ژنتیک نوین
دوره چهاردهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۸
صفحه ۴۷ - ۳۹

شناسایی نشانگرهای SNP آگاهی‌بخش مرتبط با صفات و شاخص‌های رشد ریشه، کارایی مصرف آب و کارایی تعرق در گندم دوروم با استفاده از تحلیل ارتباط در گستره ژنوم (GWAS)

Identification of informative SNP markers associated to root traits and indices, water use efficiency and transpiration efficiency in durum wheat using GWAS

سیدمحمدتراب میری[۱]، علی‌اشرف مهرابی*[۱]

۱- به‌ترتیب دانش آموخته دوره دکتری، دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام

Miri SMT[1], Mehrabi AA*[1]

1- Graduated PhD, Associate Professor, Department of Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Ilam University

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: a.mehrabi@ilam.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۷/۸/۱۵ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۲/۲۵)

چکیده

با هدف بررسی کنترل ژنتیکی صفات و شاخص‌های رشد ریشه و هم‌چنین ارزیابی کارایی مصرف آب و کارایی تعرق گیاه در ژرم‌پلاسم گندم دوروم، از تحلیل ارتباط در گستره ژنوم استفاده شد. تعداد ۳۳۲۱ نشانگر SNP پلی‌مورف تثبیت شده در گندم دوروم (با حداقل ۵ درصد الل مینور) با استفاده از مدل آماری خطی آمیخته (MLM) روی صفات ارزیابی شده در یک جمعیت ساختارمند متشکل از سه زیر جمعیت (۱۱۲ژنوتیپ) برای تحلیل ارتباط استفاده شد. مشخص شد که طول ریشه‌های بذری با نشانگرهایی روی کروموزوم‌های ۲A و ۱B ارتباط داشت درحالی‌که طول ریشه‌های گسترش یافته تحت کنترل قسمت‌هایی از کروموزوم‌های ۱A و ٦B بود. وزن ریشه نیز با نشانگرهایی روی کروموزوم‌های ۲B و ۵B ارتباط معنی‌دار داشت. حجم ریشه با نشانگری روی کروموزوم ۷B مرتبط بود. به همین ترتیب، برای سطح ریشه و قطر ریشه نیز نشانگرهای پیوسته‌ای که بخش عمده‌ای از تغییرات این صفات را کنترل می‌کردند شناسایی شد. تعداد ۲۰ نشانگر آگاهی‌بخش برای صفت کارایی مصرف آب شناسایی شد. از این نشانگرها ۱۱ مورد روی ژنوم A (کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۵ و ٦) و نه مورد نیز روی ژنوم B گندم دوروم قرار داشت (کروموزوم‌های ۲، ۳ و ٤). کارایی تعرق در گندم دوروم نیز کنترل ژنتیکی داشت و کروموزوم‌های ۲A، ۳A و ٦A از ژنوم A و کروموزوم‌های ۲B و ۳B نیز از ژنوم B در کنترل این صفت مشارکت داشتند. در چنین مواردی که تعداد اندکی نشانگر بخش عمده‌ای از تغییرات یک صفت را کنترل می‌کنند، می‌توان با گزینش ژنومی در جمعیت‌های اصلاحی در حال تفرق در حداقل زمان به ژنوتیپ‌های ایده‌آل رسید.

واژه‌های کلیدی

تحلیل ارتباط
ژرم پلاسم
گزینش ژنومی
نشانگرهای آگاهی‌بخش

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. *durum* Desf.) تنها گونه گندم تتراپلوییید است که به‌صورت زراعی کشت می‌شود. ساختار ژنومی این گونه گندم، آلوتتراپلوییید ($2n=4x=28$, A^UA^UBB) است که از اهلی شدن گونه وحشی *T. dicoccoides* حاصل شده است. ژنوم A آن از *T. urartu* و ژنوم B آن نیز از گندم‌نیای وحشی *Aegilops speltoides* منشاء گرفته است (Peterson et al. 2006; Kilian et al. 2007). گندم دوروم به‌عنوان منبع اصلی آرد سمولینا است که فراورده نهایی آن ماکارونی، پاستا، بلغور، باگل و سایر محصولات محلی مدیترانه‌ای است (Xu et al. 2015). گندم دوروم از لحاظ بوم شناختی به مناطق گرم و خشک سازگار می‌باشد و در اراضی کم بازده که دارای تنش‌های محیطی هستند عملکرد بیش‌تری نسبت به گندم معمولی تولید می‌کند. سطح زیر کشت گندم دوروم ۱۷ میلیون هکتار برآورد شده‌است که عمدتاً در آمریکا، کانادا، مکزیک، ایتالیا، الجزیره، مراکش، ترکیه، هندوستان و مناطق محدودی در ایران، پاکستان، سوریه و روسیه است (De vita et al. 2007). کمبود آب برای تولید محصولات کشاورزی روز به روز در حال افزایش است و هرگونه صرفه‌جویی در این بخش کمکی به صرفه‌جویی در منابع آب تلقی می‌شود. با توجه به اینکه کم آبیاری در ایران جزء لاینفک مدیریت مزرعه می‌باشد، ضرورت دارد تمام عوامل تأثیر گذار در شرایط کم آبیاری دقیق شناخته شوند. یکی از تأثیرگذارترین شاخص‌های گیاهی که رشد و نمو گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد سیستم توسعه ریشه می‌باشد. استفاده از ارقامی که آب قابل دسترس را با کارایی بیشتر مصرف کرده و متحمل خشکی باشند، یک روش اساسی برای افزایش تولید در محیط‌های مستعد خشکی است (Sharif-Al-Hosseini et al. 2012).

بنابراین استفاده از واریته‌هایی که آب قابل دسترس را با کارایی بیش‌تر مصرف کرده و قادر به تحمل خشکی باشند یک هدف عمده برای افزایش تولید در محیط‌های مستعد خشکی است. از میان انواع گونه‌های جنس تریتیکوم، گندم دوروم به مناطق کم باران دارای تنش خشکی و تغییرات شرایط آب و هوایی، بهتر از ارقام گندم نان سازگاری دارد و در شرایط مطلوب و فاریاب، محصول آن با گندم نان قابل رقابت است (Fayaz and Arzani, 2011).

تجزیه و تحلیل ژنتیکی معماری سیستم ریشه و شناسایی جایگاه‌های صفات کمی (QTL) صفات ریشه گندم نان و دوروم نقشه‌برداری شده‌اند (Kara et al. 2000; Liu et al. 2013; Maccaferri et al. 2016; Ren et al. 2012). این مطالعات نشان داده‌اند که صفات ریشه کنترل ژنتیکی نسبتاً پیچیده‌ای دارند و تحت اثرات قوی محیطی هستند. صفات ریشه توسط مجموعه‌ای از ژن‌های کوچک اثر کنترل می‌شود که حداکثر تا ۳۰ درصد تنوع فنوتیپی برنج (Price et al. 2002; Giuliani et al. 2005) و تا ۵۰ درصد تنوع فنوتیپی در گندم (Ren et al. 2012) را توصیف کنند. در این تحقیق، هدف بررسی صفات و شاخص‌های رشد ریشه و همچنین بررسی کارایی مصرف آب و کارایی تعرق در ارقام محلی دارای زمینه ژنتیکی و منشاء جغرافیایی گوناگون و استفاده از روشی تحلیل ارتباطی در گستره ژنوم (GWAS) برای شناسایی نشانگرهای اسنیپ (SNP) آگاهی بخش مرتبط با این صفات است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد ارزیابی در این آزمایش شامل ۱۱۲ ژنوتیپ گندم دوروم بود که محل جمع‌آوری هر یک از آن‌ها در جدول ۱ درج شده‌است. ارزیابی ریشه‌های بذری (Seminal roots) روی گیاهچه‌های ده روزه در چهار تکرار و به‌صورت طرح کاملاً تصادفی انجام شد. ارزیابی ریشه‌های گسترش یافته گیاهان ۵ هفته‌ای نیز در لوله‌هایی به طول ۶۰ و قطر ۱۰ سانتی‌متر در قالب طرح بلوک‌های کاملا تصادفی با سه تکرار و دو گیاهچه در هر واحد آزمایشی انجام شد. برای ارزیابی کارایی مصرف آب، کارایی تعرق و هم‌چنین ارزیابی ریشه در مرحله گیاه کامل نیز از لوله‌هایی به طول ۱۰۰ و قطر ۱۴ سانتی‌متر به‌صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار و دو گیاهچه در هر واحد آزمایشی استفاده شد. صفات ارزیابی شده در آزمایش اول عبارت بودند: از تعداد ریشه‌های جنینی، میانگین طول ریشه‌ها و مجموع طول ریشه‌ها. در آزمایش دوم نیز صفاتی که ارزیابی شده عبارت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

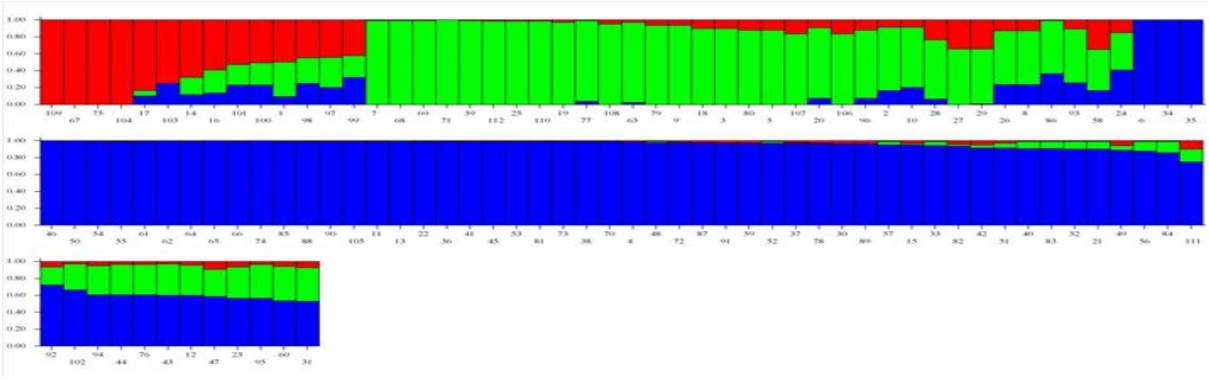
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]

بودند از: طول ریشه، وزن ریشه، حجم ریشه، وزن تر و خشک ریشه، شاخص سطح ریشه (Hajabbasi MA 2001)، تراکم ریشه (Paula and Pausas 2011) و قطر ریشه (Mandal et al. 2003). در آزمایش سوم نیز لوله‌ها از حجم و وزن ثابتی از بستر کشت شامل خاک، ماسه و کود دامی پوسیده به نسبت ۱:۱:۱، پر شدند. رطوبت در حد ظرفیت زراعی مشخص شد. کاهش وزن هر واحد آزمایشی پیش از هر نوبت آبیاری برای تمامی واحدها توزین شد. که میزان آن جمع تبخیر و تعرق از هر واحد آزمایشی بود.

جدول ۱- ژنوتیپ‌های گندم دورم مورد استفاده در تحقیق

کد ژنوتیپ	مبدا ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	مبدا ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	مبدا ژنوتیپ
۱	ایران – خراسان (مشهد)	۳۹	ایران – فارس (مرودشت)	۷۷	ایران – لرستان (دلفان)
۲	ایران – لرستان (خرم آباد)	٤۰	ایران – خوزستان (اهواز)	۷۸	ایران – کرمانشاه
۳	ایتالیا	٤۱	ایران – کرمانشاه	۷۹	ایران – همدان (اسدآباد)
٤	ایران – نامشخص	٤۲	بلغارستان	۸۰	ایران – لرستان (خرم آباد)
٥	ایران – خراسان (مشهد)	٤۳	ایران – همدان	۸۱	ایران – فارس (شیراز)
٦	ایران – ایلام- دره‌شهر	٤٤	ایران – خراسان (مشهد)	۸۲	آرژانتین
۷	یوگسلاوی	٤٥	ایران – خراسان (مشهد)	۸۳	ایران – لرستان (خرم آباد)
۸	ایران- کردستان- کامیاران	٤٦	ایران – کرمانشاه	۸٤	ایران – کرمانشاه (پاوه)
۹	ایران – خراسان (مشهد)	٤۷	ایران – اردبیل	۸٥	ایران – نامشخص
۱۰	ایتالیا	٤۸	ایران – لرستان (خرم آباد)	۸٦	ایران – اصفهان (گلپایگان)
۱۱	ایران – لرستان (خرم آباد)	٤۹	ایران – خراسان (مشهد)	۸۷	ایران – خراسان (مشهد)
۱۲	ایران – نامشخص	٥۰	ایران – لرستان (خرم آباد)	۸۸	ایران – فارس (شیراز)
۱۳	بانک ژن کرج۷۳۷٤	٥۱	رقم زردک	۸۹	ایران – فارس (مرودشت)
۱٤	ایران – خراسان (مشهد)	٥۲	ایران – لرستان (الشتر)	۹۰	ایران – لرستان (خرم آباد)
۱٥	ایران- خوزستان	٥۳	ایران – لرستان (سفیددشت آباد)	۹۱	ایران – لرستان (خرم آباد)
۱٦	ایران – نامشخص	٥٤	ایران – خراسان (مشهد)	۹۲	ایران – کردستان (دهگلان)
۱۷	ایتالیا	٥٥	افغانستان	۹۳	ایران – اردبیل
۱۸	ایران – کردستان (سنندج)	٥٦	ایران – خراسان (مشهد)	۹٤	ایران – کرمانشاه (پاوه)
۱۹	ایران – خوزستان (ایذه)	٥۷	ایران – اصفهان (گلپایگان)	۹٥	ایران – لرستان (خرم آباد)
۲۰	ایران – کرمانشاه	٥۸	ایران- اصفهان	۹٦	ایران – کرمانشاه (حمیل)
۲۱	رقم دنا	٥۹	ایران – نامشخص	۹۷	ایران – خوزستان (شوش)
۲۲	ایران – کرمانشاه- گهواره	٦۰	ایران- ایلام- دهلران	۹۸	ایران – خراسان (مشهد)
۲۳	ایران – آذربایجان شرقی (زیق آباد)	٦۱	ایتالیا	۹۹	مکزیک
۲٤	ایران – لرستان (خرم آباد)	٦۲	ایران – آذربایجان شرقی (اهر)	۱۰۰	ایران – خوزستان (دزفول)
۲٥	استرالیا	٦۳	ایران – لرستان (خرم آباد)	۱۰۱	ایران – لرستان (خرم آباد)
۲٦	ایران – خراسان (مشهد)	٦٤	ایران- کرمانشاه- هرسین	۱۰۲	ایران – آذربایجان شرقی
۲۷	ایران – کرمانشاه	٦٥	ایران – کرمانشاه- بیستون	۱۰۳	ایران – خراسان (مشهد)
۲۸	ایران – نامشخص	٦٦	ایران – لرستان (خرم آباد)	۱۰٤	ایران – خوزستان
۲۹	ایران – لرستان (خرم آباد)	٦۷	ایران – لرستان- فیروزآباد	۱۰٥	ایران – ایلام
۳۰	ایران – خوزستان (اهواز)	٦۸	ایران – اردبیل	۱۰٦	ایران- چهارمهال-بروجن بختیاری(شهرکرد)
۳۱	ایران – نامشخص	٦۹	پرتغال	۱۰۷	افغانستان
۳۲	ایران – خراسان (مشهد)	۷۰	رقم یاواروس	۱۰۸	ایران– خوزستان (اهواز)
۳۳	ایران – لرستان (بروجرد)	۷۱	ایتالیا	۱۰۹	ایران– لرستان (بروجرد)
۳٤	ایران – خوزستان (اهواز)	۷۲	ایران – نامشخص	۱۱۰	ایران– آذربایجان شرقی (میانه)
۳٥	ایران – لرستان (خرم آباد)	۷۳	ایران – لرستان (خرم آباد)	۱۱۱	ایران– بهبهان
۳٦	ایران – کرمان (بم)	۷٤	رقم ساجی	۱۱۲	ایران-آذربایجان غربی-نقده
۳۷	ایران – لرستان (خرم آباد)	۷٥	ایران – لرستان (خرم آباد)		
۳۸	ایران – لرستان (خرم آباد)	۷٦	ایران- ایلام- مهران		

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]



شکل ۱- بارپلات حاصل از تجزیه ساختار ژنتیکی ۱۱۲ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از نرم‌افزار Structure.

در هر بلوک نیز یک لوله حاوی بستر کشت-بدون کاشت بذر، به‌عنوان شاهد و برای ارزیابی میزان تبخیر خالص، استفاده شد. تفاضل وزن کم شده در هر واحد از شاهد مربوط به آن بلوک معیار تعرق انجام شده در هر ژنوتیپ قرار گرفت. پس از رسیدگی فیزیولوژیک گیاهان، آگرو-مورفولوژیکی اندازه‌گیری شد. اما بخش عمده ریشه‌ها در این مرحله تجزیه شده بود که داده‌های این مرحله قابل اعتماد نبود. کارایی مصرف آب و کارایی تعرق گیاه با استفاده از رابطه‌های زیر محاسبه شد.

۱- (عملکرد دانه هر بوته به گرم) / (میزان آب مصرفی به لیتر)
WUE =

۲- (میزان تعرق هر بوته) / (عملکرد دانه هر بوته بر واحد گرم)
TE =

تعیین ژنوتیپ مواد گیاهی مورد استفاده نیز قبلاً با استفاده از یک پانل ۱۵/۰۰۰ اس. ان. پی (۱۵K SNPs) انجام شده بود (Mansouri et al. 2017) که از این نشانگرهای در دسترس، تعداد 3321 نشانگر با مکان ژنومی مشخص و دارای فراوانی بیش از پنج درصد برای الل مینور، استفاده شد. برای تعیین ساختار جمعیت، یک تا ۱۰ زیرجمعیت (K) با سه تکرار با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE-2.3.4 و با ۱۰/۰۰۰ دور (Burnin) و ۱۰۰/۰۰۰ زنجیره MCMC ارزیابی شد. برای تحلیل ارتباط صفات مورد مطالعه با نشانگرهای اس. ان. پی، از نرم‌افزار TASSEL-5 استفاده شد و برای اجتناب از گزارش نشانگرهای مثبت کاذب، حداقل میزان معنی‌داری لحاظ شد. به‌طوری که در مانهاتان پلات ترسیم شده حد آستانه (-LogPvalue) کمتر از ۲ نباشد.

نتایج و بحث

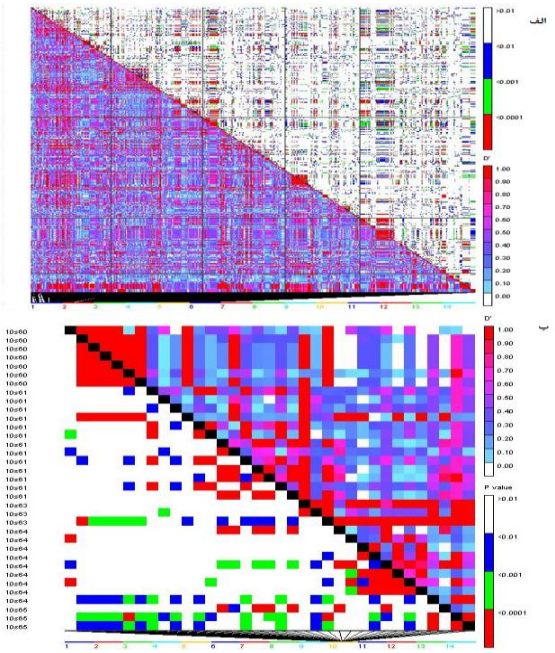
تحلیل ساختار ژنتیکی جمعیت مورد بررسی، وجود سه زیر جمعیت کاملاً متمایز از هم را نشان داد (شکل ۱). زیرجمعیت اول با ۱٤ ژنوتیپ، بیش‌ترین شاخص تمایز ژنتیکی را دارا بود (F_{ST}=۰/۸). در زیر جمعیت دوم با ٦۳ ژنوتیپ کمترین میزان شاخص تمایز ژنتیکی (F_{ST}=۰/۰۳) مشاهده شد (جدول ۲). در هرکدام از زیر جمعیت‌ها، فراوانی الل‌های نشانگرهای SNP مورد استفاده دارای تعادل هاردی-واینبرگ بود. ماتریس ضرایب ساختار زیرجمعیت‌های استخراج شده برای اجتناب از نتایج مثبت-کاذب (خطای نوع اول) در تحلیل ارتباط به‌عنوان متغیرهای همراه (کوواریت) مورد استفاده قرار گرفت.

تجزیه عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرهای مورد ارزیابی در گروه‌های پیوستگی (کروموزوم‌های مختلف) در شکل ۲ و ۳ به‌ترتیب در گستره ژنوم گندم دوروم و کروموزوم شماره ۱۰ (3B) آورده شده‌است که میزان بالایی از عدم تعادل پیوستگی معنی‌دار بین مکان‌های نشانگری را نشان می‌دهد و شرط لازم برای تحلیل ارتباط نشانگرهای ارزیابی شده در هر ژنوتیپ با صفات فنوتیپی ارزیابی شده برای آن می‌باشد.

جدول ۲- اطلاعات مربوط به تحلیل ساختار و فاصله ژنتیکی زیرجمعیت‌های استخراج شده.

زیر جمعیت	تعداد ژنوتیپ	شاخص تمایز جمعیت F_{ST}	فاصله ژنتیکی بین زیرجمعیت‌ها		
			I	II	III
I	۱٤	۰٫۸۰	-	۰/۱۵	۰/۱۸
II	۳۵	۰٫۰۳	۰/۱۵	-	۰/۱۲
III	٦۳	۰٫۵٦	۰/۱۸	۰/۱۲	-

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]



شکل ۳- پراکنش عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرهای مورد استفاده در گستره ژنوم (الف) و در سطح یک کروموزوم (ب)

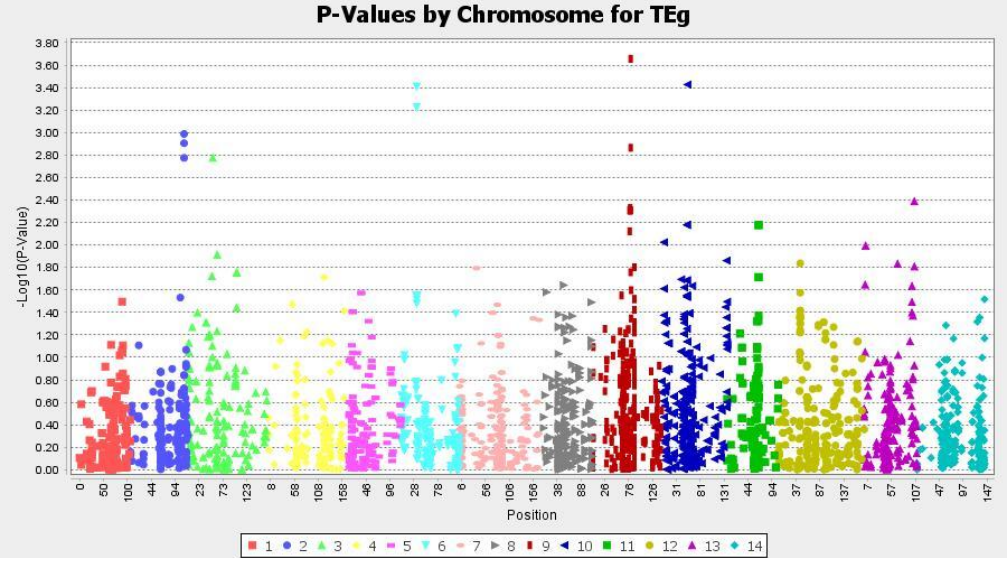
آماره‌های توصیفی مربوط به صفات فنوتیپی ارزیابی شده نشان داد که تنوع فنوتیپی بسیار بالایی برای صفات ریشه و شاخص‌های ارزیابی شده روی آن‌ها در بین ژنوتیپ‌ها مشاهده وجود دارد به نحوی که عمق (طول) و تراکم ریشه و همچنین کارایی مصرف آب و کارایی تعرق دامنه تغییرات و ضریب تنوع (پراکندگی) مناسبی برای انجام تحلیل ارتباط نشانگرهای مولکولی با آن‌ها را فراهم ساخت (جدول ۲).

تنوع بالایی مشاهده شده برای صفات مهمی مانند ترکم ریشه و میزان تعرق انجام شده در ژنوتیپ‌های مختلف ارزیابی شده، ضرورت بررسی بیشتر روی این ژرم‌پلاسم گندم دوروم را در شرایط محدود رطوبتی و تنش خشکی نشان می‌دهد.

جدول ۲- خلاصه آماره‌های توصیفی مربوط به صفات اندازه‌گیری شده در ۱۱۲ ژنوتیپ گندم دوروم

صفت	حداقل	حداکثر	میانگین	خطای معیار	ضریب تغییرات٪
تعداد ریشه چه بذری	۱/٦٥	٥/٩٤	٤/١٨	۰/۰۷	۱۷/۸۷
طول ریشه‌های بذری (cm)	۰/٤۷	۹/۰۷	٤/۰۷	۰/۱۳	۳٥/۱۹
طول کلئوپتیل (cm)	۰/٦٤	٤/٤۱	۱/٦٤	۰/۰٤	۲۷/٥٥
حجم ریشه (cm^3)	۰/۷٤	٥/٩٤	۰/٦۷	۰/۰۸	۳۲/۳٦
طول ریشه (cm)	۳۱/۱۹	٦٤/۹۷	٥٥/٥۱	۰/٦۰	۱۲/٤۱
سطح ریشه (cm^2)	۱۹/۷٦	٦۳/۷٦	٤۲/۰۸	۰/۷۱	۱۹/۳۸
تراکم بافت ریشه	۲۰۰/۹۱	۹۳٥/۲۷	٥۰٥/۹٦	۲٥/۷۱	٥٤/۷٦
وزن تر ریشه (g)	۰/٦۸	۲/٦۰	۱/٦۰	۰/۰٤	۲٤/۹۲
وزن خشک ریشه (g)	۰/۰٦	۰/۹۰	۰/۱٦	۰/۰۱	٥٤/۷٦
دوره پر شدن دانه (روز)	۱۲/۸۷	۳٥/٦٤	۲۱/۰۳	۰/۳٤	۱۸/۳۲
رسیدگی فیزیولوژیکی (روز)	۱٦٥/۳۳	۱۸٦/۱۲	۱۷٥/۸۸	۰/٥۰	۳/۲۱
ارتفاع بوته (cm)	٦٦/٥۸	۱٦٦/۷۲	۱۱۲/٥۸	۱/۳٤	۱۳/٦٤
طول پدانکل (cm)	۳۲/٤۲	۷٥/۲٤	٥۲/٤۰	۰/٦٤	۱٤/۰۱
کارایی مصرف (g/L)	۰/۱۳	۰/۷۹	۰/۳۰	۰/۰۱	۳٦/۸٤
میزان تعرق (g/L)	۰/۲۱	۱/۹٤	۰/٦٦	۰/۰۳	۱٥/۹۰
طول سنبله (cm)	٤/٥۰	۱۱/٤۸	۷/۰٥	۰/۱۰	۱٦/۳۳
تعداد دانه در بوته	٤۰/۰٥	۲٦۷/٥٥	۹۱/۸۱	۲/٤٤	۳۰/٥۰
وزن هزار دانه (g)	۲/٥۱	۱۳/٦۲	٤/٦۹	۱/۰۹	۲٥/۱۷
عملکرد دانه تک بوته (g)	۱/۷٥	۸/٤۰	٤/۲۷	۰/۱۱	۲۸/۷۱
بیوماس (g)	٤۷/۳٤	۲۷۰/۷۳	۱۲٤/۲۳	۳/۷٦	۳٤/۸٦

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]



شکل – نمایش گرافیکی نشانگرهای آگاهی‌بخش مرتبط با صفت کارایی تعرق ژنوتیپ‌های مختلف گندم دوروم با استفاده از مانهاتان پلات ترسیم شده با نرم‌افزار تاسل۵ و استفاده از ۳۲۲۱ نشانگر SNP روی ۱۴ کروموزوم گندم دوروم. از چپ به راست کروموزوم ۱A تا ۷B می‌باشد.

تحلیل ارتباط درگستره ژنوم با استفاده از مدل خطی آمیخته (MLM) انجام شد و نشانگرهای مرتبط با هرکدام از صفات شناسایی و در جدول مرتب شد. سطح معنی‌داری ارتباط نشانگرها و صفات مربوطه و همچنین درصدی از اطلاعات فنوتیپی صفت که توسط نشانگر توجیه می‌شود به‌ترتیب با P-value و r^2 نشان داده شده‌است.

تعداد ریشه‌های بذری در بین ژنوتیپ‌ها تنوع مشاهده شد. به‌طوری‌که دامنه تغییرات آن از ۱/٦۵ تا ۵/۹٤ بود. ضریب تغییرات این صفت ۱۷/۸۷ درصد بود اما طول ریشه‌های بذری تنوع بسیار بیش‌تری داشت و ضریب تغییرات برای این صفت ۳۵/۱۹ درصد بود. چنین تنوعی اهمیت ارزیابی کنترل ژنتیکی ریشه‌های بذری را در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد. تحلیل ارتباط نشان داد که نشانگر Kukri_c62142_683 با سطح احتمال P=۰/۰۰۰۲ روی کروموزوم ۲A و نشانگر Ku_c106533_550 با سطح احتمال P=۰/۰۰۰٤ روی کروموزوم ۱B با طول ریشه‌های بذری ارتباط دارند. ضریب تبیین این نشانگر نشان می‌دهد که ۲۱ درصد از تفاوت‌های موجود برای این دو صفت را کنترل می‌کند. در ارتباط با تعداد ریشه‌های بذری نیز نشانگر آگاهی بخش معنی‌داری شناسایی نشد. اگر چه گزارش قبلی در مورد ژن‌های کنترل‌کننده ریشه‌های بذری در گندم دوروم وجود ندارد، اما تحقیقات متعددی تنوع در تعداد و طول ریشه‌های بذری گندم نان، را گزارش نموده‌اند (Al Richard et al. 2015; Meister et al. 2014). مکان‌هایی از کروموزوم‌های ۲B و ۳B گندم هگزاپلوییدی برای کنترل تنوع در ریشه‌های بذری در شرایط تنش رطوبتی ایجاد شده با پلی اتیلن گلایکول گزارش شده‌است (Ayalew et al. 2018).

طول ریشه‌های گسترش یافته از ۳۱/۱۹ تا ٦٤/۹۷ سانتی‌متر متغییر بود. تجزیه ارتباطی نشان داد که نشانگرهای wsnp_Ex_rep_c109742_92411838 و wsnp_Ku_c21316_31053745 روی کروموزوم ۱Aپیوستگی معنی‌داری با این صفت داشت که در مجموع ۵۰ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را در کنترل دارند. نشانگر Excalibur_c35713_106 روی کروموزوم ٦B نیز ۱۳ درصد از تغییرات این صفت را توجیه می‌کند. در چنین مواردی که تعداد اندکی نشانگر بخش عمده‌ای از تغییرات یک صفت را کنترل می‌کنند، می‌توان با گزینش ژنومی در جمعیت‌های اصلاحی در حال تفرق در حداقل زمان به ژنوتیپ‌های ایده‌آل رسید. کنترل ژنتیکی صفت طول ریشه در طیف گسترده‌ای از ارقام گندم با تیپ‌های مختلف رشدی گزارش شده‌است (Narayanan et al. 2014). تغییرات حجم ریشه در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، بسیار زیاد بود و از ۰/۷٤ تا ۵/۹٤ سانتی‌متر مکعب متغیر بود. وجود ضریب تغییرات بسیار زیاد برای این صفت، نشان می‌دهد که

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]

تراکم و سطح ریشه‌ها لازم است با دقت بیشتری ارزیابی شود. نشانگر wsnp_Ex_c10550_17231294 روی کروموزوم ۷B به میزان ۱۱/٦ دصد از تنوع این صفت را توجیه می‌کند. در گیاه جو نیز مشخص شده‌است که این صفت کنترل ژنتیکی دارد و مکان‌های ژنی کنترل کننده آن روی کروموزوم‌های ۳ و ٦ این ژنوم گیاه قرار دارد (Ataei et al. 2013).

تعداد ٦ نشانگرهای SNP مرتبط با صفت وزن خشک ریشه شناسایی شد که این نشانگرها به روی کروموزوم‌های ۲B و ۵B قرار داشت (جدول ۳). این نشانگرها با شاخص شاخص تراکم بافت ریشه نیز پیوستگی داشت که دلیل آن می‌تواند محاسبه این شاخص از روی وزن ریشه‌ها باشد. نشانگرهای wsnp_Ex_rep_c109742_92411838 و wsnp_Ku_c21316_31053745 روی کروموزوم ۱A و نشانگر Excalibur_c74397_238 روی کروموزوم ٤A هرکدام به میزان ۱۱/۱ درصد از تغییرات سطح ریشه را توجیه می‌نمایند. روی کروموزوم ٦B نیز دو نشانگر wsnp_BE404947B_Ta_2_12 و IAAV1711 نیز هرکدام به میزان ۱۰/۱ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را کنترل می‌کنند. قطر ریشه صفت مهم دیگری است که نشانگرهای پیوسته با آن برروی کروموزوم‌های ۲B و ۷B قرار داشت.

جدول ۳- نشانگرهای آگاهی بخش مرتبط با صفات و شاخص‌های رشد ریشه شناسایی شده به روش تحلیل در گستره ژنوم

نام صفت	نام نشانگر	کروموزوم	موقعیت (سانتی‌مورگان)	سطح معنی‌داری	ضریب تبیین R^2
طول ریشه‌های بذری	Kukri_c62142_683	۲A	۸۰	۰/۰۰۰۲	۰/۱۲
	Ku_c106533_550	۱B	۵۵	۰/۰۰۰٤	۱۲/۹
طول ریشه	wsnp_Ex_rep_c109742_92411838	۱A	۷۲	۰/۰۰۰۰	۰/۲۵
	wsnp_Ku_c21316_31053745	۱A	۷۲	۰/۰۰۰۰	۰/۲۵
	Excalibur_c35713_106	٦B	٤۰	۰/۰۰۰۱	۰/۱۳
حجم ریشه	wsnp_Ex_c10550_17231294	۷B	۸۰	۰/۰۰۰۳	۱۱/٦
وزن خشک ریشه	RAC875_c34512_685	۲B	۲	۰/۰۰۰۸	۹/۷
	RAC875_c34512_493	۲B	۲	۰/۰۰۰۸	۹/۷
	BS00068200_51	۵B	۷۲	۰/۰۰۰۰۲	۱۵/۵
	Excalibur_c9391_1016	۵B	۱۰۳	۰/۰۰۰۵	۱۰/۸
	GENE-0168_7	۵B	۱۰٤	۰/۰۰۰٦	۱۰/۵
	Tdurum_contig25393_218	۵B	٤٦	۰/۰۰۰۷	۱۰/۰
تراکم بافت ریشه	RAC875_c34512_685	۲B	۲	۰/۰۰۰۸	۹/۷
	RAC875_c34512_493	۲B	۲	۰/۰۰۰۸	۹/۷
	BS00068200_51	۵B	۷۲	۰/۰۰۰۰۲	۱۵/۵
	Excalibur_c9391_1016	۵B	۱۰۳	۰/۰۰۰۵	۱۰/۸
	GENE-0168_7	۵B	۱۰٤	۰/۰۰۰٦	۱۰/۵
	Tdurum_contig25393_218	۵B	٤٦	۰/۰۰۰۷	۱۰/۰
سطح ریشه	wsnp_Ex_rep_c109742_92411838	۱A	۷۲	۰/۰۰۰۳	۱۱/۱
	wsnp_Ku_c21316_31053745	۱A	۷۲	۰/۰۰۰۳	۱۱/۱
	Excalibur_c74397_238	٤A	۱۱۵	۰/۰۰۰۳	۱۱/۱
	wsnp_BE404947B_Ta_2_12	٦B	۲۸	۰/۰۰۰۷	۱۰/۱
	IAAV1711	٦B	۲۸	۰/۰۰۰۷	۱۰/۱
قطر ریشه	RFL_Contig4856_71	۲B	۷۰	۰/۰۰۰٤	۱۰/۸
	Kukri_c50071_1084	۷B	۸۰	۰/۰۰۰٤	۱۰/۵
	Excalibur_c21739_688	۷B	۸۰	۰/۰۰۰٦	۱۰/۵

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]

جدول ۳- نشانگرهای آگاهی بخش مرتبط با صفت کارایی تعرق در گندم دوروم، شناسایی شده به روش تحلیل در گستره ژنوم

نام صفت	نام نشانگر	کروموزوم	موقعیت (سانتی‌مورگان)	سطح معنی‌داری	ضریب تبیین R^2
کارایی مصرف آب	Kukri_c54678_88	۱A	۷٦	۰/۰۰۰۳	۱۰/۸
	Kukri_c49170_655	۱A	۷۸	۰/۰۰۰٦	۹/۹
	Kukri_c12984_465	۱A	۷۹	۰/۰۰۰۳	۱۱/۱
	Excalibur_c44668_382	۱A	۸۱	۰/۰۰۰۳	۱۱/۰
	IAAV2694	۱A	۸٤	۰/۰۰۰۳	۱۱/۰
	Ra_c110766_321	۱A	۹٦	۰/۰۰۰۸	۹/۵
	RAC875_c68649_457	۲A	۱۱۳	۰/۰۰۰۰۲	۱٤/۷
	BS00094057_51	۳A	۲	۰/۰۰۰٦	۱۰/۸
	BS00067216_51	۳A	۵۲	۰/۰۰۰۵	۱۰/٦
	BS00110075_51	۵A	۳٦	۰/۰۰۰۸	۹/۹
	Tdurum_contig75595_586	٦A	۳٤	۰/۰۰۰۰۷	۱٤/۰
	Kukri_c6552_4243	۲B	۷۸	۰/۰۰۰۰۰۲	۱۸/٤
	wsnp_JD_rep_c67103_42432235	۲B	۷۹	۰/۰۰۰۲	۱۱/٤
	wsnp_Ra_c28955_38371323	۲B	۸۰	۰/۰۰۰۰	۲۱/۲
	RAC875_rep_c69171_92	۳B	۵	۰/۰۰۰٤	۱۰/٦
	Excalibur_c29625_222	۳B	۵۳	۰/۰۰۰٤	۱۱/۱
	BobWhite_c1196_297	۳B	۵٤	۰/۰۰۰۰۱	۱٦/٤
	Tdurum_contig76213_958	٤B	۳۲	۰/۰۰۰۵	۱۰/۳
	wsnp_CAP12_rep_c4278_1949864	٤B	٦۳	۰/۰۰۰۲	۱۱/۳
	BS00022364_51	٤B	٦٦	۰/۰۰۰۰۹	۱۲/۷
کارایی تعرق	RAC875_c68649_457	۲A	۱۱۳	۰/۰۰۰۰۳	۱٤/۳
	BS00067216_51	۳A	۵۲	۰/۰۰۰۱	۱۲/۷
	Tdurum_contig75595_586	٦A	۳٤	۰/۰۰۰۰٦	۱۳/۷
	Excalibur_c71500_231	۲B	۸۰	۰/۰۰۰۰۱	۱۵/۵
	Excalibur_c5064_765	۲B	۷۸	۰/۰۰۰۱	۱۱/۸
	wsnp_Ex_c7203_12370983	۲B	۷۹	۰/۰۰۰۱	۱۱/٤
	BobWhite_c1196_297	۳B	۵٤	۰/۰۰۰۰۰٦	۱۷/۲
	RAC875_rep_c69171_92	۳B	۵	۰/۰۰۰۳	۱۱/۱
	GENE-1966_110	۳B	۵۳	۰/۰۰۰۳	۱۱/۳

سه نشانگر RFL_Contig4856_71، Kukri_c50071_1084، Excalibur_c21739_688 در مجموع ۳۱/۸ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را تبیین می‌کنند. موقعیت یکسان این نشانگرها روی کروموزوم‌ها حاکی از وجود QTLهایی برای این صفت در این مکان از ژنوم گندم دوروم است (Xin et al. 2015).

در رابطه با صفت کارایی مصرف آب در گندم دوروم مشخص شد که میانگین این صفت در ژنوتیپ‌های مورد بررسی ۰/۳ گرم دانه به ازای هر لیتر آب مصرفی بود. اما تنوع برای این صفت بسیار بالا بود و ضریب تغییرات این صفت ۳٦/۸٤ درصد محاسبه شد. تعداد ۲۰ نشانگر آگاهی‌بخش برای این صفت شناسایی شد. از این نشانگرها ۱۱ مورد روی ژنوم A (کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۵ و ٦) و ۹ مورد نیز روی ژنوم B گندم دوروم قرار داشت (کروموزوم‌های ۲، ۳ و ٤). از آنجاکه عوامل مختلفی کارایی مصرف آب در گیاه را تحت تاثیر قرا می‌دهند، چنین گستردگی برای نواحی ژنومی درگیر در کنترل ژنتیکی کارایی مصرف آب قابل پیش‌بینی بود.

برخلاف صفت کارایی مصرف آب که مجموع آب تبخیر و تعرق یافته در هر واحد آزمایشی به ازای عملکرد اقتصادی مورد توجه قرا می‌گیرد، در کارایی تعرق گیاه صرفاً آب خاصل تعریق یافته (مصرف شده در گیاه) در محاسبه وارد می‌شود و تنوع ژنتیکی برای این صفت اهمیت بیشتری دارد. همانطورکه در جدول آماره‌های توصیفی مشاهده می‌شود کارایی تعرق گیاه از ۰/۲۱ تا

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]

۱/۹٤ در بین ژنوتیپ‌ها متغیر بود و به‌طور متوسط ۰/٦٦ گرم به ازای هر لیتر آب تعرق یافته بود. کنترل چنین تنوعی با ۹ مورد از نشانگرهای مورد بررسی ارتباط معنی‌داری داشت. از این نشانگرها سه نشانگر روی ژنوم A و ٦نشانگر روی ژنوم B قرار دارد. کروموزوم‌های ۲A، ۳A و ٦A از ژنوم A و کروموزوم‌های ۲B و ۳B نیز از ژنوم B در کنترل کارایی تعرق گندم دوروم مشارکت داشتند.

نتیجه‌گیری کلی

تحلیل ارتباط در گستره ژنوم با استفاده از نشانگرهای تکرارپذیر و با جایگاه مشخص روی ژنوم گندم دوروم امکان شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات و شاخص‌های رشد ریشه بعلاوه صفات کارایی مصرف آب و تعرق را فراهم کرد. در این تحقیق مشخص شد که تنوع بسیار زیادی برای صفات ارزیابی شده وجود داشت که لازم است کارایی چنین تنوعی در صفات ریشه‌ای و کارایی مصرف آب در شرایط محدود رطوبتی نیز ارزیابی شود. گزینش ژنومی به‌کمک نشانگرهایی که سهم عمده‌ای از تغییرات فنوتیپی صفات را در کنترل دارد می‌تواند به غربالگری زود هنگام جمعیت‌های در حال تفرق در برنامه‌های اصلاحی گندم دوروم کمک کند.

منابع

Ayalew A, Liu H, Börner A, Kobiljski B, Liu C, Yan G (2018) Genome-Wide Association mapping of major root length QTLs under PEG induced water stress in wheat. Frontiers in Plant Science 9:1759.

De Vita P, Nicosia OLD, Nigro F, Platani C, Riefolo C, Di Fonzo N (2007) Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. Eurppean Journal of Agronomy 26: 39-53.

Fayaz N, and Arzani A (2011) Moisture stress tolerance in reproductive growth stage in triticale (X Triticosecale Wittmack) cultivars under field conditions. Crop Breeding Journal 1: 1-12.

Hajabbasi MA (2001) Tillage effects on soil compactness and wheat root Morphology Journal of Agricultural Sciences and Technology 3: 67-77.

Iannucci A, Marone D, Russo M, De Vita P, Miullo V, Ferragonio P, Blanco A, Gadalet A, Mastrangelo A (2017) Mapping QTL for Root and Shoot Morphological Traits in a Durum Wheat×*T. dicoccum* Segregating Population at Seedling Stage. International Journal of Genomics 1: 1-17.

Kara Y, Martín A, Souyris I, Rekika D, Monneveux P (2000) Root characteristics in durum wheat (*T. turgidum* conv. durum) and some wild Triticeae species. Genetic variation and relationship with plant architecture. Cereal Research Communication 28: 247-254.

Kilian B, Mammen K, Millet E, Sharma R, Graner A, Salamini F, Hammer K, Ozkan H (2011) Wild crop relatives: genomic and breeding resources: Cereals, Springer, Chapter 1.

Liu X, Li R, Chang X, Jing R (2013) Mapping QTLs for seedling root traits in a doubled haploid wheat population under different water regimes. Euphytica. 189: 51-66.

Maccaferri M, El-Feki W, Nazemi G, Salvi S, ¨Angela Canè M, Chiara Colalongo M, Stefanelli S, Tuberosa R (2016) Prioritizing quantitative trait loci for root system architecture in tetraploid wheat. Journal of Experimental Botany 6:1161-1178.

Mandal KG, Hati KM, Misra AK, Ghosh PK, Bandyopadhyay KK (2003) Root density and water use efficiency of wheat as affected by irrigation and nutrient management. Journal of Agricultural Physics 3: 49-55.

Narayanan S, PV Prasad (2014) Characterization of a spring Wheat Association Mapping Panel for Root Traits. Agronomy Journal 106: 1593-1604.

Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the national academy of sciences, USA 70:3321-3323.

Paula P, Pausas JG (2011) Root traits explain different foraging strategies between resprouting life histories, Oecologia 165: 321-331.

Peterson G, Seberg O, Yde M, Berthelsen K (2006) Phylogenetic relation of *Triticum* and *Aegilops* evidence for the origin of the A, B and D genomes of common wheat (*Triticum aestivum*)', Molecular Phylogenetic and Evolution 39:70-82.

Price A, Steele K A, Gorham J, Bridges JM, Moore BJ, Evans JL, Jones R, Richardson P (2002) Upland rice grown in soil-filled chambers and exposed to contrasting water-deficit regimes, root distribution, water use and plant water status. Field Crops Research 76: 11-24.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155:945-59.

Ren Y, He X, Liu, D, Li J, Zhao X, Li B, Tong Y, Zhang A, Li Z (2012) Major quantitative trait loci for seminal root morphology of wheat seedlings. Molecular Breeding 30: 139-148.

Sharif-Al-Hosseini M, Ahmadi E (2012) Evaluation of durum wheat genotypes using drought tolerance indices. Iran Agronomy Researches 10:361-367.

Xu X, Ren J, Ren X, Huang S (2015) association of agronomic traits with SNP markers in durum wheat (*Triticum turgidum L*. durum (Desf.)). PLoS ONE 10:6.

Mansouri S, Mehrabi AA, Mohammadi V, Arminian A, Roder M (2018) Genetic variation, population structure and linkage disequilibrium in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes using SNP markers. Medern Genetics. 13:157-168.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1398.14.1.4.8]