وراثي (اقل بعد وراثي) بلغ 0.045 بين الصنفين ابو غريب و اباء99 ذات التسلسل (7 و6) اذ شكلا مجموعة صغيرة جدا مقارنة ببقية الاصناف، وكذلك كان تشابه عاليا بين الاصناف (بحوث22 و لطيفية) و (بحوث22 و اباء95) ذات التسلسل (9 و8) و (10 و8) اذ بلغ البعد الوراثي 0.050 لكل منهما، وان جميع الاصناف المقاربة هي اصناف محلية و متطبعة و معتمدة من قبل وزارة الزراعة، وهذا يعود لاشتركتها بعدد حزم قليلة بسبب وجود اختلافات في تسلسل النيكلونيدات في هجين هذين الصنفين، ويتضح هنا دور استخدام هذه البادئات المختلفة التي تستهدف عدة مناطق في الجين، وبذلك يظهر التباينات ان وجد بين الاصناف المدروسة حسب تسلسل البادئ المستخدم (ياسين، 2011). في حين وجد اعلى بعد وراثي بلغ 0.451 بين الصنفين (جيهان99 و لطيفية) ذات التسلسل (1 و9) و يليه البعد الوراثي بين الاصناف (جيهان99 و ادنه) و (جيهان99 و اباء99) و (جيهان99 و بحوث22) ذات التسلسل (1 و7) و (1 و8) اذ بلغ 0.442 و 0.448 و 0.440 بالتتابع، ربما يعود سبب التباين الوراثي بينهم لاشتركتهم بعدد حزم قليل بسبب اختلاف تسلسل القواعد النيتروجينية في جينوم هذه الاصناف، وهذه يمكننا من اجراء التهجين بينهما ليم الحصول على هجين ومن ثم اجراء الانتخاب للوصول الى الصنف الواحد ذات الإنتاجية العالية وبالوقت نفسه استبعاد النباتات ذات الكفاءة القليلة، وهذه النتائج تتوافق مع نتائج ياسين (2011) و Cifci و Yagdi (2012) و الجبوري (2013) و جبرودية (2015) و التميمي (2019).

جدول 15. البعد الوراثي للأصناف المدروسة.

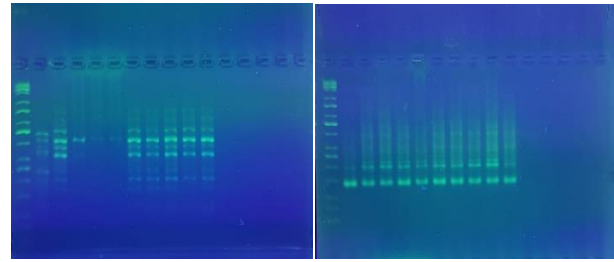
الاباء	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	1									
0.442	0	2								
0.060	0.425	0	3							
0.093	0.146	0.373	0	4						
0.085	0.165	0.216	0.351	0	5					
0.129	0.103	0.173	0.109	0.400	0	6				
0.045	0.184	0.154	0.208	0.140	0.448	0	7			
0.105	0.060	0.154	0.127	0.159	0.097	0.441	0	8		
0.050	0.125	0.078	0.176	0.111	0.124	0.081	0.451	0	9	
0.069	0.050	0.125	0.078	0.176	0.148	0.162	0.099	0.407	0	10

## رسم الشجرة الوراثية للأصناف اعتماداً على RAPD

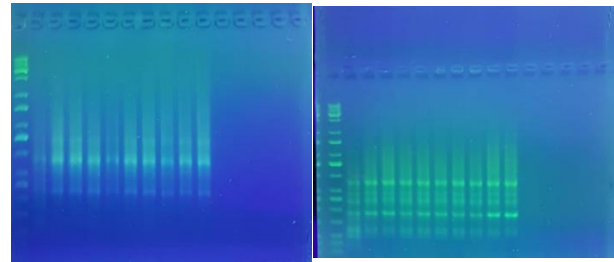
ان شجرة القرابة الوراثية هي تخطيط يظهر العلاقات التطورية لمجموعة من الكائنات الحية التي تنشأ من سلف مشترك، ويكون في جذع الشجرة، والكائنات التي تنشأ منه وتوجد في نهاية فروع الشجرة، وقد تكون الافراد مختلفة مع بعضها مظهرياً ولكنها قريبة من بعضها جينياً وبالتالي قد تعود هذه الاختلافات إلى التأثيرات البيئية فقط لتؤخذ بنظر الاعتبار في تحديد درجة القرابة بين الافراد. ان اختيار الاباء والتنبؤ بأفضل الهجن واقتصارها على عدد قليل من الاصناف التي تحوي على أكبر قدر ممكن من التصنيفات الوراثية مفيداً في برامج تربية وتحسين النبات مستقبلاً. اظهر التحليل العنقودي للأصناف المدروسة باستخدام مؤشرات RAPD (شكل 11)، انها انفصلت إلى مجموعتين رئيسيتين الأولى تمثل الصنف اباء99 (1) والمجموعة الثانية بقية الاصناف وبمسافة قدرها 0.42 وبالوقت نفسه انقسمت المجموعة الرئيسية الثانية أيضاً إلى مجموعتين ثانوية وبمسافة قدرها 0.15 حيث شملت المجموعة الثانوية الأولى صنفين رشيد وشام وبمسافة قدرها 0.09، والمجموعة الثانوية الثانية هي الأخرى انقسمت بدورها إلى قسمين الأول متمثلة بالصنفين تموز و لطيفية بمسافة قدرها 0.07، والقسم الثاني بدورها انقسم إلى فرعين حيث شمل الفرع الأول الصنفين ابو غريب و اباء99 وأخيراً الفرع الثاني انقسم بدورها إلى الصنف جيهان 22 بمفرده من جهة والصنفين بحوث22 و ادنه من جهة أخرى، وهذا يشير إلى ان قسماً من المادة الوراثية لهذه الاصناف قد تشابه وفقاً لعدد قطع الدنا لمجين هذه الاصناف المكمل لتتابعات البادئات المستخدمة في هذه الدراسة، او تظهر مدى ارتباطها مع بعضها، وهذه النتائج تتسجم مع نتائج زكريا (2011) و Al-Hamadny و اخرون (2014) و الكرخي (2018).



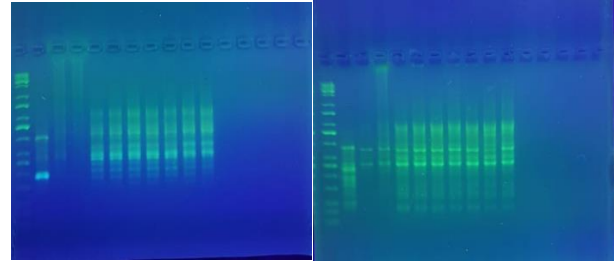
الشكل 1. نواتج البادئ (OP-V19) الشكل 2. نواتج البادئ (OP-M05) المرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 2%



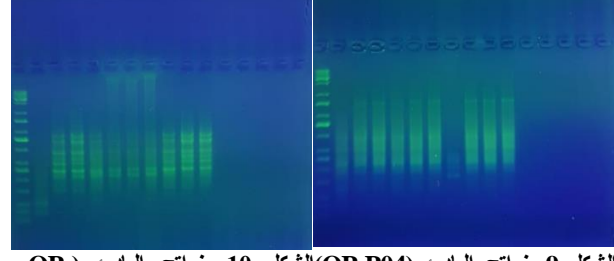
الشكل 3. نواتج البادئ (OP-V02) الشكل 4. نواتج البادئ (OP-V09) المرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 2%



الشكل 5. نواتج البادئ (OP-V14) الشكل 6. نواتج البادئ (OP-I02) المرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 2%



الشكل 7. نواتج البادئ (OP-R06) الشكل 8. نواتج البادئ (OP-H01) المرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 2%



الشكل 9. نواتج البادئ (OP-P04) الشكل 10. نواتج البادئ (OP-L05) المرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 2%

- Awaad, H.A., M.A.H. Youssef and E.S.A. Moustafa (2010). Identification of genetic variation among bread wheat genotypes for lead tolerance using morpho-physiological and molecular markers. *J. American Sci.*, 6(10):1142-1153.
- Benabdelhahfid, Z., R. Bouldjadj, N. Ykhlef and A. Djekoun (2015). Selection for salinity tolerance and molecular genetic markers in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). *Intern. J. of Adv. Res.*, 3(10):397-406.
- Cerasela, P., A. Lazar., P. Irina., I. Maria., V. Giancarla and C. Banu (2011). Soma clonal variation at the nucleotide sequence level revealed by RAPD and ISSR markers. *J. of Hortic., Fores. and Biotech.*, 15(4): 119-123
- Cifci, E.A. and K. Yagdi (2012). Study of genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties using random amplified polymorphic DNA(RAPD) analysis. *Turkish J. of Field Crops*, 17(1): 91-95.
- Karp, A., K.J. Edwards, M. Bruford, S. Funk, B. Vosman, M. Morgante, O. Seberg, A. Kremer, P. Boursot, P. Arctander, D. Tausz, and G.M. Hewitt (1997). Molecular Technologies for biodiversity evaluation: Opportunities and Challenges. *Nature Biotech.*, 15: 625- 628.
- Nei, M. and W.H. Li (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. of Nat. Acad. of Sci., USA*, 74: 5269-5273.
- Rabbani, M.A., Z.H. Pervaiz, and M.S. Masood (2008). Genetic diversity analysis of traditional and improved cultivars of Pakistani rice (*Oryza sativa* L.) using RAPD markers. *E. J. Biotech.* 11(3):3-8.
- Salo, W.H., A. Imad and G.A. Nasir (2011). Study of genetic diversity among six Iraqi wheat genotypes using Random Amplified polymorphic DNA. *Iraqi J. of Sci.*, 52(2): 163-167.
- Sambrook, J., E.F. Fritch, T. Maniatus (1989). *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*, 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New -York (Manar).
- Shehadeh, A. (2011). Effects and student perceptions of collaborative Writing in L<sub>2</sub>. *J. of Sec. Lan. Writ.*, 20: 286-305.
- Sneath, P.H. and A. Sokal (1973). *Numerical taxonomy – the principals and practice of numerical classification*. John Wiley and San Francisco, PP: 560.
- Welesh, J. and M. Mc-Clelland (1990). Finger printing genomes using PCR with Arbitrary primers. *Nuc. Acids Res.*, 18: 7213-7218.

## Assessment of Genetic Diversity of Some Hexaploid Wheat Cultivars using Rapid Technology

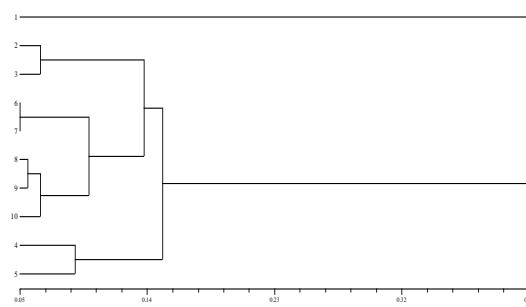
Abeer Y. M. Al- Majimai and A. H. A. Anees

College of Agriculture, University of Tikrit, Iraq.

### ABSTRACT

The present study aimed to evaluate the genetic diversity of 10-bread wheat cultivars (Ebaa-95, Tammoz-2, Latifia, Rasheed, Sham-6, Abu Ghraib, Ebaa-99, Buhoth-22, Adana and Jehan-99) by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) marker with 10 RAPD primers that produced 69 out of which 50 band were polymorphic (80.00%). The analysis of the genetic diversity for the cultivars showed that the biggest genetic diversity was between Jehan-99 and Latifia (0.451), while the least genetic diversity was between two cultivars Abu Ghraib and Ebaa99) were (0.045). The bread wheat cultivars were clustered into two major groups; first group includes Ebaa95; and the second for other cultivars. The results indicated that DNA molecular were highly efficient in detecting genetic relationship among cultivars and study will also work as indicator for wheat to evolve varieties with diverse genetic background in the futures studies.

**Keywords:** Wheat, Cultivars, Genotypes, RAPD-PCR, Genetic Diversity.



شكل 11. تحليل القرابة الوراثية للأصناف المدروسة.

### المراجع

- التميمي، عدي حامد طه (2019). تحديد التباعد الوراثي بتقانة RAPD و تضريب سلالة X كشاف و التهجين الجسمي في حنطة الخبز . اطروحة دكتوراه ، كلية الزراعة ، جامعة بغداد ، العراق .
- الجبوري، زهير احمد محمد (2013). دراسة الصفات الكمية و الجزيئية و الفسلجية كمؤشرات لتحليل الجفاف و اعتمادها كأدلة انتخابية في تقييم تراكيب وراثية من الحنطة الناعمة *Triticum aestivum* L. رسالة ماجستير ، كلية العلوم ، جامعة تكريت . العراق .
- الجهاز المركزي للإحصاء (2017). كمية انتاج الحنطة في العراق. الجهاز المركزي للإحصاء التابع إلى وزارة الزراعة العراقية.
- العاني، مكتوم رشيد أحمد (2013). تحديد العلاقات الوراثية لمحمصول الحنطة (*Triticum aestivum* L.) باستخدام المؤشرات المظهرية و الجزيئية. رسالة ماجستير ، كلية الزراعة، جامعة تكريت، العراق.
- الكرخي، هديل عبد الله حاتم و جاسم محمد عزيز الجبوري و نوروز عبد الرزاق طاهر (2018). تقدير البعد الوراثي لعدة تراكيب وراثية من حنطة الخبز (*Triticum aestivum* L.) بالاعتماد على تقنية الـ RAPD . مجلة جامعة تكريت للعلوم الزراعية، 18(1):49-66.
- جبرودية، نضال و يوسف و جهاني و فخرى الموسى و وفاء رضا و اسامة مهرة (2015). دراسة جزيئية لبعض الاصناف السورية المحلية من القمح الطري باستخدام تقنية RAPD . المجلة السورية للبحوث الزراعية، 12(1):32-40.
- زكريا، بلال فاضل (2011). دراسة بعض التغيرات الفسلجية و الوراثية لصفة تحمل الملوحة في بعض التراكيب الوراثية المنتخبة من الحنطة (*Triticum aestivum* L.) . رسالة ماجستير ، كلية التربية ، جامعة ديالى ، العراق .
- ياسين، معن حسن صالح (2011). تحديد التباين الوراثي لعدد من اصناف نخيل التمر في العراق باستخدام مؤشرات RAPD و ISSR . رسالة ماجستير ، كلية الزراعة ، جامعة تكريت، العراق .
- Al-Hamadny, G.A., S.K. Abdulla and S.A. Sulyman (2014). Relationship between genetic and phenotypic diversity of parental genotypes and specific combining ability and heterosis in tetraploid wheat. *J. Kirkuk Univ. Agric. Sci.*, 5(2):8-22.