اولین همایش ملی بهینه سازی و بهره وری مصرف انرژی در صنایع غذایی و کشاورزی
۲۹-۳۰ اردیبهشت ۱۴۰۵ هتل المپیک – تهران
ISC

مروری بر تنوع مورفوژنتیکی گندم‌های وحشی با استفاده از نشانگرهای مولکولی و نقش آن در کاهش مصرف نهاده‌ها و بهبود بهره‌وری انرژی

رضا نورا

گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

ایمیل نویسنده مسئول:Email: Noora@pnu.ac.ir

شماره مقاله EFAB015831215

چکیده

چکیده: گندم نان گندم نان تأمین‌کننده ۲۰ درصد کالری و پروتئین جهانی است، اما اهلی‌سازی تنوع ژنتیکی آن را کاهش داده است. خویشاوندان وحشی گندم در ایران (هلال حاصلخیز) مخزنی از ژن‌های ارزشمند برای مقاومت به تنش و بهبود کیفیت هستند. مصرف بالای انرژی در تولید و فرآوری گندم، یکی از چالش‌های صنایع غذایی است. این مطالعه مروری با هدف جمع‌بندی مطالعات تنوع مورفوژنتیکی گندم‌های وحشی و نقش آن در بهبود بهره‌وری انرژی انجام شد. ایران غنی‌ترین کانون تنوع گونه‌های آژیلوپس و تریتیکوم وحشی است و استان‌های غربی و شمال غربی مراکز اصلی تنوع هستند. بیشترین چندشکلی (۱۰۰٪) مربوط به نشانگر ISSRو بالاترین PIC (0.77)متعلق به تریتیکوم بوئوتیکوم بود. انتقال ژن‌های مقاومت به خشکی و شوری و ژن‌های مرتبط با کیفیت پروتئین، مصرف انرژی در کشاورزی و فرآوری را کاهش

کلید واژه‌ها:گندم نان، تنوع ژنتیکی، نشانگرهای مولکولی، خویشاوندان وحشی گندم، بهینه‌سازی مصرف انرژی

مقدمه

مقدمه:گندم نان به عنوان یکی از مهم‌ترین غلات، ۲۰ درصد از کالری و پروتئین مورد نیاز تغذیه انسان را تأمین می‌کند. با این حال، فرآیند اهلی‌سازی و اصلاح، تنوع ژنتیکی ارقام زراعی را به شدت کاهش داده است. خویشاوندان وحشی گندم به عنوان یک منبع ژنتیکی ارزشمند، حاوی ژن‌های مفیدی برای مقاومت به تنش‌ها، بهبود کیفیت دانه و افزایش عملکرد هستند.

ایران به دلیل قرارگیری در منطقه هلال حاصلخیز، یکی از مهم‌ترین مناطق از نظر تنوع گونه‌های وحشی گندم است. گونه‌های مختلفی از جنس آژیلوپس شامل آژیلوپس کراسا، سیلندریکا، تریونیسیالیس و تائوشی و نیز گونه‌های دیپلوئید جنس تریتیکوم مانند تریتیکوم بوئوتیکوم و تریتیکوم یورارتو در مناطق مختلف ایران پراکنش دارند.

یکی از چالش‌های اساسی در صنایع غذایی، مصرف بالای انرژی در مراحل تولید و فرآوری گندم است. ارقامی که دارای ژن‌های مقاومت به خشکی و شوری باشند، نیاز به آبیاری و مصرف کود را کاهش می‌دهند. همچنین ارقام با کیفیت پروتئین و گلوتن بالا، انرژی کمتری در فرآیند ورز دادن خمیر نیاز دارند. هدف این مقاله مروری، جمع‌بندی مطالعات تنوع ژنتیکی گندم‌های وحشی و نقش آن در بهبود بهره‌وری انرژی است.

متن اصلی

یافته های مروری:

۱. تنوع ژنتیکی گونه‌ها

- Ae. tauschii :میانگین PIC=0.36، تنوع درون جمعیتی >۵۰٪
- Ae. cylindrica: تنوع بالای صفات مورفولوژیک در غرب و شمال غرب ایران
- Ae. crassa: چندشکلی ۸۱٫۹٪ با ISSR، ۵۳٪ تنوع درون جمعیتی
- Ae. triuncialis:کانون تنوع: آذربایجان شرقی و قزوین
- T. boeoticum:میانگین PIC=0.77، ۹۳٪ تنوع درون جمعیتی
- T. urartu:میانگین PIC=0.76، دو گروه ژنتیکی اصلی

۲. مقایسه نشانگرها

نشانگر ISSR کارایی بالاتری از SSR در آشکارسازی چندشکلی دارد.

۳. نقش در بهره‌وری انرژی

•کاهش مصرف انرژی در کشاورزی: انتقال ژن‌های مقاومت به خشکی و شوری از Ae. cylindrica و Ae. crassa، کاهش آبیاری (≈۱۰۰۰ کیلووات‌ساعت در هکتار)

گونه	نشانگر	میانگین PIC	توزیع تنوع (درون/بین جمعیت)
Ae. crassa	ISSR	۲۵/۰	۵۳٪
Ae. tauschii	SSR	۳۶/۰	>۵۰٪
T. boeoticum	SSR	۷۷/۰	۹۳٪
T. urartu	SSR	۷۶/۰	۶۰٪

۴. نقش در بهره‌وری انرژی

کاهش مصرف انرژی در کشاورزی: انتقال ژن‌های مقاومت به خشکی و شوری از گونه آژیلوپس سیلندریکا و آژیلوپس کراسا باعث کاهش نیاز به آبیاری می‌شود که معادل صرفه‌جویی حدود هزار کیلووات ساعت انرژی در هر هکتار به ازای هر نوبت آبیاری است. **کاهش مصرف انرژی در فرآوری:** انتقال ژن‌های مرتبط با کیفیت گلوتن از گونه تریتیکوم یورارتو و تریتیکوم بوئوتیکوم باعث کاهش ۵ تا ۱۰ درصدی انرژی مورد نیاز در فرآیند ورز دادن خمیر می‌شود.

نتیجه گیری

نتیجه گیری:

ایران به عنوان یکی از غنی‌ترین کانون‌های تنوع گندم‌های وحشی (به ویژه در مناطق غرب و شمال غرب) با غالب بودن تنوع درون جمعیتی (۵۳ تا ۹۳ درصد)، استراتژی حفاظت در محل را در اولویت قرار می‌دهد. انتقال ژن‌های مقاومت به خشکی و شوری از آژیلوپس و ژن‌های مرتبط با کیفیت پروتئین از تریتیکوم‌های وحشی به گندم نان، از دو مسیر کاهش نیاز به آبیاری (صرفه‌جویی حدود ۱۰۰۰ کیلووات ساعت انرژی در هکتار به ازای هر نوبت آبیاری) و کاهش انرژی مصرفی در فرآوری (۵ تا ۱۰ درصد صرفه‌جویی در ورز دادن خمیر) به بهبود بهره‌وری انرژی کمک کرده و گامی راهبردی به سوی کشاورزی پایدار است.

منابع

منابع و ماخذ

[1] Samizadeh, H. et al. (2023), J. Genet. Eng. Biotechnol., 21(1), 1-16.
[2] Nevo, E. et al. (1982), Theor. Appl. Genet., 62(3), 241-254.
[3] دانشور، ز. و همکاران (۱۳۹۹)، ژنتیک نوین، ۱۵(۳)، ۷۶۲-۷۴۷.
[۴] جباری، م. و همکاران (۱۴۰۱)، پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی، ۱۴(۴۱)، ۴۱-۲۹.
[۵] کلباسی، ز. و همکاران (۱۳۹۸)، شانزدهمین کنگره ملی علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران.
[۶] شیرزاد، ه. و همکاران (۱۴۰۰)، مجله پژوهش‌های گیاهی، ۳۴(۳)، ۶۹۳-۶۸۲.
[۷] نظامی‌پور، س.ر. و آقایی، م.ج. (۱۳۹۲)، اولین همایش ملی گیاهان دارویی و کشاورزی پایدار.
[۸] طیبه خرمی‌فرد و همکاران (۱۳۹۶)، تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، ۲۵(۱)، ۱۲۲-۱۱۱.
[۹] عرب بیگی، م. و همکاران (۱۳۹۴)، تولید و فرآوری محصولات زراعی و باغی، ۵(۱۷)، ۱۳۳-۱۲۳.
[۱۰]Wang, X. et al. (2017), BMC Plant Biol., 17(1), 112.
[11] Moradkhani, H. et al. (2024), Genet. Resour. Crop Evol., 19(3), 1-15.
[12] Davoudnia, B. et al. (2024), Plant Ecol., 225(2), 123-138.
[13] Poursiahbidi, M.M. et al. (2020), Agric. Biotechnol. J., 12(2), 183-208.
[14] قاسم‌زاده، ر. و همکاران (۱۳۸۷)، دهمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران.