

Genome-wide association mapping to identify genomic regions related to physiological and agronomic traits in bread wheat under drought stress conditions

Malihe Rahimi-Sadegh 

M.Sc. Student of Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail address: maliherahimisadegh@gmail.com

Somayeh Sardouei-Nasab 

*Corresponding author. Assistant Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production (RTIPP), Shahid-Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail address: sardoueinasabs@gmail.com

Ghasem Mohammadi-Nejad 

Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production (RTIPP), Shahid-Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail address: mohammadinejad@uk.ac.ir

Shokoofeh Khandani

Ph.D. Candidate of Genetics and Plant Breeding, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran. E-mail address: shokoofekhandani@yahoo.com

Abstract

Objective

Drought is one of the major environmental stresses that adversely affect the growth and development of wheat. This study aimed to determine the structure of the population and to identify markers associated with physiological and agronomic traits in bread wheat under drought stress conditions.

Materials and methods

A total of 238 bread wheat genotypes were evaluated using a randomized complete block design with two replications under drought stress conditions. Various physiological traits, including carbon dioxide exchange, photosynthesis rate, and chlorophyll content, as well as agronomic traits such as days to heading, days to maturity, flag leaf length and width, plant height, seed weight per plant, number of seeds per unit area, seed yield, and biological yield, were measured. Genotyping

was performed using 9K SNP array. The population structure analysis was conducted using 17,093 SNP markers in R software. Marker-trait association (MATs) was carried out using GLM model in TASSEL.

Results

The analysis of population structure divided the 238 wheat genotypes into five subgroups. A total of 132 MTAs were identified for different traits. Notably, four SNPs, on chromosomes 6B, 4A and 6A exhibited pleiotropic effects on traits such as seed number per unit area, seed weight, and yield. Furthermore, eight MTAs for seed weight were identified on chromosomes 4B, 5B, 6B, and 7A. Chromosome 6B contained the highest number of SNPs, covering a region between 481-519 Mbp. For the number of seeds per unit area, 12 MTAs were located on chromosomes 3B, 4A, 5A, 6A, and 6B. The region with the highest number of SNPs was found between 561-492 Mbp on chromosome 6B, which overlapped with the region associated with seed weight per plant. These findings highlight the significance of this specific region in the wheat genome for improving bread wheat yield.

Conclusions

The results of this research provide valuable insights for breeders seeking to enhance wheat yield potential. Identified markers associated with key agronomic traits can be utilized in marker-assisted selection programs, aiding in the selection of desired traits.

Keywords: Bread wheat, Drought stress, SNP, Genome-wide association mapping

Paper Type: Research Paper.

Citation: Rahimi-Sadegh M, Sardouei-Nasab S, Mohammadi-Nejad GH, Khandani SH (2023) Genome-wide association mapping to identify genomic regions related to physiological and agronomic traits in bread wheat under drought stress conditions. *Agricultural Biotechnology Journal* 15 (4), 23-42.

Agricultural Biotechnology Journal 15 (4), 23-42.

DOI: 10.22103/jab.2023.21885.1497

Received: July 20, 2023.

Received in revised form: September 17, 2023.

Accepted: September 18, 2023.

Published online: December 30, 2023.

Publisher: Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant



Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian
Biotechnology Society.

© the authors

پویش جامع ژنومی برای شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات فیزیولوژی و زراعی در گندم نان تحت شرایط تنش خشکی

ملیحه رحیمی صادق

دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و به نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: maliherahimisadegh@gmail.com

سمیه ساردویی نسب

نویسنده مسئول: استادیار ژنتیک و به نژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: sardoueinasabs@gmail.com

قاسم محمدی نژاد

استاد ژنتیک و به نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: mohammadinejad@uk.ac.ir

شکوفه خاندانی

دانشجوی دکترای رشته ژنتیک و به نژادی گیاهی، گروه ژنتیک و به نژادی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران. رایانامه: shokoofekhbandani@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۴/۲۹ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۲/۰۶/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۶/۲۷

چکیده

هدف: خشکی یکی از مهم‌ترین تنش‌های محیطی است که بر رشد و نمو گندم تأثیر منفی می‌گذارد. این مطالعه به منظور تعیین ساختار جمعیت و شناسایی نشانگرهای پیوسته با صفات فیزیولوژی و زراعی در گندم نان در شرایط تنش خشکی انجام شد.

مواد و روش‌ها: ۲۳۸ ژنوتیپ مختلف گندم نان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در شرایط تنش خشکی مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات فیزیولوژی از جمله تبادل دی اکسید کربن، سرعت فتوسنتز و میزان کلروفیل و صفات مختلف زراعی شامل روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، طول و عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، وزن دانه در بوته، تعداد دانه در واحد سطح، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک اندازه‌گیری شدند. تعیین ژنوتیپ با استفاده از آرایه چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم 9K در

شرکت TraitGenetic کشور آلمان صورت گرفت. تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP و در محیط R انجام شد. تجزیه ارتباطی بین داده‌های فنوتیپی و نشانگرهای SNP با استفاده از نرم افزار TASSEL و روش مدل خطی عمومی (GLM) انجام شد.

نتایج: بر اساس تجزیه ساختار جمعیت، ۲۳۸ ژنوتیپ گندم در ۵ زیرگروه تقسیم‌بندی شدند. در مجموع ۱۳۲ ارتباط نشانگر-صفت (MTAs) برای صفات مختلف شناسایی شدند. از این بین چهار SNP، بر روی کروموزوم‌های 6B، 4A، و 6A با صفات تعداد دانه در واحد سطح، وزن دانه و عملکرد اثر پلیوتروپیک داشتند. تعداد هشت MTA برای وزن دانه بر روی کروموزوم‌های 4B، 5B، 6B و 7A شناسایی شد. بیشترین تعداد SNP بر روی کروموزوم 6B قرار داشتند که ناحیه‌ای را در فاصله ۴۸۱-۵۱۹ مگا جفت باز پوشش دادند. برای تعداد دانه در واحد سطح نیز دوازده MTA بر روی کروموزوم‌های 3B، 4A، 5A، 6A و 6B مکان‌یابی شدند. که بیشترین تعداد SNP در فاصله ۴۹۲-۵۶۱ مگا جفت باز و بر روی کروموزوم 6B قرار داشتند. این ناحیه از کروموزوم 6B با ناحیه شناسایی شده برای وزن دانه در بوته نیز هم‌پوشانی داشت، که نشان‌دهنده اهمیت این ناحیه از ژنوم گندم در بهبود عملکرد گندم نان می‌باشد.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از این تحقیق به طور بالقوه به اصلاح‌کنندگان در بهبود افزایش پتانسیل عملکرد گندم کمک می‌کند. از نشانگرهای شناسایی شده می‌توان در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر استفاده کرد.

کلیدواژه‌ها: تنش خشکی، گندم نان، نشانگر SNP، پوشش جامع ژنومی

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: رحیمی صادق ملیحه، ساردویی نسب سمیه، محمدی نژاد قاسم، خاندانی شکوفه (۱۴۰۲) پوشش جامع ژنومی برای شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات فیزیولوژی و زراعی در گندم نان تحت شرایط تنش خشکی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۱۵(۴)، ۲۳-۴۲.

Publisher: Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant

Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian

Biotechnology Society.

© the authors



مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) گیاه اصلی سراسر جهان است که تقریباً ۲۰ درصد کالری و پروتئین مورد نیاز بشر را تامین می‌کند (FAO 2016). در حال حاضر تولید گندم در جهان حدود ۶۸۰ میلیون تن در هکتار است که از کشت حدود ۲۵۰ میلیون هکتار زمین زراعی بدست می‌آید. این در حالی است که طبق پیش‌بینی‌ها در سال ۲۰۵۰ این میزان تولید بایستی به میانگین

۹۴۵ میلیون تن برسد که با تولید فعلی ۲۶۵ میلیون تن اختلاف دارد (Rajaram 2010). خشکی از جمله تنش‌های فیزیکی است که به عنوان مهم‌ترین عامل محدودکننده رشد و تولید گیاهان زراعی در اکثر نقاط جهان و ایران شناخته شده است و عملکرد گیاه را تا ۵۰ درصد کاهش می‌دهد (Lesk et al. 2016). در سال‌های اخیر با تغییرات آب و هوایی، در اکثر نقاط جهان خشکی چالش مهمی محسوب می‌شود. این تغییرات اثرات شدیدی بر روی عملکرد گیاهان زراعی شامل غلات و به خصوص گندم دارد (Gupta et al. 2017). تحت چنین شرایطی عملکرد دانه گندم در سال‌های متوالی نوسانات فراوانی نشان می‌دهد و افزایش عملکرد از طریق به‌نژادی و تولید ارقام سازگار و مقاوم به خشکی پیچیده و مشکل می‌باشد. زیرا صفات و عوامل بسیاری در بیان پدیده مقاومت به خشکی دخالت داشته و این صفات و عوامل با همدیگر اثر متقابل دارند. بنابراین، نیاز به بررسی‌های جامع‌تر و تحقیقات بیشتر ضروری به نظر می‌رسد. برای بهبود تحمل به خشکی بایستی صفاتی که باعث پایداری عملکرد می‌شوند را شناسایی و به ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا منتقل نمود. این هدف می‌تواند با استفاده از روش گزینش به وسیله نشانگر انجام شود (Cattivelli et al. 2008). شناسایی ژن‌های کنترل کننده تحمل به خشکی و درک مکانیسم‌های کنترل کننده آن‌ها، همچنین دستکاری‌های ژنتیکی این ژن‌ها به منظور بهبود تحمل به خشکی در گندم، به عنوان یکی از مهمترین محصولات استراتژی غذای بشر، ضروری به نظر می‌رسد (Zeng 1993). مطالعات نقشه‌یابی ارتباطی کل ژنوم (GWAS)^۱ یکی از رویکردهای اصلی برای شناسایی ارتباط نشانگر و صفت (MTA) است و درک پایه‌های ژنتیکی و تشریح ژن‌های پیچیده کنترل کننده صفات اقتصادی مانند تحمل به خشکی را تسهیل می‌کند. هدف GWAS تشخیص نواحی ژنومی است که می‌توانند نشانگرها، ژن‌ها یا QTL مرتبط با صفات مورفولوژیکی، کلیدی برای اصلاح به کمک نشانگر، کشف ژن باشند (Edae et al. 2014). در این روش توالی DNA کل ژنوم افراد جمعیت با هدف یافتن تفاوت‌های تک نوکلئوتیدی بین آن‌ها مورد مقایسه قرار می‌گیرد. از GWAS برای شناسایی مکان‌های ژنومی مرتبط با مقاومت به تنش‌های خشکی (Sukumaran et al. 2015)، گرمایی (Maulana et al. 2018) و زمان گلدهی (Rousset et al. 2011) در گندم نان استفاده شده است. همچنین از این روش در گیاه جو برای شناسایی مسیر ژن‌های آنتوسیانین و همچنین شناسایی ژن‌های مرتبط با پنج صفت مورفولوژیکی استفاده شده است (Cockram et al. 2010). در برنج با استفاده از GWAS ژن‌های کاندید مربوط به صفاتی مانند زمان گلدهی و عملکرد (Liang et al. 2015) شناسایی شده است. درک ژنتیک تحمل به خشکی در گندم نان، پیش‌نیازی برای توسعه ارقام مقاوم به خشکی است. بنابراین، هدف از مطالعه حاضر شناسایی مکان‌های ژنومی و نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات مهم زراعی و فیزیولوژی در گندم نان و گزارش QTLها یا SNPsهای منتخب برای بهبود عملکرد گندم در شرایط تنش خشکی می‌باشد.

^۱ -Genome – wide association mapping

مواد و روش‌ها

ارزیابی صفات فنوتیپی: مواد گیاهی شامل، ۲۳۸ ژنوتیپ مختلف گندم نان تهیه شده از مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی (IPK) واقع در کشور آلمان بودند که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در شرایط تنش خشکی مورد ارزیابی قرار گرفتند. این پژوهش در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، دانشگاه شهید باهنر کرمان (طول جغرافیایی ۵۷ و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه بوده و در ارتفاع ۱۷۵۶ متری از سطح دریا) انجام شد. خاک مزرعه آزمایشی از نوع لومی شنی بود. در این سال میانگین سالانه درجه حرارت هوا، درصد رطوبت نسبی و مجموع میزان بارندگی به ترتیب برابر با ۱۷/۲ درجه سانتی‌گراد، ۳۲/۸ درصد و ۵۹/۲ میلی‌متر بودند. تنش خشکی در مرحله ۴ برگ‌ی اعمال گردید. برای اعمال تنش خشکی، رطوبت خاک برابر ۳۰٪ ظرفیت زراعی مزرعه با استفاده از دستگاه رطوبت‌سنج (PMS-714, Lutron, Taiwan) کنترل گردید. صفات مختلف فیزیولوژی و زراعی از جمله تبادل دی اکسید کربن، سرعت فتوسنتز، میزان کلروفیل (با استفاده از دستگاه فتوسنتز متر (ADC Bio Scientific Limited, UK) و SPAD) و SPAD- (502 Konica Minolta Sensing Inc., Japan)، روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، طول و عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، وزن دانه در بوته، تعداد دانه در واحد سطح، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک اندازه‌گیری شدند.

ژنوتیپ‌یابی، تجزیه ساختار جمعیت و پویس جامع ژنومی (GWAS): تعیین ژنوتیپ با استفاده از آرایه چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم 9K در شرکت TraitGenetic کشور آلمان صورت گرفت. نشانگرهای SNP از نظر شاخص‌های فراوانی آلل نادر (MAF) کمتر از ۰/۰۳ و ژنوتیپ ازدست رفته بیشتر از ۰/۰۵ فیلتر شدند. تجزیه ساختار جمعیت، با استفاده از بسته نرم افزاری LEA در محیط R انجام شد. تعداد زیرجمعیت‌ها (K) برای بازه از ۱ تا ۱۰ مورد آزمایش قرار گرفت که منجر به تعیین K بهینه (K=۵) برای این مجموعه داده شد. در LEA، انتخاب تعداد زیرجمعیت‌ها بر اساس معیار آنتروپی متقابل (Cross entropy) است. معیار آنتروپی متقابل بر اساس رویکرد اعتبارسنجی متقابل است. مقادیر کوچکتر معیار آنتروپی متقابل معمولاً به معنای اجرای بهتر است (Francois 2016). تجزیه ارتباطی بین داده‌های فنوتیپی و نشانگرهای SNP با استفاده از نرم افزار TASSEL و روش مدل خطی عمومی (GLM) انجام شد. در این مدل از ماتریس Q (ساختار جمعیت) به عنوان کواریت در مدل استفاده گردید. برای تعیین خط آستانه معنی‌داری (برای تعیین LOD) از روش Li و Ji استفاده شد که در آن میزان خطا با استفاده از فرمول $\alpha = 1 - (1 - 0.05)^{1/n}$ محاسبه گردید که در آن n تعداد آزمون‌های مستقل موثر است (Li and Ji 2005). در نتیجه از $LOD=3/6$ برای معنی‌داری استفاده گردید.

جدول ۱. کد و منشأ ژنوتیپ‌های استفاده شده

Table 1. The codes and origins of studied genotypes

ژنوتیپ	منشأ	ژنوتیپ	منشأ	ژنوتیپ	منشأ	ژنوتیپ	منشأ
Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin
KATYA	ناشناخته Unknown	Muszelka	لهستان PL	Holly E	امریکا USA	Podoljanka	اکراین UKR
KP134-3	روسیه RUS	Mikon	المان GER	Mina	صربستان SRB	Batuta	لهستان PL
Wesley/SD970 49	امریکا USA	Zentos	المان GER	Mironovska 808	اکراین UKR	Odesska 267	اکراین UKR
SD98444/SD97 060	امریکا USA	Mulan	المان GER	Szegedi 768	مجارستان HUN	Bagratiyovskaya	روسیه RUS
88-86	روسیه RUS	Flair	المان GER	Suwon 92	هند IND	Kobra plus	لهستان PL
BORG	سوئد SWE	Cook	استرالیا AUS	Sofija	صربستان SRB	BEZOSTAY A (1?)	روسیه RUS
Zlatica	بلغارستان BUL	Centurk	ناشناخته Unknown	Antonovka	بلغارستان BUL	Malakhit	ناشناخته unknown
FOLKE	ناشناخته Unknown	Nov.Crvena	صربستان SRB	GSA 12 (Wvβ 6305)	المان GER	GSA 10 (SUR. 99820)	فرانسه FRA
Muza	لهستان PL	NS 22/92	صربستان SRB	Tulsa	المان GER	GSA 7 (SUR.01/186)	فرانسه FRA
KARABALYK SKAYA 101	قزاقستان KAZ	Vakka	فنلاند FIN	Renesansa	صربستان SRB	Dzhangal	روسیه RUS
Durin	فرانسه FRA	Zvonniza	روسیه RUS	Peking 11 7017	سوئد SWE	Kazanskaya 285	روسیه RUS
Donska polupat.	روسیه RUS	Ridit	امریکا USA	(Kavkaz/M- 43*/Kavkaz)	روسیه RUS	Kazanskaya 560	روسیه RUS
Capelle Desprez	فرانسه FRA	Neda	بلغارستان BUL	ZG K 3/82	کرواسی HRV	Hazen	ناشناخته unknown
Ai-bian	ژاپن JPN	Slawa	لهستان PL	M- 31*/Jo3088	روسیه RUS	DH99-39-55- 5*	کانادا CAN
Cajeme 71	مکزیک MEX	Sukces	لهستان PL	Saratovskaya 17	روسیه RUS	DH01-29- 33*R	کانادا CAN
Ana	کرواسی HRV	Helios	امریکا USA	Rannyaya 12	روسیه RUS	SW TATAROS	المان GER
Avalon	بریتانیا GBR	NS 46/90	صربستان SRB	Severodonet skaya Yubileinaya	روسیه RUS	CDC FALCON	کانادا CAN

Table1. Continued

ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا
Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin
Norin 10	ژاپن JPN	L 1/91	صربستان SRB	Svetoch	روسیه RUS	MAGISTE R	ناشناخته unknown
Kristall	بلغارستان BUL	Lambriego Inia	شیلی CHL	DH01-25- 199*R	کانادا CAN	SW MAXI	المان GER
Skipetr	روسیه RUS	L – 1	مجارستان HUN	BUENNO	فرانسه FRA	DH99-55- 342-4	کانادا CAN
Narobna	لهستان PL	NI9814	امریکا USA	PICARD	فرانسه FRA	TÜRKIS	المان GER
NS 602	صربستان SRB	Triple Dirk B (GK 12)	استرالیا AUS	ARLEQUIN	المان GER	TIGER	المان GER
Svilena	بلغارستان BUL	NS 55-25	صربستان SRB	GSA 8 (SUR.2001/166)	ناشناخته Unknown	DISCUS	المان GER
Crina	رومانی ROM	Ermak	روسیه RUS	S01-285-20*R	کانادا CAN	ZOBEL	المان GER
UMKA	روسیه RUS	Favoritka	روسیه RUS	DH01-29-167	کانادا CAN	Saratovska ya 90	ناشناخته unknown
LUTESCENS 410H39	ناشناخته Unknown	Sakura	ناشناخته Unknown	S01-360-1	کانادا CAN	Levoberezh naya 1	ناشناخته unknown
ZOLOTAVA/ DAR ZERNOGRA DA	اکراین UKR	Purd.39120	امریکا USA	CDC BUTEO	کانادا CAN	Almari	لهستان PL
BULK02R2B	امریکا USA	Purd.5392	ناشناخته Unknown	DH02-15-54	ناشناخته Unknown	Kirija	اکراین UKR
SERI82	مکزیک MEX	ZG K 238/82	کرواسی HRV	DH01-29-125	کانادا CAN	Powaga	اکراین UKR
88-85	روسیه RUS	Rusalka	بلغارستان BUL	PEREGRINE	کانادا CAN	Bogatka	لهستان PL
STARKE I	ناشناخته Unknown	Vel	امریکا USA	Moskovskaya 40	روسیه RUS	Novosibirs kaya 32	روسیه RUS
JYVÄ	فنلاند FIN	NS 66/92	صربستان SRB	Moskovskaya 56	روسیه RUS	Finezja	لهستان PL
Norstar	امریکا USA	M- 31/Holley	روسیه RUS	Smuglyanka	روسیه RUS	GSA 13 (BR2736d)	ناشناخته unknown
Filatovka	روسیه RUS	AURELE	فرانسه FRA	Liona	اکراین UKR	PIKO	ناشناخته unknown
Ul'yanovka	روسیه RUS	KOMSOM OLSKAY A 103	قزاقستان KAZ	ZG K T 159/82	کرواسی HRV	Santa	روسیه RUS
HOLME	ناشناخته Unknown	Bezenchuk skaya 616	روسیه RUS	7114 (Kavkaz/M- 43*/Kavkaz)	روسیه RUS	Bezenchuk skaya 790	روسیه RUS

Table1. Continued

ژنوتیپ Genotypes	منشا Origin	ژنوتیپ Genotypes	منشا Origin	ژنوتیپ Genotypes	منشا Origin	ژنوتیپ Genotypes	منشا Origin
Florida	امریکا USA	S01-31-12	کانادا CAN	M-31/Flex	روسیه RUS	Guberniya	روسیه RUS
Sailor	المان GER	Smuga	لهستان PL	Kohelia	لهستان PL	GSA 5 (P96QH529)	فرانسه FRA
Brigant	بریتانیا GBR	Moskovskaja 56	روسیه RUS	Bashkirskaya 10	روسیه RUS	DH01-32- 13	کانادا CAN
BCD 1302/83	مالدیو MDA	Doneko	روسیه RUS	Resurs	روسیه RUS	S01-249- 8*R	کانادا CAN
Benni multifloret	امریکا USA	Nizija	صربستان SRB	SKAGEN	المان GER	TRANSIT	المان GER
Bankut 1205	مجارستان HUN	Min. Dwarf	استرالیا AUS	GSA 11 (SUR. 99934)	ناشناخته unknown	Goldfield	امریکا USA
NS 33/90	ناشناخته Unknown	TJB 990-15	بریتانیا GBR	KARABALY KSKAYA OSTISTAYA	قزاقستان KAZ	ATHLON	ناشناخته unknown
Nova banatka	صربستان SRB	Triple Dirk B (GK 775)	استرالیا AUS	Kuibyshevka	روسیه RUS	ARKTIS	المان GER
NS 63-24	صربستان SRB	Sava	صربستان SRB	Povolzhskaya 86	روسیه RUS	Bezenchuks kaja 380	روسیه RUS
Roma	لهستان PL	Karabalikskaya Osimaya	قزاقستان KAZ	S01-350-6	ناشناخته unknown	Biryuza	روسیه RUS
Bezostaja 1	روسیه RUS	Simila	چک CZ	S01-249-14*R	کانادا CAN	FAMULUS	المان GER
Naridana	لهستان PL	Pobeda	صربستان SRB	Mironovskaya 808	اکراین UKR	BULAVA	روسیه RUS
Rywalka	لهستان PL	PKB Krupna	صربستان SRB	APACHE	فرانسه FRA	Nemchinov skaya 57	روسیه RUS
LUTESCENS410H4 8	قزاقستان KAZ	NS 79/90	صربستان SRB	AKTEUR	المان GER	CHEYENN E	امریکا USA
LUTESCEN S410H53	قزاقستان KAZ	M-31/Fox 7109	روسیه RUS	LEIFFER	المان GER	Wagrein	اتریش AUT
KRUZHINKA/MV IRMA	اکراین UKR	(Alabasskaya/M- 43/Kavkaz/Kavk az	روسیه RUS	DH01-25- 135*R	کانادا CAN	MATRIX	المان GER
ST.ERYHTR 1334- 07	اکراین UKR	M-31/Cloud	روسیه RUS	DH02-18-88	ناشناخته unknown	Volzhskaya K	روسیه RUS
Acciaio	ایتالیا ITA	Zemka	روسیه RUS	TARSO	المان GER	Bezenchuks kaya 380	روسیه RUS
SD98W302/NW97S 186	ناشناخته Unknown	Bezostaya 1	روسیه RUS	BRILLIANT	المان GER	Nemchinov skaya 24	روسیه RUS

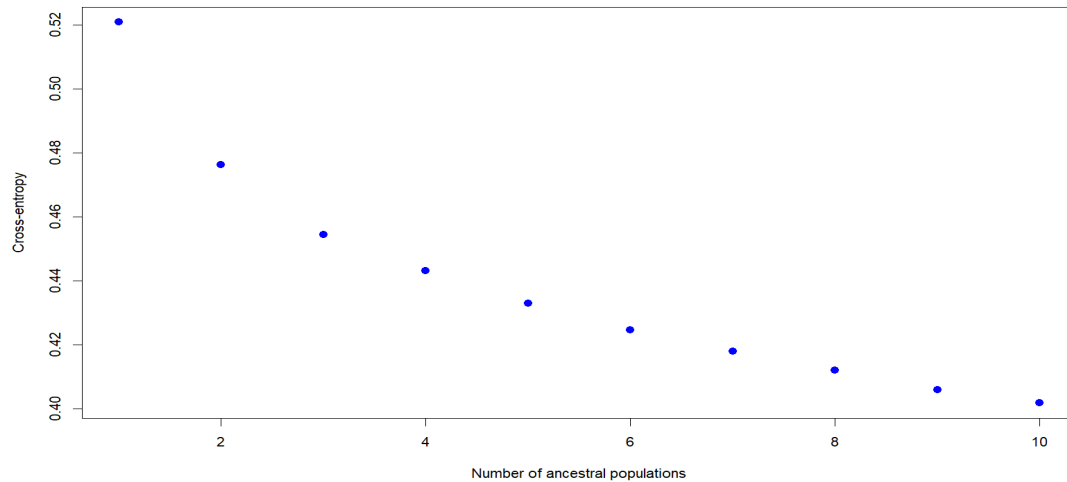
Table1. Continued

ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا
Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin	Genotypes	Origin
LINNA	فنلاند FIN	BANCO	ناشناخته Unknown	Viktoriya 95	روسیه RUS	Kirgiskaja 16	روسیه RUS
AURA	فنلاند FIN	GSA 14 (MH. 98-16)	ناشناخته Unknown	Levoberezhnaya 3	ناشناخته unknown	Ernie	امریکا USA
Roughrider	امریکا USA	SAXO	ناشناخته Unknown	Ershovskaya 11	روسیه RUS	JULIUS	المان GER
Legenda	لهستان PL	Tonacja	لهستان PL	Kalach 60	روسیه RUS		
Korweta	لهستان PL	Turnia	لهستان PL	Irkutskaya ozimaya	روسیه RUS		

نتایج و بحث

تجزیه ساختار جمعیت: تکامل و به‌نژادی پیچیده گیاهان زراعی به گونه‌ای صورت گرفته که جوامع این گیاهان بی شک دچار ساختارهای پیچیده‌ای شدند (Garris et al. 2005). تعداد زیرجمعیت مناسب، زیر جمعیت‌هایی هستند که در آن‌ها آلل‌ها در تعادل هاردی واینبرگ بوده و پیوستگی عدم تعادل گامتی در آن‌ها وجود دارد. به منظور تعیین تعداد زیرجمعیت‌ها با ساختار ژنتیکی متفاوت، تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از تعداد ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP در جمعیت مورد مطالعه انجام شد و تعداد زیرجمعیت‌ها با استفاده از معیار آنتروپی متقابل تعیین شدند (شکل ۱). بر این اساس ۲۳۸ ژنوتیپ گندم در ۵ زیرجمعیت تقسیم‌بندی شدند. بای پلات ارایه شده در شکل ۲ نیز K بهینه برابر با پنج را تایید می‌کند. در این بای پلات محورا فقی شماره ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و محور عمودی سهم تعلق هر فرد به زیرجمعیت‌ها را نشان می‌دهد. در صورتی که در صد عضویت یک ژنوتیپ به یک گروه، بزرگتر یا مساوی ۰.۷ باشد ژنوتیپ به آن گروه نسبت داده می‌شود (Spataro et al. 2011). در نهایت ماتریس حاصل از این روش به عنوان ماتریس Q در تجزیه ارتباطی نشانگرها و صفات مورد استفاده قرار گرفت. در واقع ماتریس Q ماتریسی است که تعداد سطر آن برابر تعداد افراد جامعه و تعداد ستون آن برابر با زیرگروه‌های جامعه است و به عنوان کوواریت در نقشه‌یابی ارتباطی وارد مدل می‌شود. این ماتریس شباهت نسبی ژنوتیپ‌ها در زیرجمعیت‌ها را مشخص می‌کند و میزان احتمالی که هر فرد

می‌تواند به هر زیر جامعه نسبت داده شود را بیان کند و بدین صورت از ایجاد رابطه دروغین بین صفات و نشانگرها جلوگیری می‌کند.



شکل ۱. منحنی آنترپی متقابل برای تعداد زیر جمعیت $K=1-10$. تعداد بهینه زیر جمعیت $K=5$ است

Figure 1. Cross-entropy curve for the number of sub-populations $K = 1-10$. The optimal number of subpopulations is $K=5$

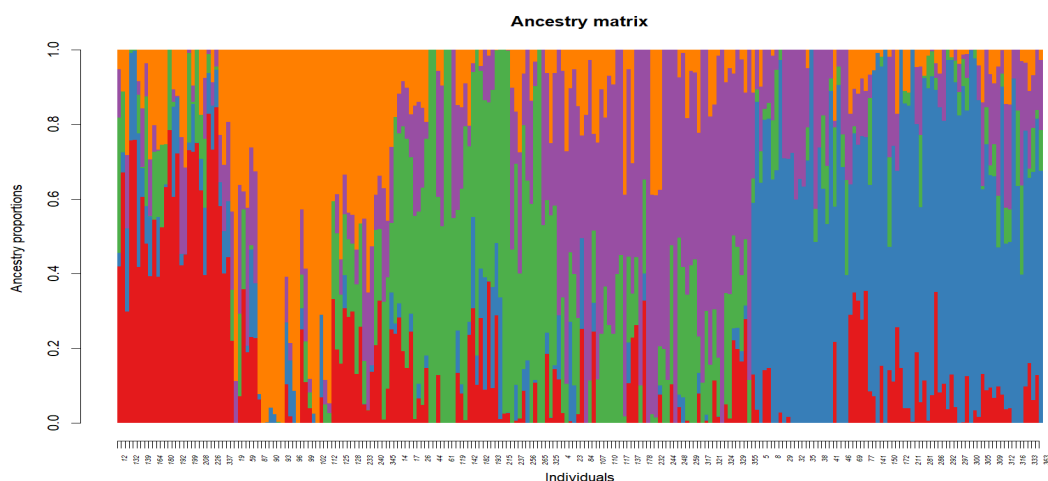
بر اساس بای پلات ارائه شده در شکل ۲، در جمعیت مورد مطالعه هیچ زیرگروه واضحی بر اساس منشا جغرافیایی مشاهده نشد. بنابراین نتیجه می‌گیریم که منشاء جغرافیایی، شاخص قابل استفاده تشابه یا تنوع ژنتیکی در این جمعیت نیست. بنابراین برای رویکردهای اصلاحی، استفاده از آنالیزهای مولکولی برای شناسایی ژنوتیپ‌های نسبتاً متنوع یا استفاده از داده‌های موجود در بانک ژن برای شناسایی ارقام با ویژگی‌های مورد نظر ضروری است.

نقشه‌یابی ارتباطی: شناخت اساس ژنتیکی صفات پیچیده در گیاهان پلی‌پلوئیدی مانند گندم، فرصتی برای اصلاح

مقاومت به خشکی فراهم می‌کند. پوشش کل ژنوم با هدف یافتن محتمل‌ترین نقاط ژنومی کنترل کننده صفات کمی یکی از استراتژی‌های کارآمد برای تحلیل مولکولی صفات دارای مکانیسم توارثی پیچیده است. در این مطالعه نقشه‌یابی ارتباطی با استفاده از مدل GLM برای شرایط تنش خشکی انجام شد. نتایج مربوط به نقشه‌یابی ارتباطی در جدول ۳ آورده شده است. در مجموع ۱۳۲ ارتباط نشانگر-صفت^۲ (MTA) شناسایی شدند. برای صفت کربن دی اکسید، چهار MTA بر روی کروموزوم‌های 4A و 5A شناسایی شدند، که در مجموع ۲۴ درصد از تغییرات فنوتیپی مربوط به این صفت را توجیه کردند. برای سرعت فتوسنتز دو MTA بر روی کروموزوم 7A و برای محتوای کلروفیل چهار MTA شناسایی شد که بر روی کروموزوم‌های 1B و 1D قرار داشتند. در

^۲ Marker-trait association

پژوهشی دیگر Peleg et al. (2011) نیز ارتباط معنی‌داری بین نشانگر و محتوای کلروفیل بر روی کروموزوم‌های 2B، 4A، 5A و 7B گزارش کرده‌اند.



شکل ۲. بای‌پلات ترسیم شده توسط نرم‌افزار R بر اساس ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP. هر رنگ نشان‌دهنده یک زیرجمعیت است. محور افقی شماره ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و محور عمودی سهم تعلق هر فرد به زیرجمعیت‌ها را نشان می‌دهد

Figure 2. Biplot drawn by R software based on 17093 SNP markers. Each color represents a subpopulation. The horizontal axis shows the number of studied genotypes and the vertical axis shows the contribution of each individual to the subpopulations

برای صفت روز تا سنبله‌دهی ۲۷ SNP شناسایی شد که بر روی کروموزوم‌های مختلف قرار داشتند. بیشترین ضریب تبیین نشانگر مربوط به نشانگرهای Ra_c3533_880 و wsnp_Ex_c8510_14306239 بود. بر اساس مدل GLM ۲۳ نشانگر ارتباط بسیار معنی‌داری را با صفت روز تا رسیدگی نشان دادند. بیشترین ضریب تبیین نشانگر مربوط به نشانگر wsnp_RFL_Contig2805_2579582 بود. واتسون (Watson 1952) گزارش کرد که اندازه برگ تعیین‌کننده مهم تفاوت در میزان وزن خشک است و افزایش اندازه سطح برگ پرچم می‌تواند یکی از اهداف مهم برنامه‌های اصلاح نباتات باشد. سلیم و همکاران (Saleem et al. 2006) با مطالعه ۲۲ رقم و لاین گندم، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه و سطح برگ پرچم مشاهده کردند. در این مطالعه، برای طول و عرض برگ پرچم به ترتیب ۸ و ۵ SNP معنی‌دار شناسایی شدند. این SNP‌ها در مجموع، به ترتیب ۵۷ و ۳۰ درصد از تغییرات فنوتیپی مربوط به طول و عرض برگ پرچم را توجیه کردند. ارتباط معنی‌دار نشانگر با صفت برای طول برگ پرچم بر روی کروموزوم‌های مختلف توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (Bhatta et al. 2018).

در مطالعه انجام شده توسط Mohammadi et al. (2016) برای طول برگ پرچم در شرایط دیم، چهار QTL مکان‌یابی شد. هر چهار QTL دارای اثر افزایشی مثبت بوده و در کل ۸/۳۹ درصد از تغییرات فنوتیپی طول برگ پرچم در شرایط تنش خشکی را تبیین کردند. ارتفاع بوته و طول سنبله از صفات مهم برای بهبود عملکرد دانه گندم و سازگاری با محیط هستند. بنابراین شناسایی جایگاه‌های ژنتیکی کنترل کننده این صفات برای بهبود عملکرد ضروری است (Zhang et al. 2021). در گندم نان، پاکوتاهی از طریق معرفی ژن‌های مربوط به پاکوتاهی (*Rht*) حاصل شده است. نشان داده شده است که هر ۲۱ کروموزوم گندم حامل عوامل موثر بر ارتفاع بوته هستند (Cui et al. 2011). تا به امروز، بیست و پنج ژن *Rht* (*Rht1-Rht25*) شامل *Rht1* (*Rht-B1*)، *Rht3* (*Rht-B1c*)، *Rht11* و *Rht17* واقع بر روی کروموزوم 4BS و *Rht2* (*Rht-D1*) و *Rht10* (*Rht-D1c*) واقع بر روی کروموزوم 4DS گزارش شده است. *Rht4*، *Rht5*، *Rht6*، *Rht7* and *Rht8* به ترتیب بر روی کروموزوم‌های 3BS، 2BL، 4D، 2AS و 2DS واقع شده‌اند. *Rht9* و *Rht13* بر روی کروموزوم 7BS واقع شده‌اند، در حالی که *Rht12*، *Rht22*، *Rht23* و *Rht24* به ترتیب به کروموزوم‌های 5AL، 7AS، 5AL و 6AL مکان‌یابی شده‌اند. *Rht14*، *Rht16*، *Rht18* و *Rht25* به کروموزوم 6AS قرار دارند (Zhang et al. 2021; Chen et al. 2015). در مطالعه حاضر ۲۴ MTA بر روی کروموزوم‌های 2B، 2D، 3B، 4A، 5A، 7A و 7B شناسایی شدند. در پژوهشی Guan et al. (2018) ۱۷ QTL پایدار برای ارتفاع بوته واقع در کروموزوم‌های 1B، 2D، 3A، 4B، 4D، 5A، 6A، 6D، 7A و 7B گزارش کردند. سه PH QTL را در کروموزوم 7A، دو عدد در 7B، و هر کدام در 1A، 2B، 2D، 4D و 5D شناسایی کردند (Cui et al. 2011). افزایش عملکرد دانه عمدتاً بر اساس افزایش تعداد دانه در واحد سطح است (Voss-Fels et al. 2019). بنابراین، شناسایی ژن‌های مربوط به تعداد و وزن دانه برای تسریع افزایش ژنتیکی عملکرد دانه گندم مهم است. برای گندم نان، چندین QTL مرتبط با مورفولوژی دانه به ترتیب بر روی کروموزوم‌های 1A، 2D، 4A، 4B و 5B گزارش شده است (Schierenbeck et al. 2021). در این مطالعه هشت MTA برای وزن دانه بر روی کروموزوم‌های 4B، 5B، 6B و 7A شناسایی شد. بیشترین تعداد SNP بر روی کروموزوم 6B قرار داشتند که ناحیه‌ای را در فاصله ۴۸۱-۵۱۹ مگا جفت باز پوشش دادند. برای تعداد دانه در واحد سطح نیز ۱۲ MTA بر روی کروموزوم‌های 3B، 4A، 5A، 6A و 6B مکان‌یابی شدند. که بیشترین تعداد SNP در فاصله ۴۹۲-۵۶۱ مگا جفت باز و بر روی کروموزوم 6B قرار داشتند. این ناحیه از کروموزوم 6B با ناحیه شناسایی شده برای وزن دانه در بوته هم‌پوشانی داشت. که نشان‌دهنده اهمیت این ناحیه از ژنوم گندم در بهبود عملکرد گندم نان می‌باشد و از نشانگرهای مجاور می‌توان در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر استفاده کرد. برای عملکرد بیولوژیک ۵ SNP در مجموع ۳۰ درصد از تغییرات مربوط به این صفت را توجیه کردند. ۹ SNP معنی‌دار برای عملکرد دانه شناسایی شد از این بین، چهار SNP شامل *w SNP_Ex_c14101_22012676* در فاصله ۴۹۲ مگا جفت باز و *Kukri_c5744_92* در فاصله ۵۱۸ مگا جفت باز بر روی کروموزوم 6B، ارتباط معنی‌داری به ترتیب با صفات تعداد دانه در واحد سطح و وزن دانه در بوته نیز داشتند که نشان‌دهنده اثر پلیوتروپیک این SNP‌ها برای این صفات می‌باشد.

جدول ۳. نشانگرهای SNP شناسایی شده برای صفات زراعی-فیزیولوژی در گندم با استفاده از مدل GLM

Table 3. SNP loci identified for agro-physiological traits in wheat by GLM model

صفت Trait	نشانگر Marker	کروموزوم Chr	فاصله فیزیکی Pos (Mbp)	سطح معنی داری p-value	ضریب تیین R ² (%)
کربن دی اکسید CO ₂	w SNP_Ex_c24474_33721784	4A	612	0.000126	6.12
	w SNP_Ku_c3237_6024936	4A	612	0.000126	6.12
سرعت فتوسنتز Rate of photosynthesis	Ex_c4208_839	5A	573	5.10E-05	6.78
	Excalibur_c12395_467	5B	625	0.000195	5.76
	RAC875_c55351_223	7A	5.08	1.94E-05	7.14
محتوای کلروفیل Chlorophyll content	GENE-4606_1208	7A	14.82	1.38E-05	7.45
	BS00060686_51	1B	675	4.20E-05	6.41
روزتا سنبله‌دهی Days to heading	BobWhite_c34125_183	1B	676	0.000118	5.67
	BS00063302_51	1B	677	0.000116	5.69
	BS00093275_51	1D	486	0.00012	5.68
	Excalibur_c11437_75	2A	276	7.06E-05	3.50
	RAC875_c18698_550	2A	342	7.06E-05	3.50
	TA003865-0902	2B	20.08	0.000193	3.11
	Tdurum_contig82821_324	2B	106	8.85E-05	3.41
	JD_c63957_1176	2D	20.77	6.91E-05	3.51
	tp1b0053n05_793	2D	22.45	4.93E-05	3.64
	tp1b0057n10_689	2D	22.45	2.28E-05	3.98
	BS00022276_51	2D	29.45	4.43E-05	3.74
	BobWhite_rep_c53007_100	3B	720	0.000141	3.26
	Tdurum_contig21756_137	3B	721	7.88E-05	3.45
	BobWhite_c40244_73	3B	723	0.000126	3.26
	GENE-1511_622	3B	725	0.000139	3.22
	Ku_c1575_338	3B	726	0.000137	3.23
	IAAV8659	3B	826	0.000193	3.10
	Kukri_c17430_972	5A	468	0.000177	3.13
	Excalibur_c46261_342	5A	698	0.00019	3.10
	Tdurum_contig42069_846	5B	639	6.12E-06	4.49
روزتا رسیدگی Days to maturity	w SNP_Ex_c8510_14306239	6A	596	1.75E-06	4.99
	BS00010093_51	6B	205	0.000119	3.29
	Kukri_rep_c105243_341	6B	455	0.000104	3.34
	TA005016-0827	6B	460	0.000152	3.19
	Ex_c7086_154	6D	461	4.03E-05	3.72
	Kukri_c34147_152	7A	690	0.000114	3.30
	Excalibur_c61603_1209	7A	701	2.31E-05	3.96
	w SNP_RFL_Contig2805_2579582	7A	702	7.52E-05	3.47
	Kukri_c55780_296	7B	706	8.36E-05	3.43
	w SNP_JD_c17128_16056425	7B	707	7.60E-05	3.47
	RAC875_c14316_584	2B	613	2.21E-05	4.82
	Kukri_rep_c112754_101	2B	664	0.000132	3.94
BS00083329_51	2B	782	8.45E-05	4.17	

Table3. Continued

صفت Trait	نشانهگر Marker	کروموزوم Chr	فاصله فیزیکی Pos (Mbp)	سطح معنی داری p-value	ضریب تبیین R ² (%)	
روزتا رسیدگی	RFL_Contig5277_1141	2D	646	0.000176	3.82	
Days to maturity	BS00064077_51	3B	17.08	0.000154	3.82	
	BS00045330_51	3B	474	0.00014	3.91	
	Tdurum_contig21756_137	3B	721	0.000128	3.96	
	IAAV8659	3B	826	2.79E-05	4.74	
	BS00084070_51	4B	35.51	0.000178	3.79	
	BS00021971_51	5B	552	0.000161	3.84	
	wsnp_Ex_c44737_50715462	5B	553	0.000112	4.02	
	BobWhite_c3995_536	5B	554	0.000151	3.88	
	Excalibur_c3165_730	5B	585	4.32E-05	4.49	
	BS00041481_51	6A	177	0.000161	3.84	
	IAAV1346	6A	199	0.000161	3.84	
	Tdurum_contig11700_1247	6B	136	4.50E-05	4.47	
	BS00011624_51	6B	164	0.000162	3.84	
	Kukri_c34147_152	7A	690	3.42E-05	4.60	
	wsnp_RFL_Contig2805_2579582	7A	702	1.11E-06	6.27	
	Tdurum_contig46877_262	7B	47.00	9.77E-05	4.10	
	D_GB5Y7FA02IRT85_195	7D	163	0.00015	3.88	
	Ku_c24562_206	7D	164	5.84E-05	4.34	
	طول برگ پرچم Flag leaf length (cm)	BobWhite_c31163_694	2A	747	7.29E-05	6.44
		BS00000209_51	2A	747	9.56E-07	9.68
Kukri_c15615_254		2A	747	3.11E-06	8.78	
Kukri_c53501_305		2A	777	0.000124	6.09	
wsnp_Ex_c6400_11123059		2D	62.96	0.000192	5.73	
tplb0060h04_139		2D	617	3.11E-06	8.78	
Kukri_c7218_1145		3A	505	0.000169	5.81	
Kukri_c35405_256		5B	671	6.66E-05	6.50	
عرض برگ پرچم Flag leaf width (cm)	wsnp_RFL_Contig3522_3685860	2B	658	3.73E-05	6.39	
	RAC875_c58425_331	6B	8.78	2.42E-05	6.39	

Table3. Continued

صفت Trait	نشانهگر Marker	کروموزوم Chr	فاصله فیزیکی Pos (Mbp)	سطح معنی داری p-value	ضریب تبیین R ² (%)
	RAC875_rep_c77197_202	6B	8.78	1.25E-05	6.85
	wsnp_Ku_c24391_34351602	6B	9.00	4.59E-05	5.97
	IAAV64	6D	467	0.000197	5.01
ارتفاع بوته	BS00043099_51	2B	99.76	2.90E-05	5.72
Plant height (cm)	Excalibur_c43482_141	2B	100	2.90E-05	5.72
	Tdurum_contig81323_291	2B	104	8.23E-05	5.19
	tplb0053n05_793	2D	22.45	7.56E-05	5.14
	tplb0057n10_689	2D	22.45	5.58E-05	5.36
	Kukri_c11935_65	2D	78.38	1.06E-06	7.73
	BS00044720_51	2D	78.79	2.54E-05	5.87
	BS00067584_51	2D	79.42	1.10E-05	6.44
	BS00046890_51	2D	79.94	3.35E-05	5.47
	BS00062940_51	3B	64.70	2.40E-05	5.92
	BS00102622_51	3B	68.46	0.000182	4.62
	GENE-1587_448	3B	73.69	6.40E-05	5.24
	wsnp_Ex_c40250_47352047	3B	74.28	1.71E-06	7.50
	CAP8_c8016_120	3B	140	0.000182	4.65
	wsnp_Ex_c19994_29025586	3B	425	7.69E-05	5.13
	Tdurum_contig13140_69	4A	59.32	3.61E-05	5.61
	Kukri_c6199_1183	4A	60.35	2.13E-07	8.67
	wsnp_Ku_rep_c76865_75281903	4A	60.66	9.37E-08	9.15
	wsnp_Ex_c3620_6612231	5A	2.12	0.000195	4.60
	Excalibur_rep_c69282_651	5A	98.45	0.000178	4.63
	Kukri_c5757_530	7A	90.65	6.68E-05	5.22
	Kukri_c18055_1740	7A	737	0.000133	4.81
	BobWhite_c39364_231	7B	54.79	5.56E-06	6.70
	BobWhite_c4481_96	7B	58.25	8.43E-06	6.53
وزن دانه در بوته	BS00106142_51	4B	4.54	0.000142	5.07

Table3. Continued

صفت Trait	نشانهگر Marker	کروموزوم Chr	فاصله فیزیکی Pos (Mbp)	سطح معنی داری p-value	ضریب تیین R ² (%)
Grain weight in plant (g)	RFL_Contig2832_2410	5B	587	0.000195	4.73
	RFL_Contig6050_941	6B	481	0.000149	4.90
	wsnp_Ex_rep_c69660_68614071	6B	482	0.000149	4.90
	tplb0023n15_310	6B	485	0.000149	4.90
	wsnp_Ku_c5744_10166561	6B	518	6.32E-05	5.43
	Kukri_c5744_92	6B	518	6.32E-05	5.43
	GENE-4081_72	6B	519	6.32E-05	5.43
	BobWhite_rep_c49916_325	7A	25.11	3.01E-05	5.93
تعداد دانه در واحد سطح	Tdurum_contig43252_1407	3B	23.78	0.00012	5.50
Number of grains per unit area (m ²)	BobWhite_c19919_516	4A	601	9.86E-06	7.13
	Excalibur_c46261_342	5A	698	4.29E-05	6.14
	RAC875_c8642_231	5A	699	1.35E-05	6.92
	Kukri_c5325_2120	6A	374	7.59E-05	5.76
	Kukri_c57452_1040	6A	597	0.000101	5.57
	wsnp_Ex_rep_c101766_87073440	6A	597	0.000101	5.57
	IAAV109	6B	492	0.00019	5.14
	wsnp_Ex_c14101_22012676	6B	492	0.000149	5.35
	Kukri_c5744_92	6B	518	3.17E-05	6.35
	GENE-4081_72	6B	519	3.17E-05	6.35
	Kukri_c10661_480	6B	561	0.000179	5.22
عملکرد بیولوژیک	wsnp_CAP12_c1960_972031	1A	509	0.000189	5.74
Biological yield (t ha ⁻¹)	Tdurum_contig21114_255	1A	540	0.000133	6.00
	BobWhite_c22638_135	6B	497	8.57E-05	6.33
	wsnp_Ex_c7216_12390889	7A	521	3.37E-05	7.03
عملکرد اقتصادی	Tdurum_contig13946_241	1A	33.37	0.00015	5.12
Grain yield (t ha ⁻¹)	RAC875_rep_c111911_116	1A	35.93	0.000193	4.96
	BS00098033_51	2A	779	0.000135	5.19

Table3. Continued

صفت Trait	نشانگر Marker	کروموزوم Chr	فاصله فیزیکی Pos (Mbp)	سطح معنی داری p-value	ضریب تیین R ² (%)
	Tdurum_contig59953_282	3B	772	7.44E-06	7.05
	BobWhite_c19919_516	4A	601	3.02E-05	6.16
	BobWhite_c8266_227	5A	699	0.000161	5.06
	Tdurum_contig54787_384	5D	565	4.36E-05	5.92
	Kukri_c5325_2120	6A	374	0.000174	5.02
	wsnp_Ex_c14101_22012676	6B	492	0.000152	5.16
	Kukri_c5744_92	6B	518	0.000189	4.97

همچنین BobWhite_c19919_516 در فاصله ۶۰۱ مگاجفت باز بر روی کروموزوم 4A و Kukri_c5325_2120 در ناحیه ۳۷۴ مگا جفت باز بر روی کروموزوم 6A با صفت تعداد دانه در واحد سطح اثر پلیوتروپیک داشتند. این نتایج به طور بالقوه به اصلاح کنندگان در بهبود وزن دانه و تعداد دانه به منظور افزایش پتانسیل عملکرد گندم کمک می‌کند. همچنین اطلاعات پایه‌ای قوی برای مطالعات آینده با هدف نقشه‌یابی دقیق QTLها/ژن‌ها برای اصلاح به کمک نشانگرهای مولکولی در گندم فراهم می‌کند.

نتیجه‌گیری: تجزیه ساختار جمعیت با استفاده از ۲۳۸ ژنوتیپ گندم با شجره و منشأ جغرافیایی مختلف و تعداد ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در پنج زیرجمعیت تقسیم‌بندی کرد. با استفاده از تجزیه GWAS، در مجموع ۱۳۲ ارتباط معنی‌دار نشانگر-صفت برای صفات مختلف زراعی و فیزیولوژی در گندم نان شناسایی شدند. نشانگرهای شناسایی شده برای این صفات را می‌توان در انتخاب به کمک نشانگر به منظور بهبود عملکرد در گندم نان تحت شرایط تنش خشکی استفاده کرد. چهار نشانگر با اثر پلیوتروپیک برای تعداد دانه در واحد سطح، وزن دانه در بوته و عملکرد دانه شناسایی شدند که انتخاب همزمان برای این صفات را امکان‌پذیر می‌کند.

سپاسگزاری: از پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی دانشگاه شهید باهنر کرمان به علت همکاری و مساعدت و تامین مالی این پروژه نهایت تشکر و سپاسگزاری را داریم.

منابع

محمدی یوسف، محمدی سید ابوالقاسم، مقدم محمد، روستایی مظفر (۱۳۹۵) شناسایی نشانگرهای مولکولی پیوسته با ژنهای کنترل کننده عملکرد دانه، طول و عرض برگ پرچم و برگ دوم در گندم نان در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی. فصلنامه تحقیقات غلات ۶، ۲۸۲-۲۷۱.

References

- Bhatta M, Morgounov A, Belamkar V, Baenziger PS (2018) Genome-wide association study reveals novel genomic regions for grain yield and yield-related traits in drought-stressed synthetic hexaploid wheat. *Int J Mol Sci* 19, 3011.
- Cattivelli L, Reza F, Badeck FW et al. (2008) Drought tolerance improvement in crop plants: An integrated view from breeding to genomics. *Field Crops Res* 105, 1-14.
- Chen S, Gao R, Wang H et al. (2015) Characterization of a novel reduced height gene (*Rht23*) regulating panicle morphology and plant architecture in bread wheat. *Euphytica*, 203, 583-594.
- Cockram J, White J, Zuluaga DL et al. (2010) Genome-wide association mapping to candidate polymorphism resolution in the unsequenced barley genome. *Proc Natl Acad Sci* 107, 21611-21616.
- Cui F, Li J, Ding A et al. (2011) Conditional QTL mapping for plant height with respect to the length of the spike and internode in two mapping populations of wheat. *Theor Appl Genet* 122, 1517-1536.
- Edae EA, Byrne PF, Haley SD et al. (2014) Genome-wide association mapping of yield and yield components of spring wheat under contrasting moisture regimes. *Theor Appl Genet* 127,791-807.
- Food and Agriculture Organization (2016) FAOSTAT database. <http://faostat.fao.org/beta/en/>.
- François O (2016) Running structure-like population genetic analyses with R. R tutorials in population genetics, U. Grenoble-Alpes, 1, 1-9.
- Garris AJ, Tai TH, Coburn J, Kresovich S, McCouch S (2005) Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169, 1631-1638.
- Guan P, Lu L, Jia L et al. (2018) Global QTL analysis identifies genomic regions on chromosomes 4A and 4B harboring stable loci for yield-related traits across different environments in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Front Plant Sci* 9, 529.
- Gupta PK, Balyan HS, Gahlaut V (2017) QTL analysis for drought tolerance in wheat: present status and future possibilities. *J Agron* 7, e5.
- Lesk C, Rowhani P, Ramankutty N (2016) Influence of extreme weather disasters on global crop production. *Nature* 529, 84–87.
- Li J, Ji L (2005) Adjusting multiple testing in multilocus analyses using the eigenvalues of a correlation matrix. *Heredity* 95, 221-7.
- Liang C, Ge Y, Su L. Bu J (2015) Response of plasma membrane H⁺-ATPase in rice (*Oryza sativa*) seedlings to simulated acid rain *Environ. Sci Pollut Res* 22, 535-545.

- Maulana F, Ayalew H, Anderson JD et al. (2018) Genome-Wide Association Mapping of Seedling Heat Tolerance in Winter Wheat. *Front Plant Sci* 9, 1272.
- Mohammadi Y, Mohammadi SA, Moghaddam M, Rostaei M (2016) Identification of molecular markers linked to the genes controlling width and length flag and second leaves and grain yield in bread wheat under rainfed and supplementary irrigation conditions. *Cereal Res* 6, 271-282 (In persian).
- Peleg Z, Blumwald E (2011) Hormone balance and abiotic stress tolerance in crop plants. *Curr Opin Plant Biol* 14, 290-295.
- Rajaram S (2010) Challenges in wheat research and development. *The International Dimension of the American Society of Agronomy: Past and Future* 1:39-47.
- Rousset M, Bonnin I, Remoué C et al. (2011) Deciphering the genetics of flowering time by an association study on candidate genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet* 123, 907-926
- Saleem U, Khaliq I, Mahmood T, Rafique M (2006) Phenotypic and genotypic correlation coefficients between yield and yield components in wheat. *J Agric Res* 44, 1-6.
- Schierenbeck M, Alqudah AM, Lohwasser U et al. (2021) Genetic dissection of grain architecture-related traits in a winter wheat population. *BMC Plant Biol* 21, 1-4.
- Spataro G, Tiranti B, Arcaleni P et al. (2011) Genetic diversity and structure of a worldwide collection of *Phaseolus coccineus* L *Theor Appl Genet* 122, 1281-1291.
- Sukumaran S, Dreisigacker S, Lopes M et al. (2015) Genome-wide association study for grain yield and related traits in an elite spring wheat population grown in temperate irrigated environments. *Theor Appl Genet* 128, 353–363.
- Voss-Fels KP, Keeble-Gagnère G, Hickey LT et al. (2019) High-resolution mapping of rachis nodes per rachis, a critical determinant of grain yield components in wheat. *Theor Appl Genet* 132, 2707–19
- Watson DJ (1952) The physiological basis of variation in yield. *Adv Agron* 4, 101-145.
- Zeng ZB (1993) Theoretical basis for separation multiple linked gene effects in mapping of quantitative trait loci. *Proc Natl Acad Sci USA* 90, 10972-10976.
- Zhang Y, Liu H, Yan G (2021) Characterization of near-isogenic lines confirmed QTL and revealed candidate genes for plant height and yield-related traits in common wheat. *Mol Breed* 41, 1-17.