١١١٢٨٩

دانشکده کشاورزی
گروه زراعت واصلاح نباتات

رساله کارشناسی ارشد اصلاح نباتات

عنوان :

تعیین فاصله ژنتیکی ارقام گندم با استفاده از نشانگرهای مولکولی

توسط :
محمد رضا خلف باغی

اساتید راهنما :
دکتر علیرضا بندانی
دکتر سید ابوالقاسم محمدی

اساتید مشاور :
مهندس عباسعلی امام جمعه
دکتر سعید اهری زاد

۱۳۸۸ /۲/ ۱۵

دي ۱۳۸۳

۱۱۱۶۸۹

بسمه تعالی

وزارت علوم ، تحقیقات و فنّاوری

دانشگاه زابل

مدیریت پژوهشی و تحصیلات تکمیلی

تاریخ : .....

شماره : .....

پیوست : .....

صفحه الف

این پایان نامه با عنوان **تعیین فاصله ژنتیکی ارقام گندم با استفاده از نشانگرهای مولکولی** قسمتی از برنامه آموزشی دوره کارشناسی ارشد **رشته کشاورزی** گرایش **اصلاح نباتات** توسط دانشجو **محمدرضا خلف باغی** تحت راهنمائی استاد پایان نامه آقای **دکتر علیرضا بندانی و دکتر ابوالقاسم محمدی** تهیه شده است. استفاده از مطالب آن بمنظور اهداف آموزشی با ذکر مرجع و اطلاع کتبی به حوزه تحصیلات تکمیلی دانشگاه زابل مجاز میباشد.

امضاء دانشجو

این پایان نامه **۶** واحد درسی شناخته می شود و در تاریخ **۱۳۸۳/۱۰/۲۱**توسط هئیت داوران بررسی و نمره **۱۹/۵** و درجه **عالی** به آن تعلق گرفت.

نام ونام خانوادگی	امضاء	تاریخ
۱– استاد راهنما : آقای دکتر علیرضا بندانی		
۲– استاد راهنما : دکتر سیدابوالقاسم محمدی		
۳– استاد مشاور : مهندس عباسعلی امام جمعه		
۴–استاد مشاور: دکتر سعید اهری زاده		
۵–داور ۱: دکترمحمود سلوکی		
۶–داور۲: دکتر فرج ا... شهریاری		
۷–تحصیلات تکمیلی : دکتر علیرضا کرباسی		

زابل : ص . پ ۵۳۸–۹۸۶۱۵ تلفن : ۲۲۲۳۷۰۷« ۰۵۴۲» نمابر: ۲۲۲۶۷۶۵

Research _ go@Zabol.ac.ir Post _ grad@Zabol.ac.ir

تقدیم به :

آنان که عمر خود را صرف کردند

تا بخوانند ، بفهمند و بفهمانند .

تقدیر و تشکر :

با حمد و سپاس از خداوند متعال که با نعمت‌های بی‌کران خود به ما توفیق اعطا فرمود تا با یاری و استعانت از لطف او دفاع از این رساله کارشناسی ارشد را به اتمام برسانم اگر چه سخت گیر و تنگ نظری روزگار نفس را به تنگ آورد اما به یاری اساتید محترم راهنما جناب آقایان دکتر علیرضا بندانی و جناب آقای دکتر سیدابوالقاسم محمدی و مشاوره اساتید محترم مشاور جناب آقای مهندس عباسعلی امام‌جمعه و جناب آقای دکترسعید اهری‌زاد که قبول زحمت نمودند و در اجرای پایان نامه با مشاوره و راهنمایی‌های خود مرا راهنمایی فرمودند این مهم به پایان رسید که جا دارد از تک تک این عزیزان تقدیر و تشکر نمایم .

از جناب آقایان دکتر محمود سلوکی و دکتر فرج‌الله شهریاری که داوری این رساله را پذیرفتند کمال سپاسگذاری را دارم همچنین از جناب آقای دکتر سلوکی معاونت محترم مالی و ادرای دانشگاه به خاطر مساعدت در خرید مواد تشکر می‌نمایم و از جناب اقای دکتر رون بخاطر تأمین هزینه پایان نامه از طریق بودجه طرحشان سپاسگزاری می‌نمایم .

همچین از اساتید بزرگوارم بویژه جناب آقای دکتر محمد مقدم و جناب آقای دکتر سیدابوالقاسم محمدی و جناب آقای دکتر محمدفارسی بخاطر استقبال تدریس برای دانشجویان این دانشگاه تقدیر و سپاسگزاری می‌نمایم که اگر حضور گرم این عزیزان نبود تمام کردن این مقطع کاری بس مشکل می‌گردید و از همکاری دکتر علیرضا بندانی معاونت آموزشی دانشگاه که مقدمات حضور این عزیزان را بوجود آورد تقدیر و تشکر می نمایم .

از کارآموزان آزمایشگاه ژنتیک مولکولی بویژه خانمها سمیه‌هنری‌مهر و مریم استوارپور تقدیر و تشکر می‌نمایم . همچنین از جناب آقای مهندس کمال‌الدینی مسئول محترم آزمایشگاه کشت بافت بخاطرهمکاری در جهت استفاده از امکانات آن آزمایشگاه قدردانی می کنم .

از دانشجویان مقطع کارشناسی ارشد خانم ریگی‌نژاد و آقایان محمدفضل‌آبادی و آرش احمدیان و بویژه آقای مهندس عباس‌وهابی تقدیر و تشکر می کنم . همچنین از خانوادهٔ بزرگوارم که با صبر خودشان و از همسر گرامیم که با دلگرمی و شکیبایی خود مرا در انجام این رساله یاری نمودند و از همه بزرگوارانی که اگر چه نامی از آنها برده نشد ولی اگر دعاها و یاریهای پر ارزش آنها نبود این مهم میسر نمی‌گردید تقدیر و تشکر دارم و برای آنها آرزوی بالاترین مقامهای معنوی و دنیوی را از خداوند منان خواستارم و در پایان برای همه کسانی که در جهت اعتلای نام و جایگاه دانشگاه و دانشجو در کشور تلاش می‌کنند توفیق الهی همراه با عمری پر برکت را آرزومندم .

چکیده:

تعیین فاصله ژنتیکی ارقام گندم با استفاده از نشانگرهای مولکولی

از آنجاییکه تنوع به عنوان ابزار اصلاح محسوب می گردد لذا تعیین روابط ژنتیک ذخایر توارثی گونه های گیاهی در برنامه های اصلاح نباتی از اهمیت خاصی برخوردار است ، بدین منظور برای تعیین روابط خویشاوندی ۲۰ رقم گندم انتخاب شده از بین ۱۰۰ رقم گندم در مرکز تحقیقات سیستان از نشانگرهای مولکولی تصادفی و نیمه تصادفی استفاده گردید. برای استخراج DNA از روش دلاپورتا استفاده شد الکتروفورز DNA های استخراج شده توسط ژل آگارز یک در صد برای تعیین کیفیت DNA نشان داد که DNA ها دارای کیفیت مناسب بودند کمیت نمونه های DNA با استفاده از دستگاه بیوفتومتر و الکتروفورز ژل آگارز براساس غلظت های معین DNA فاژ لامبدأ تعیین گردید. قبل از انجام PCR ، نمونه های DNA رقیق شدند . ۲۸ نشانگر DNA تصادفی و نیمه تصادفی برای تکثیر قطعات DNA های الگو استفاده شدند ،تکثیر قطعات DNA فقط در ۱۵ آغازگر مشاهده شد و ۱۳ آغازگر دیگر یا هیچ باندی تولید نکردند ویا این که محصولات تکثیر شده آنها دارای وضوح وقابلیت تکرارپذیری کافی نبودند ، ۱۵ آغازگر باقیمانده , تولید باندهای تکثیری واضح نمودند , این آغازگرها مجموعا ۷۷ قطعه DNA تکثیر نمودند که از بین آنها ۱۹ قطعه در بین ارقام تک شکل بودند و باقیمانده قطعات (۷۵/۳٪) بین ارقام گندم باندهای چند شکل تولید کردند. اندازه قطعات تکثیری در محدوده ۵۶۴ تا ۴۲۷۷ جفت باز تخمین زده شد . محاسبه میزان PICنشان داد که نشانگر IT بیشترین چند شکلی را داشته است. میانگین ضریب تشابه ۰/۴۲۳ نیز نشان دهنده توزیع نسبتاً گسترده در تنوع ژنتیکی است که به نوبه خود بیانگر بنیان ژنتیکی گسترده در محل منشاء این گونه می باشد. کمترین شباهت ژنتیکی (۰/۱۲۵) بین ارقام مدروم و پاستور و بیشترین شباهت (۰/۷۳) بین ارقام قدس و نیک نژاد وبا اختلافی بسیار کم یعنی (۰/۷۲۹) در بین هیرمند/بولانی و بولانی/فلات وجود داشت . گروهبندی ارقام , بر اساس ضرایب تشابه جاکارد و روش UPGMA انجام گرفت .ارقام در سه گروه دسته بندی شدند واز آنجاییکه ارقام به دو گروه با منشا بومی سیستان و غیر بومی تقسیم می شوند لذا تجزیه خوشه ای در هر از گروهها انجام گرفت همچنین محاسبه تجزیه تابع تشخیص نیز گروهبندهای انجام گرفته را تایید نمود . نتایج حاصل روابط خویشاوندی ارقام گندم مورد تحقیق را نشان داد و امکان استفاده از این نتایج را در تحقیقات بعدی بوجود آورد.

کلید واژه ها : گندم ، تنوع ژنتیکی ، نشانگر تصادفی ، نشانگر نیمه تصادفی ، فاصله ژنتیکی ، تجزیه خوشه ای .

«فهرست مطالب»

عنوان | صفحه

فهرست جداول ..... ر

فهرست اشکال ..... ز

فهرست نمودار ..... س

کلمات اختصاری ..... ش

«فصل اول : مقدمه و بررسی منابع»

۱-۱- مقدمه ۲

۱-۲- کلیات ۳

۱-۲-۱- تاریخچه گندم ۳

۱-۲-۲- اهمیت گندم ۴

۱-۲-۳- طبقه بندی گندم ۴

۱-۲-۴- سطح زیرکشت و میزان تولید محصول ۵

۱-۳- تنوع ژنتیکی ۷

۱-۳-۱- فرسایش ژنتیکی ۷

۱-۳-۲- منشا تنوع ژنتیکی ۷

۱-۳-۳- اهمیت بکارگیری تنوع ژنتیکی ذخایر توراثی در برنامه‌های اصلاح نباتات ۸

۱-٤- تعریف واکنش زنجیره‌ای پلیمرازی ۹

۱-۴-۱- تشریح مراحل PCR ۱۰

۱-۴-۲- اجزای PCR ۱۱

۱-۴-۳- نکاتی در مورد مراحل مختلف PCR ۱۲
۱-۵- نشانگرهای DNA ۱۳
۱-۵-۱- طبقه‌بندی نشانگرهای بکار رفته در ژنتیک ۱۴
۱-۵-۲- نشانگر رپید ۱۵
۱-۵-۳- آغازگرهای نیمه تصادفی ۱۶
۱-٦- مروری بر پژوهش‌های انجام شده ۱۹

«فصل دوم : مواد و روشها»

۲-۱- مواد گیاهی ۲۳
۲-۲- استخراج DNA ۲۴
۲-۲-۱- روشهای استخراج DNA ۲۴
۲-۲-۲- تعیین کیفیت و کمیت DNA ۲۵
۲-۳- واکنش زنجیره‌ای پلی مراز ۲۸
۲-۳-۱- مواد ۲۸
۲-۳-۲- چرخه حرارتی ۳۱
۲-۳-۳- جداسازی قطعات تکثیری ۳۲
۲-٤-۱- امتیاز دهی الگوی باندی ۳۲

«فصل سوم : نتایج و بحث»

۳-۱- نتایج و بحث ۳۴
۳-۲- محاسبه میزان PIC ۴۱

۳-۳- تجزیه کای اسکویر ۴۲

۳-٤- تجزیه خوشه ای ۲۰ رقم گندم ۴۵

۳-۴-۱- محاسبه ماتریس تشابه ورسم دندروگرام ۴۵

۳-۴-۲- تجزیه تابع تشخیص ۵۰

۳-۴-۳- تجزیه به مولفه های اصلی ۵۰

۳- ۵- تجزیه خوشه ای ارقام غیر بومی ۵۳

۳- ۵-۱- رسم دندروگرام ۵۳

۳- ۵-۲- تجزیه تابع تشخیص ۵۳

۳- ٦- تجزیه خوشه ای ارقام بومی ۵۵

۳- ۶-۱- رسم دندروگرام ۵۵

۳-۶-۲- تجزیه تابع تشخیص ۵۶

۳-۷- پیشنهادات ۵۷

«فصل چهارم : منابع و مأخذ»

٤-۱- منابع ۵۹

ضمائم ۷۷

ایندکس ..... B

فهرست جداول

شماره عنوان صفحه

فصل اول

۱-۱ ..... میزان تولید محصول گندم..... ۵

۱-۲ ..... عملکرد تولید گندم..... ۶

فصل دوم

۲-۳ ..... اسامی ژنوتیپهای مورد بررسی..... ۲۳

۲-۴ ..... غلظت مواد استفاده گردیده درPCR..... ۲۹

۲-۵ ..... آغازگرهای مورد استفاده..... ۳۰

فصل سوم

۳-۱ ..... اسامی ودرصد چند شکلی در بین آغازگرها ۳۶

۳-۲ ..... میزان پلی مورفیسم تولید شده توسط آغازگرها ۴۱

۳-۳ ..... آزمون کای اسکویر در سطح معنی دار ۴۲

۳-۴ ..... ماتریس تشابه۲۰ رقم گندم با استفاده از ضریب جاکارد..... ۴۶

۳-۵ ..... گروهبندی کل ژنوتیپها با استفاده از تجزیه تابع تشخیص ۵۰

۳-۶ ..... ده مولفه اصلی اول مقادیر ویژه سهم واریانس..... ۵۱

۳-۷ ..... گروهبندی ژنوتیپها غیر بومی با استفاده از تجزیه تابع تشخیص..... ۵۳

۳-۸ ..... گروهبندی ژنوتیپها بومی با استفاده از تجزیه تابع تشخیص ۵۶

فهرست شکلها

شماره عنوان صفحه

فصل اول

۱-۱ ..... مکان هدف آغازگرهای نیمه تصادفی بر روی ژنوم..... ۱۷

فصل دوم

۲-۱ ..... الگوی DNA استخراجی در ژل آگارز یک در صد ۲۵

۲-۲ ..... نمونه ای برای تعیین کمیتDNA با استفاده از فاژلامبدا ۲۶

۲-۳ ..... نمونه ای از DNA استخراجی قبل از تنظیم غلظت..... ۲۷

۲-۴ ..... نمونه ای از DNA استخراجی بعد از تنظیم غلظت ۲۸

فصل سوم

۳-۱ ..... تکثیر آغازگرهایIT35 نمونه های گندم ۱-۷ ..... ۳۹

۳-۲ ..... تکثیر آغازگرهایIT35 نمونه های گندم ۸-۲۰..... ۳۹

۳-۳ ..... تکثیر آغازگرهایET40 نمونه های گندم ۱-۷ ..... ۳۹

۳-۴ ..... تکثیر آغازگرهایET40 نمونه های گندم ۸-۲۰ ..... ۳۹

۳-۵ ..... تکثیر آغازگرهای ET42 نمونه های گندم ۱-۷ ..... ۴۰

۳-۶ ..... تکثیر آغازگرهای ET42 نمونه های گندم ۸-۲۰ ..... ۴۰

۳-۷ ..... تکثیر آغازگرهای IT2 نمونه های گندم ۱-۷ ..... ۴۰

۳-۸ ..... تکثیر آغازگرهای IT2 نمونه های گندم ۸-۲۰ ..... ۴۰

۳-۹ ..... دندروگرام حاصل از روش UPGMA ۴۹

۳-۱۰ ..... پراکنش دوبعدی ارقام مورد بررسی ۵۲

۳-۱۱ ..... دندروگرام ارقام غیر بومی حاصل از روش UPGMA ۵۳

۳-۱۲ ..... دندروگرام ارقام بومی حاصل از روش UPGMA ۵۵

فهرست نمودار

شماره عنوان صفحه

۳-۱ ..... نمایش فراوانی باندهای حاصل از ۱۳ پرایمر برای ارقام مختلف.....۴۳

۳-۲ ..... نمایش درصد باندهای حاصل از ۱۳ پرایمر برای ارقام مختلف.....۴۳

۳-۳ ..... نمایش فراوانی باندهای حاصل از ۲۰ رقم با استفاده از پرایمرهای مختلف ۴۴

۳-۴ ..... نمایش درصد باندهای حاصل از ۲۰ رقم با استفاده از پرایمرهای مختلف ۴۴

AFLP	Ampilified fragment length polymorphism
AP- PCR	Pcr primed arbitary
BP	Base pair
ET	Exon trageting
ISG	Intron – exon slicing junction
IT	Intron trageting
PC	Principle component
PCA	Principle component analysis
PCR	Polymerase chain reaction
PIC	Polymorphism informalive content
RAPD	Randomly amplificed polymorphic DNAs
RFLP	Restriction fragment length polymorphism
SSR	Single sequence repeat
UPGMA	Unweighted pair grouped method by arithmatic average

فصل اول :

مقدمه

۱ـ۱ ـ مقدمه

قدمت گندم به ۱۰۰۰۰ سال قبل بر میگردد .مبدا اصلی گندم به عنوان مهمترین غله ایران و جهان در جنوب غربی آسیا بوده و۱۰ تا ۱۵هزار سال قبل از میلاد مسیح از این گیاه در تغذیه انسانها استفاده می شده است(۲۵) .دامنه وسیع وسازگاری زیاد این گیاه و همچنین مصارف متنوع این غله در تغذیه انسانها باعث گردیده که بعنوان مهمترین غله جهان بویژه در کشورهای در حال توسعه و جهان سوم مطرح گرددوحدود۲۰درصد منابع غذایی مردم جهان را تشکیل دهد(۲) . درایران نیز سرانه مصرف گندم برای هر فرد ۱۵۰ تا ۲۰۰ کیلوگرم می باشد .حداکثر عملکرد این غله از اروپای گزارش شده است (۲۵) . عملکرد متوسط گندم در ایران ۱۹۰۴۸ کیلو گرم در هکتار و میزان تولید آن در سال ۱۳۸۲، ۱۲میلیون تن بوده است که حاکی از اهمیت جایگاه تولید این غله به عنوان مهمترین منبع تغذیه ای مردم ایران می باشد (۵۷) . حال با توجه به روند رو به افزایش جمعیت در کشورهای در حال توسعه و ایران واهمیت اقتصادی و سیاسی تولید این گیاه باید نگاهی ویژه ،به تولید و اصلاح آن داشت . از طرف دیگر محدودیت ارقام سازگار به خشکی ،شوری، سرما و مقاوم به بیماریها وآفات وسازگار با شرایط موجود در مناطق مختلف یکی دیگر از عواملی است که تولید این غله را در کشورهای در حال توسعه وایران با بحران روبرو نموده است(۱) . ورود مداوم ارقام اصلاحی از خارج از کشور نیز به علت ایجاد وابستگی کشور به دیگر کشورها مقرون به صرفه نمی باشد . بر اساس پیش بینی صاحب نظران علوم اقتصادی وسیاسی در آینده رقابت جهانی قدرتها برای تسلط دیگر توسل به توسعه تسلیحاتی نیست بلکه غذا به عنوان سلاحی راهبردی نظام جهانی را تحت تأثیرقرار خواهد داد (۱۰) . لذا نیاز به اصلاح این گیاه وبهره گیری از ارقام محلی ،بومی و خویشاوندان وحشی آنها با توجه به تنوع ژنتیکی بالا ودارا بودن صفاتی چون مقاومت به بیماریها ،آفات ،خشکی ،سرما و شوری بر هیچکس پوشیده نیست . این مساله متخصصین اصلاح نباتات را بر آن داشته که تلاشی روز افزون ودامنه دار جهت جمع آوری ،نگهداری و مطالعه ذخایر توارثی این گیاه بنماید ، چرا که جمع آوری ومطالعه منابع ژنتیکی وتنوع موجود در آنها از

اصول ضروری اصلاح گیاهان زراعی است . باید توجه داشت که اصلاح گیاهان بدون اطلاع ازروابط خویشاوندی وقرابتهای جنسی وبین گونه ای وبدون شناسایی فاصله ژنتیکی یکی از علل بالا رفتن هزینه های اصلاحی و عدم موفقیت پروژه های اصلاحی بوده است . به همین علت این تحقیق با هدف شناسایی روابط ژنتیکی ارقام گندم با استفاده از نشانگرها مولکولی جهت گروهبندی آنها به منظور کاربرد بهینه این ذخایر ژنتیکی و در راستای تولید ارقام مناسب انجام شد .در این پژوهش برای ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان از نشانگرهای مولکولی از جمله نشانگرتصادفی RAPD[1] و نشانگر نیمه تصادفی ISJ[2] استفاده شد .

۱-۲- کلیات

۱-۲-۱- تاریخچه گندم

برای تمامی غلات ، تاریخچهٔ کاملاً روشن و مشخصی موجود نیست ولی آنچه مسلم است بیشتر غلات از گذشته های دور کشت و کار می‌شوند . عمر کشت وکار را برای گندم و جو حدود ۱۰,۰۰۰ سال تصور می‌کنند(۲۵). برای گندم‌هایی که از حفاری‌های ژارمو نزدیک سلیمانیه در عراق به دست آمده است به کمک کربن رادیواکتیو عمری در حدود ۱۰,۰۰۰ سال تعیین شده است (۲۵) ، حدس زده می‌شود که جنوب غربی آسیا مبدأ اصلی گندم بوده و ۱۰ تا ۱۵ هزار سال قبل از میلاد مسیح در این مناطق برای تغذیه انسانها از گندم استفاده می‌شده است(۲۵). درسال ۱۹۴۸ میلادی باستان شناسان دانشگاه شیکاگو در حفاریهای مربوط به یکی از روستاهای عراق که قدمت آن به ۶۷۰۰ سال قبل می‌رسد توانستند دو نوع گندم به دست آورند ،که مشابه گندمهای امروزی بوده است واین به اهمیت و ارزش غذایی این غله در بین غلات وگیاهان دیگر می‌افزاید(۲۵).

[1] Randomly Amplificed poly morphic DNAS
[2] Intron – exon splicing junction

۱-۲-۲- اهمیت گندم

گندم مهمترین غله ایران ودنیا است(۲۵ و۱) . قدمت آن به ۱۰,۰۰۰ تا ۱۵,۰۰۰ سال قبل از میلاد بر میگردد. این گیاه در محدوده ۳۰ تا ۶۰ درجهٔ عرض جغرافیایی شمالی، ۲۵تا ۴۵ درجه عرض جغرافیایی جنوبی تولید می‌شود. گندم در دامنه بارندگی ۲۵۰ میلی‌متر تا ۱۳۰۰ میلیمتر کشت می‌شود ولی مطلوبترین میزان بارندگی برای تولید آن ۸۰۰-۴۰۰ میلیمتر است . چنانچه میزان بارندگی از ۴۰۰ میلیمتر کمتر شود تولید محصول کاهش می یابد و با افزایش بارندگی از ۸۰۰ میلی متر نیز میزان تولید محصول به علت افزایش بیماریها و امراض کاهش پیدا می کند(۲۵) .

۱-۲-۳- طبقه بندی گندم

گندم به خانوادهٔ گندمیان[1] ، طایفه هوردیه و جنسهای مختلف تعلق دارد به این ترتیب که اگر

گندم نان باشد *Triticum aestivum* هگزا پلوئید،

گندم دوروم باشد *Triticum durum* تترا پلوئیدو

گندم گرزی باشد *Triticum compactum* هگزا پلوئیداست.

در جنس *Triticum* سه گروه از غلات قرار دارند واین گروهها بر اساس تعداد ژنوم گروهبندی شده‌اند . گونه های دیپلوئید با ژنوم AA, BB, EE ,GG دارای ۱۴ کروموزوم ، گونه‌های تتراپلوئید با ژنوم AABB دارای ۲۸ کروموزوم و گونه‌های هگزا پلوئید با ژنوم AABBDD دارای ۴۲ کروموزوم می‌باشند ، گونه های هگزاپلوئید از تلاقی تتراپلوئید ودیپلوئیدها و دو برابر شدن کروموزومها به وجود

[1] Graminae

می‌آیند. بقیه گونه‌ها جزء ذخایر ژنتیکی هستند که اصلاح کنندگان از خزانه ژنتیکی آنها برای به نژادی گندم استفاده می‌کنند (۲۵).

۱-۲-۴- سطح زیر کشت و میزان تولید محصول

مهمترین کشورهای تولید کننده محصول گندم در دنیا کشورهای چین، آمریکا،هندوستان، روسیه ، فرانسه ،کانادا و ترکیه می‌باشند .جدول ذیل میزان تولید محصول را در سال ۲۰۰۲ میلادی در پاره‌ای از کشورهای جهان نشان می‌دهد :

جدول۱-۱- میزان تولید محصول گندم در سال ۲۰۰۲ میلادی (۵۷)

نام کشور	میزان تولید محصول بر حسب تن
چین	۹۱۲۹۰۲۴۰
برزیل	۲۹۲۵۸۹۰
کانادا	۱۵۶۸۹۹۰۰
فرانسه	۳۸۹۸۶۰۰۰
آلمان	۲۰۸۱۷۷۴۰
ایران	۱۲۰۰۰۰۰۰
هندوستان	۷۱۸۱۴۳۴۰
نیوزلند	۳۵۵۰۰۰

حداکثر عملکرد گندم را در اروپای غربی می‌توان مشاهده نمود چرا که از شرایط آب و هوایی مساعدی برخوردار است .

جدول ۱-۲- عملکرد تولیدگندم در بعضی از کشورهای جهان (۵۷)

نام کشور	عملکرد محصول گندم بر حسب کیلوگرم درهکتار
آلمان	۶۹۰۵۶
ایران	۱۹۰۴۸
ایالات متحده	۲۳۷۲۶
برزیل	۱۵۱۵۱
پاکستان	۲۲۶۲۰
ترکیه	۲۲۳۴۰
چین	۳۸۸۴۷
فرانسه	۷۴۴۸۶
کانادا	۱۷۶۳۴
هندوستان	۲۷۷۰۳

در ایران بعلت گستردگی و تنوع آب و هوایی امکان کشت گندم در اکثر فصول سال در مناطق مختلف فراهم می باشد .تولید گندم در طول سالیان مختلف در جدول شماره ۱-۲ خلاصه شده است. لازم به ذکر می‌باشد که استانهای فارس و خراسان بزرگترین تولید کننده‌های گندم در ایران هستند ومصرف سرانه گندم برای هر فرد ۱۵۰ تا ۲۰۰ کیلوگرم در کشور می‌باشد(۲۵) .