

نسخه پذیرفته شده پیش از انتشار

DOI: [10.22055/ppd.2025.47977.2208](https://doi.org/10.22055/ppd.2025.47977.2208)

Association mapping and gene ontology related to germination traits under normal conditions and salt stress in some bread wheat cultivars

Ronak Talebi Qormik¹, Hadi Alipour^{2*}, Reza Darvishzadeh³

1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

2- ***Corresponding Author:** Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran. (Email: ha.alipour@urmia.ac.ir)

3- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

Abstract

Introduction: Association mapping is used for many plants, including crop plants, with the aim of identifying the locus of quantitative traits. Abiotic stress including salinity stress is one of the main challenges facing agriculture, which can affect the final yield of the product, especially in the critical stages of growth, including the germination stage. Stress can affect the growth rate in different stages of growth and in more severe cases it can destroy the plant. Therefore, introducing and creating stress-tolerant plants, especially salinity stress, along with the use of other methods, can be somewhat helpful in dealing with the reduction of agricultural products.

Materials and Methods: In the current research, 64 varieties of bread wheat have been investigated in three different conditions including normal, 60 mM salt stress and 120 mM salt stress, with two repetitions in the form of a simple lattice design in the crop year 2021, in the Genetics laboratory of the Faculty of Agriculture of Urmia University and sodium chloride (NaCl) was used to create salinity. In this study, the traits of seedling length, shoot length, root length, ratio of shoot length to root length, seedling fresh weight, seedling dry weight, germination percentage, germination index, germination speed, average germination speed, average germination time, germination energy, seed vigor, relative germination index, relative germination speed and relative germination energy were studied. Also, 36361 SNP markers were used to identify gene locations controlling germination traits. TASSEL 5.0 software was used to association mapping of studied traits. For this purpose, the mixed linear model (MLM) method using PCA and Kinship matrices was used. Manhattan plots and LD plots were drawn using R studio 4.1.1 software.

Results and Discussion: In the present study, 330, 153, and 116 MTAs were identified for normal conditions, 60 mM salinity stress conditions, and 120 mM salinity stress conditions, respectively. Meanwhile, in normal conditions, 43 important markers in chromosomes 1B and 7B were related to germination indices. In the condition of 60 mM salinity stress, the number of 32 important markers in chromosomes 1B, 2B, 6A, 5A and 6B and in the condition of 120 mM salinity stress, the number of 14 important markers in chromosomes 1B, 3A and 3B were related to the control of plant traits. The sequence of all the significant markers in Ensembl plant database was checked. Examination of the sequences showed that MTAs are involved in important biological and molecular processes such as signal transduction, signaling pathways of kinase presentation, defense response, response to biological stimuli, hydrolase metabolism, polysaccharide binding, etc. In the condition of 60 mM salinity stress, an important pathway including the metabolism of proline, arginine, beta-alanine, and in the condition of 120 mM salinity stress, the ABC transporter pathway was identified.

Conclusion: The MTAs and known pathways based on the results of this study are very important, and after confirming the results in biparental populations and performing additional tests, these findings can be used in marker-assisted breeding and selection programs for wheat plants.

Keywords: Association mapping, Germination stage, Single nucleotide polymorphisms, Wheat

نقشه‌یابی ارتباطی و هستی‌شناسی ژن‌های مرتبط با صفات جوانه‌زنی تحت شرایط نرمال و تنش شوری در برخی ارقام زراعی گندم نان

روناک طالبی قورمیک^۱، هادی علی‌پور^{۲*}، رضا درویش‌زاده^۳

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه
۲- *نویسنده مسئول: دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه
(ایمیل: ha.alipour@urmia.ac.ir)

۳- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

چکیده

نقشه‌یابی ارتباطی در بسیاری از گیاهان از جمله گیاهان زراعی با هدف شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی مورد استفاده قرار می‌گیرد. تنش‌های غیرزیستی از جمله تنش شوری یکی از چالش‌های اصلی پیشروی فعالیت‌های کشاورزی بوده که بخصوص در مراحل حساس رشد از جمله مرحله جوانه‌زنی می‌تواند عملکرد نهایی محصول را تحت تاثیر قرار دهد. در پژوهش حاضر واکنش ۶۴ رقم گندم نان از لحاظ صفات طول گیاهچه، طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه، نسبت طول ساقه‌چه به طول ریشه‌چه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه، درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی، میانگین سرعت جوانه‌زنی، میانگین زمان جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی، بیه‌بذر، شاخص جوانه‌زنی نسبی، سرعت جوانه‌زنی نسبی و انرژی جوانه‌زنی نسبی در سه شرایط نرمال، تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار و تنش شوری ۱۲۰ میلی‌مولار، با دو تکرار در قالب طرح لاتیس ساده در سال زراعی ۱۴۰۰، در آزمایشگاه ژنتیک دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه بررسی شد. به منظور شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات مرتبط با جوانه‌زنی، از ۳۶۳۶۱ نشانگر SNP استفاده شد. نقشه‌یابی ارتباطی صفات مورد مطالعه با نرم‌افزار TASSEL 5.0 انجام گرفت. در پژوهش حاضر تعداد ۳۳۰، ۱۵۳ و ۱۱۶ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار به ترتیب در شرایط نرمال، تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار و تنش شوری ۱۲۰ میلی‌مولار شناسایی شد. در این بین در شرایط نرمال ۴۳ نشانگر مهم مرتبط با شاخص‌های جوانه‌زنی در کروموزم‌های 1B و 7B شناسایی شد. در شرایط تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار و ۱۲۰ میلی‌مولار به ترتیب تعداد ۳۲ و ۱۴ نشانگر مهم مرتبط با کنترل صفات گیاهچه در کروموزم‌های 1B، 2B، 6A، 5A و 6B و کروموزم‌های 1B، 3A و 3B شناسایی شد. تطابق توالی مربوط به همه نشانگرهای معنی‌دار در مقابل ژنوم رفرنس گندم در پایگاه داده Ensembl Plants مورد بررسی قرار گرفت. بررسی توالی‌ها نشان داد که ارتباط‌های نشانگر-صفت شناسایی شده در فرآیندهای بیولوژیکی و مولکولی مهمی از جمله انتقال سیگنال، مسیرهای سینگالینگ پروتئین کیناز، پاسخ دفاعی، پاسخ به محرک‌های زیستی، متابولیسم هیدرولاز، اتصال پلی

ساکارید نقش دارند. در شرایط تنش شوری ۶۰ میلی مولار مسیرهای مهمی از جمله متابولیسم پرولین، آرژنین، بتا آلانین و در شرایط تنش شوری ۱۲۰ میلی مولار مسیر انتقال دهنده ABC شناسایی شدند. ارتباطات نشانگر-صفت و مسیرهای شناخته شده براساس نتایج این مطالعه بسیار حائز اهمیت بوده و می توان پس از تایید نتایج در جمعیت های دو والدی و انجام آزمایشات تکمیلی، در برنامه های به نژادی و گزینش به کمک نشانگر گیاه گندم این نتایج را مورد استفاده قرار داد.

کلید واژه ها: گندم، مرحله جوانه زنی، نقشه یابی ارتباطی، چندشکلی های تک نوکلوتیدی

نسخه پیش از انتشار

مختلف، نوع بافت و اندام گیاهی تغییر می‌کند (Hussain and Rehman, 1997). باتوجه به اینکه هدف نهایی به‌نژادگران، عملکرد دانه می‌باشد، توجه کمتری به درک ساختار ژنتیکی تحمل به تنش در مراحل ابتدایی رشد شده و این امر منجر به داشتن اطلاعاتی محدود و درک ضعیف‌تر در این مراحل نسبت به مراحل پایانی رشد شده است (Hasseb et al., 2022). مرحله جوانه‌زنی از حساس‌ترین مراحل رشدی گیاه نسبت به تنش‌های مختلف از جمله تنش شوری می‌باشد (Dowlat Abadi et al., 2019). مشخص شده درصد و سرعت جوانه‌زنی بذر، با افزایش غلظت شوری کاهش می‌یابد. مطالعات بر روی گیاهان زراعی مختلف مشخص نموده که صفاتی مانند طول ساقچه و ریشه‌چه، وزن خشک این اندام‌ها و همچنین نسبت ساقه به ریشه، با افزایش میزان شوری به‌طور معناداری کاهش می‌یابد. همچنین ساقه نسبت به ریشه حساسیت بیشتری به شوری دارد (Namvar et al., 2018). از طرف دیگر سمیت یونی ناشی از تنش شوری جوانه‌زنی بذر را به تاخیر انداخته یا از آن جلوگیری می‌نماید و در نهایت منجر به محدود شدن رشد گیاه می‌شود (Hasseb et al., 2022). باتوجه به سرعت افزایش جمعیت و نیاز به تولید غذای بیشتر، نیاز به افزایش تحمل به شوری احساس می‌شود (Munns and Giliham, 2015).

به دلیل طاقت‌فرسا بودن گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به شوری از طریق صفات مورفولوژیک، استفاده از روش‌های مولکولی مانند گزینش به کمک نشانگر (MAS)¹ می‌تواند به عنوان یک جایگزین مناسب در نظر گرفته شود (Hasseb et al., 2022). مکان‌های ژنی صفات مهم اقتصادی در بسیاری از گیاهان زراعی گزارش شده‌اند. چندین QTL² مرتبط با تحمل به

گندم نان اصلی‌ترین منبع تامین غذای انسان بوده که در سطح وسیع مورد کشت و کار قرار می‌گیرد (Alotaibi et al., 2021). گندم دارای گونه‌های بسیاری است، اما ۹۰ درصد سطح زیر کشت و ۹۴ درصد میزان تولید آن مربوط به گونه *Triticum aestivum* L. می‌باشد (Rahmani et al., 2021). این غله مهم عملکردی معادل ۷۰۰ میلیون تن در جهان داشته اما تحت تاثیر عوامل محیطی مختلف، میزان عملکرد آن کاهش قابل توجهی نشان می‌دهد (Singh et al., 2020).

شوری را می‌توان یکی از اصلی‌ترین چالش‌های حوزه کشاورزی بشمار آورد که با توجه به تغییرات اقلیمی خسارات آن در حال افزایش است (Makarjian et al., 2021). افزایش تجمع نمک در خاک، بر جذب آب توسط ریشه‌ها تاثیر منفی گذاشته و اثر نامطلوبی بر روی باز و بسته شدن روزنه‌ها دارد (Habibi et al., 2014). گیاهان در مراحل ابتدایی رشد حساسیت بیشتری نسبت به شوری نشان می‌دهند که این امر به علت تاثیر منفی تنش شوری بر روی زیست‌توده گیاه بیان شده که در ادامه عملکرد نهایی گیاه را تحت تاثیر قرار می‌دهد (Chaurasia et al., 2020). شوری اثر منفی بر روی میزان رشد و توسعه برگ‌ها داشته و منجر به کاهش فتوسنتز و در نهایت عملکرد گیاه می‌شود (Rahnama et al., 2014). آسیب‌پذیری برگ‌ها در مقابل تنش شوری، نسبت به ریشه‌ها بیشتر است (Razaghi et al., 2022). همچنین افزایش میزان شوری در ادامه مراحل رشد تاثیر منفی بر پنجه‌زنی نیز داشته و در نهایت عملکرد محصول را کاهش می‌دهد (Liu et al., 2018). تنش شوری می‌تواند منجر به کاهش ۴۰ درصدی عملکرد گندم شود (Singh et al., 2020). اثرات منفی تنش شوری محدود به یک مرحله رشدی در گیاه نبوده و تحت تاثیر عواملی چون شدت تنش، نوع تنش، میزان مقاومت گیاه، مراحل رشدی

¹ Marker-Assisted Selection

² Quantitative Trait Loci

شوری در گیاهان مختلف از جمله برنج، جو و گندم شناسایی شده است (Ma et al. 2006; Xue et al., 2009; Rajendran et al., 2009). گیاه گندم از جمله گیاهانی است که هم در مرحله رشد رویشی و هم زایشی مورد مطالعه قرار گرفته است (Chaurasia et al., 2021; Alotaibi et al., 2021; Ma et al., 2021). به ترتیب ۴۷ و ۳۷ QTL برای تحمل به تنش شوری در مرحله جوانه‌زنی و مرحله گیاهچه در گندم شناسایی کردند. Hasseb و همکاران (2022) با مطالعه بر روی ۱۷۶ ژنوتیپ گندم بهاره در مرحله جوانه‌زنی و استقرار گیاهچه، با استفاده از ۶۸۸۳ نشانگر SNP^۳، تعداد ۱۳۷ نشانگر معنی‌دار در شرایط نرمال و ۲۳ نشانگر معنی‌دار تحت شرایط تنش شوری ۱۷۵ میلی‌مولار شناسایی کردند. در مطالعه دیگری بر روی ۳۲۳ نمونه گندم زمستانه توده‌های بومی شمال، لاین‌های پیشرفته و گونه‌های مدرن و ۱۵۰ لاین دابل هاپلوئید گندم در دو مرحله جوانه‌زنی و گیاهچه‌ای، تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری، ۲۶۹ مکان برای صفات مرتبط با پاسخ به تنش شوری یا شاخص‌های تحمل به تنش شناسایی شد که شامل ۷۶ SNP معنی‌دار در شرایط نرمال و ۸۸ SNP معنی‌دار در شرایط تنش شوری بود (Li et al., 2020). در این مطالعه به منظور شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده و تعیین هستی‌شناسی ژن‌های مرتبط با صفات گیاهچه‌ای و شاخص‌های جوانه‌زنی ارقام گندم نان، از ۳۶۳۶۱ نشانگر SNP استفاده شد.

مواد و روش‌ها

ارزیابی فنوتیپی: تعداد ۶۴ رقم گندم نان تحت سه شرایط نرمال، تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار و ۱۲۰ میلی‌مولار در قالب طرح لاتیس ساده در سال ۱۴۰۰، در آزمایشگاه ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه ارزیابی شدند. شجره ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این مطالعه در جدول تکمیلی ۱ ارائه شده است. به منظور

اجرای آزمایش، ابتدا تعداد ۲۵ بذر از هر ژنوتیپ، با استفاده از هیپوکلرید سدیم ضدعفونی و سپس بذور هر ژنوتیپ در داخل پتری‌دیش روی کاغذ صافی قرار داده شدند. برای سطح نرمال از آب مقطر استفاده شد. محلول شوری با حل کردن مقدار مشخصی سدیم کلرید و اندازه‌گیری با استفاده از دستگاه EC متر برای هر دو سطح تنش شوری ۶۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار تهیه گردید. سپس به مقدار ۸ میلی‌لیتر به هر یک از پتری‌دیش‌ها اضافه گردید. در ادامه پتری‌دیش‌ها به داخل ژرمیناتور با درجه حرارت ۲۵ درجه سلسیوس با تناوب نوری ۱۶ ساعت روشنایی و ۸ ساعت تاریکی انتقال داده شدند. شمارش بذور جوانه زده به مدت یک هفته، به صورت روزانه در ساعت مشخصی انجام گرفت. در پایان آزمایش صفات طول گیاهچه (PL, cm)، طول ساقچه (SL, cm)، طول ریشه‌چه (RL, cm)، نسبت طول ساقچه به طول ریشه‌چه (SL/RL) وزن تر گیاهچه (WW, gr)، وزن خشک گیاهچه (DW, gr)، درصد جوانه‌زنی (%G)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، سرعت جوانه‌زنی (GR)، انرژی جوانه‌زنی (GE)، بینه بذر (SV)، شاخص جوانه‌زنی نسبی (RGI)، سرعت جوانه‌زنی نسبی (RGR) و انرژی جوانه‌زنی نسبی (RGE)، اندازه‌گیری شدند. به منظور اندازه‌گیری وزن خشک، نمونه‌ها ۲۴ ساعت در آون با دمای ۷۰ درجه سلسیوس قرار داده شدند.

ارزیابی ژنوتیپی: برای ارزیابی‌های ژنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از داده‌های مطالعه Alipour و همکاران (2017) در دانشگاه ایالتی کانزاس آمریکا استفاده شد. باتوجه به متفاوت بودن تعداد نمونه‌های مورد مطالعه با مطالعه اولیه، دوباره برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی، فراخوانی SNPها با استفاده از UNEAK (Universal Network Enabled Analysis Kit) (Lu et al., 2013) GBS pipeline، که بخشی از بسته بیوانفورماتیکی TASSEL 4.0 است، انجام شد (Bradbury et al., 2007). در ادامه SNPهایی با

³ Single-Nucleotide Polymorphism

هتروزیگوسیتی بیشتر از ۱۰ درصد، داده گمشده بیشتر از ۲۰ درصد و فروانی آللی جزئی کمتر از ۵ درصد برای کاهش نتایج خطای مثبت حذف شدند. در این مطالعه عدم تعادل پیوستگی^۴ مربوط به هر جفت نشانگر و آماره r^2 برای هر کروموزوم به طور جداگانه و برای کل ژنوم با استفاده از نرم افزار TASSEL 5.0 محاسبه گردید. برای تعیین عدم تعادل پیوستگی صرفاً از نشانگرهایی استفاده شد که مکان کروموزومی مشخص داشتند. در نهایت برای نقشه‌یابی ارتباطی^۵ صفات مورد بررسی در مرحله جوانه‌زنی تحت شرایط نرمال، شوری ۶۰ میلی‌مولار و شوری ۱۲۰ میلی‌مولار از نرم‌افزار TASSEL 5.0 استفاده شد. به این منظور از روش مدل خطی مخلوط (MLM) با استفاده از ماتریس‌های PCA و Kinship، استفاده شد. حد آستانه معنی‌داری برای تعیین ارتباط نشانگر با صفت براساس $-\log p\text{-value} \geq 3$ در نظر گرفته شد.

هستی‌شناسی: توالی‌های نواحی اطراف همه SNP‌های معنی‌دار مرتبط با صفات مورد بررسی از پایگاه داده Ensembl Plants براساس نسخه ۱/۱ ژنوم گندم (IWGSC RefSeq v1.1) به دست آمد. هستی‌شناسی هر ژن انتخاب شده از سه دیدگاه عملکرد مولکولی، فرآیند بیولوژیکی و اجزای سلولی از پایگاه داده Ensembl Plants استخراج شد (<https://plants.ensembl.org>).

⁴ Linkage Disequilibrium

⁵ Association Mapping

نتایج و بحث

ژنوم B، ۴۳ نشانگر در ژنوم D و تعداد ۶ نشانگر بدون موقعیت بود. همچنین کروموزم 7A بیشترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار را داشت (شکل 1B). نقشه‌یابی ارتباطی برای هر سه شرایط بصورت جدا از هم انجام شد.

در این مطالعه ۳۶۳۶۱ نشانگر SNP مورد استفاده قرار گرفت. ژنوم B با ۱۸۸۴۳ نشانگر بیشترین و ژنوم D با ۳۹۷۸ نشانگر کمترین تعداد نشانگر را داشتند (شکل تکمیلی ۱). همچنین تعداد ۲۱۵ نشانگر استفاده شده مکان مشخصی نداشتند (شکل 1A). از تعداد ۵۹۹ نشانگر معنی‌دار، ۲۴۵ نشانگر در ژنوم A، ۳۰۵ نشانگر در

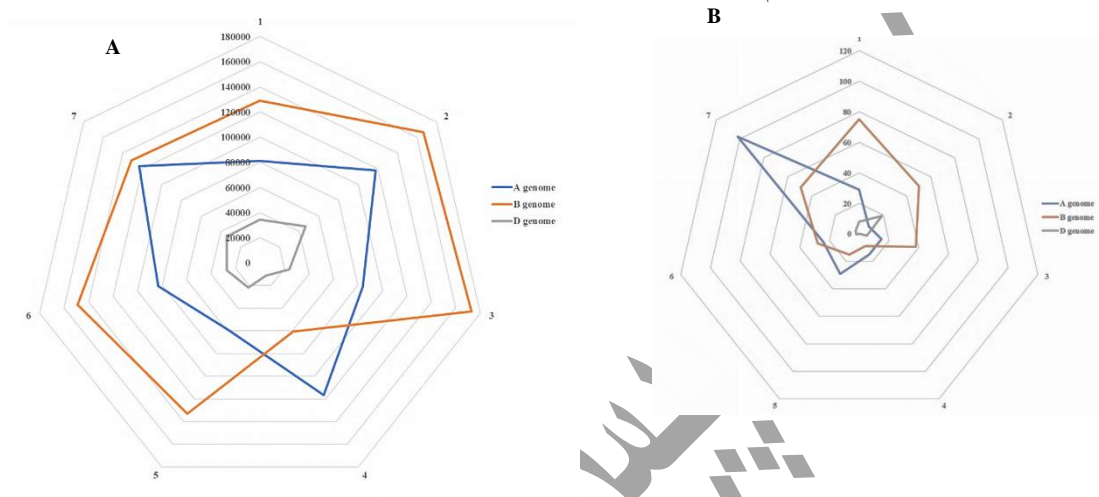


Figure 1. (A) Diagram of SNP markers used in this study at the level of chromosomes, (B) Diagram of number of MTAs per chromosome in each genome

کروموزم‌های 1A، 1B، 5A و 7A دیده شد. برای درصد جوانه‌زنی ۳۸ مکان بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2A، 2B، 2D، 3A، 3B، 3A، 4A، 4B، 5A، 6A، 7A و 7B و برای صفت انرژی جوانه‌زنی ۳۶ مکان بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 3A، 3B، 4A، 5A، 6A، 7A و 7B شناسایی شد. همچنین در ارتباط با شاخص جوانه‌زنی ۳۷ ارتباط معنی‌دار بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 3A، 3B، 3D، 4A، 5A، 6A، 7A و 7B و در رابطه با سرعت جوانه‌زنی، ۲۰ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 3A، 3D، 5A، 7A و 7B شناسایی شد.

نقشه‌یابی ارتباطی برای شرایط نرمال: تعداد ۳۳۰ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار با استفاده از روش MLM شناسایی شد؛ تعداد ۱۵۳ ارتباط نشانگر-صفت مربوط به ژنوم A، ۱۵۶ ارتباط مربوط به ژنوم B و ۲۱ ارتباط مربوط به ژنوم D بود. دو صفت نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه و وزن تر گیاهچه به ترتیب با ۹۵ و ۹۴ ارتباط، بیشترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت و صفات طول گیاهچه و بنه بذر هر کدام با ۱ ارتباط و طول ریشه‌چه و ساقچه هر کدام با ۲ ارتباط، کمترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت را داشتند.

تعداد ۴ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزم‌های 3A، 5A و 7B برای صفت وزن خشک شناسایی شد. برای صفت وزن تر گیاهچه ارتباط معنی‌دار بر روی

برای هر کدام از صفات بنیه بذر و طول گیاهچه یک ارتباط بر روی کروموزوم 2A، برای صفات طول ریشه‌چه و ساقچه هر کدام ۲ ارتباط بر روی کروموزوم 3B و برای صفت نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه ۹۵ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 1D، 2A، 2B، 3A، 3B، 4A، 4B، 5A، 5B، 6A، 6B، 6D، 7A، 7B و 7D شناسایی شد (جدول ۱ و شکل ۲).

نقشه‌یابی ارتباطی برای شرایط تنش شوری

۶۰ میلی‌مولار: در این شرایط تعداد ۱۵۳ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد. بیشترین و کمترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار به ترتیب مربوط به ژنوم B و ژنوم D بود. صفت نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه با ۱۱۳ ارتباط بیشترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت و صفات سرعت جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی نسبی، انرژی جوانه‌زنی نسبی و طول ریشه‌چه با یک ارتباط، کمترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت را به خود اختصاص دادند.

برای صفت وزن تر گیاهچه تعداد ۱۵ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 3A، 4B، 6B و 7A و برای صفت شاخص جوانه‌زنی ۱۸ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 3A، 3B، 5A، 7A و 7B شناسایی شد. در ارتباط با صفت درصد جوانه‌زنی، سه ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1B و 3B شناسایی شد. برای صفات سرعت جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی نسبی، سرعت جوانه‌زنی نسبی و طول ریشه‌چه، هر کدام یک ارتباط به ترتیب بر روی کروموزوم‌های 2A، 5A، 7B و 7D و صفت نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه ۱۱۳ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 1D، 2A، 2B، 2D، 3A، 3B، 4A، 4B، 5A، 5B، 6A، 6B، 7B و 7D شناسایی شد (جدول ۲ و شکل ۳).

نقشه‌یابی ارتباطی برای شرایط تنش شوری

۱۲۰ میلی‌مولار: در این شرایط تعداد ۱۱۶ ارتباط

نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد. ژنوم B و D به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد ارتباط را داشتند. همچنین بیشترین ارتباط نشانگر-صفت با ۲۰ ارتباط مربوط به صفت طول ریشه‌چه و کمترین تعداد ارتباط با یک ارتباط مربوط به صفات درصد جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی و وزن خشک گیاهچه بود که به ترتیب بر روی کروموزوم‌های 4A، 6B و 3D قرار داشت. دو ارتباط برای هر کدام از صفات؛ وزن تر گیاهچه بر روی کروموزوم‌های 3B، 7D، انرژی جوانه‌زنی بر روی کروموزوم‌های 3D و 6B، شاخص جوانه‌زنی بر روی کروموزوم‌های 3D و 5A و نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه بر روی کروموزوم‌های 2B و 4A شناسایی شد. برای صفت طول گیاهچه ۱۱ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2D، 3A و 3B شناسایی شد. همچنین در ارتباط با صفت انرژی جوانه‌زنی نسبی ۱۳ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزوم‌های 1A، 3B، 3D، 4A، 4B، 6A، 7A و 7B و صفت شاخص جوانه‌زنی نسبی ۱۶ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزوم‌های 1B، 2B، 3B، 4A، 4B، 5B، 6B، 6D، 7A و 7B مشاهده شد. برای صفت سرعت جوانه‌زنی نسبی نیز ۶ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1D، 2A، 2B و 4B و صفت طول ریشه‌چه ۲۰ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2D، 3B، 4A، 5B و 7B شناسایی شد. در ارتباط با صفت طول ساقچه ۱۲ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 1A، 3A، 3B، 3D، 4A، 4B و 7A و صفت نسبت طول ساقچه به ریشه‌چه ۲ ارتباط بر روی کروموزوم‌های 2B و 4A شناسایی شد. بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 3A، 3B، 4A، 4B، 5B، 6B و 7A و ۲۱ ارتباط نشانگر-صفت در ارتباط با صفت بنیه بذر شناسایی شد (جدول ۳ و شکل ۴).

Liu و همکاران (2018) با مطالعه بر روی ۸۶ وارته

مدرن و ۱۴۱ وارته بومی گندم زمستانه تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری در مرحله جوانه‌زنی، ۲۴ مکان

شناسایی کردند که در این بین سه ارتباط بر روی کروموزم‌های 2B، 6B و 7B برای شاخص جوانه‌زنی نسبی و دو ارتباط بر روی کروموزم‌های 6B و 7B برای انرژی جوانه‌زنی نسبی شناسایی شد. مطالعه دیگری که با استفاده از ۶۸۸۳ نشانگر SNP بر روی ۱۷۳ ژنوتیپ گندم بهاره تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری (۱۷۵ میلی‌مولار) انجام گرفت، به ترتیب تعداد ۵۰ و ۴۹ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که کمترین تعداد ارتباط (۳ درصد) مربوط به ژنوم D بود. در شرایط نرمال ۲ QTL برای صفات طول ساقچه و نسبت طول ریشه‌چه به ساقچه و ۱۵ QTL برای صفت سرعت جوانه‌زنی و در شرایط تنش شوری ۹ QTL برای درصد جوانه‌زنی، ۲

QTL برای طول ریشه‌چه، طول ساقچه و سرعت جوانه‌زنی شناسایی شد (Haseeb *et al.*, 2022). Li و همکاران (2021) با مطالعه ۱۵۰ لاین دابل هاپلوئید و ۳۲۳ نمونه گندم زمستانه، تحت شرایط نرمال و تنش شوری، به ترتیب ۷۶ و ۸۸ SNP معنی‌دار شناسایی کردند که در شرایط نرمال در ارتباط با صفات سرعت جوانه‌زنی ۴ ارتباط، طول ساقچه ۱۴ ارتباط، طول ریشه‌چه ۱۴ ارتباط و طول گیاهچه ۲۲ ارتباط و در شرایط تنش شوری در ارتباط با صفات سرعت جوانه‌زنی ۱۸ ارتباط، طول ساقچه ۳۳ ارتباط، طول ریشه‌چه ۱۵ ارتباط و طول گیاهچه ۱۰ ارتباط بود.

پایان
انتشار

Table 1. Locus and number of marker-trait associations at the germination stage in 64 Iranian bread wheat cultivars under normal conditions

Trait	Chromosome	Number of SNPs
Dry weight	3A,5A,7B	4
Fresh weight	1A,1B,5A,7A	94
Germination percentage	1A,1B,2A,2B,2D,3A,3B,4A,4B,5A,6A,7A,7B	38
Germination energy	1A,1B,2B,2D,3A,3B,4A,5A,6A,7A,7B	36
Germination index	1A,1B,2B,2D,3A,3B,3D,4A,5A,6A,7A,7B	37
Germination rate	1A,1B,2B,2D,3A,3D,5A,7A,7B	20
Plant length	2A	1
Root length	3B	2
Shoot length	3B	2
The ratio of shoot to root length	1A,1B,1D,2A,2B,3A,3B,4A,4B,5A,5B,6A,6B,6D,7A,7B,7D	95
Seed vigor	2A	1

Table 2. Locus and number of marker-trait associations at the germination stage in 64 Iranian bread wheat cultivars under 60 mM stress conditions

Trait	Chromosome	Number of SNPs
Fresh weight	1A,1B,3A,4B,6A,6B,7A	15
Germination Index	1A,1B,2B,3A,3B,5A,7A,7B	18
Germination percentage	1B,3B	3
Germination rate	5A	1
Relative germination energy	2A	1
Relative germination rate	7B	1
Root length	7D	1
The ratio of shoot to root length	1A,1B,1D,2A,2B,2D,3A,3B,4A,4B,5A,5B,6A,6B,7B,7D	113

Table 3. Locus and number of marker-trait associations at the germination stage in 64 Iranian bread wheat cultivars under 120 mM stress conditions

Trait	Chromosome	Number of SNPs
Dry weight	4A	1
Fresh weight	3B,7D	2
Germination energy	3D,6B	2
Germination index	3D,5A	2
Germination percentage	6B	1
Germination rate	3D	1
Plant length	1A,1B,2D,3A,3B	11
Relative germination energy	1A,3B,3D,4A,4B,6B,7A,7B	12
Relative germination index	1B,2B,3B,4A,4B,5B,6B,6D,7A,7B	15
Relative germination rate	1D,2A,2B,4B	5
Root length	1A,1B,2D,3B,4A,5B,7B	20
Shoot length	3A,3B,3D,4A,4B,7A	12
The ratio of shoot to root length	2B,4A	2
Seed vigor	1A,1B,3A,3B,4A,4B,5B,6B,7A	27

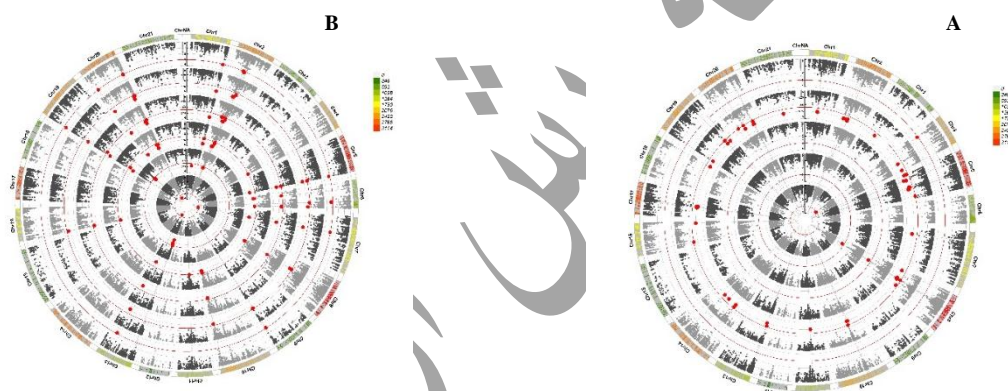


Figure 2. Diagram of number of MTAs per chromosome in each genome at normal condition. Inner to outer circles represents, (A) seedling dry weight at germination stage (DWG), seedling fresh weight at germination stage (FWG), germination percentage (GP), germination energy (GE), germination index (GI) and germination rate (GR), (B) seedling plant length at germination stage (PLG), root length at germination stage (RLG), shoot length at germination stage (SLG) and the ratio of the length of the shoot to the root (SLG/RLG) and seed vigor (SV). Chromosomes are plotted at the outermost circle and thin dotted red lines indicate significant level at $-\log p\text{-value} > 3$. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.

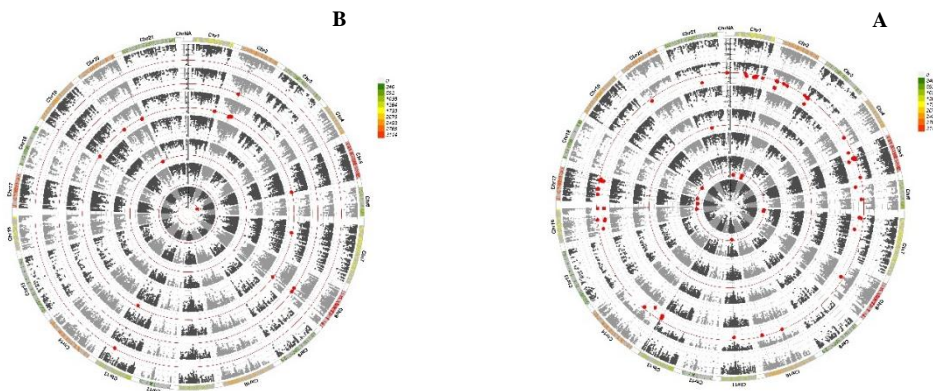


Figure 3. Diagram of number of MTAs per chromosome in each genome at 60mM salinity stress. Inner to outer circles represents, (A) seedling dry weight at germination stage (DWG), seedling fresh weight at germination stage (FWG), seedling plant length at germination stage (PLG), root length at germination stage (RLG), shoot length at germination stage (SLG) and the ratio of the length of the shoot to the root (SLG/RLG) and seed vigor (SV), (B) relative germination energy (RGE), relative germination index (RGI), relative germination rate (RGR), germination energy (GE), germination index (GI), germination percentage (GP) and germination rate (GR). Chromosomes are plotted at the outmost circle and thin dotted red lines indicate significant level at $-\log p\text{-value} > 3$. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.

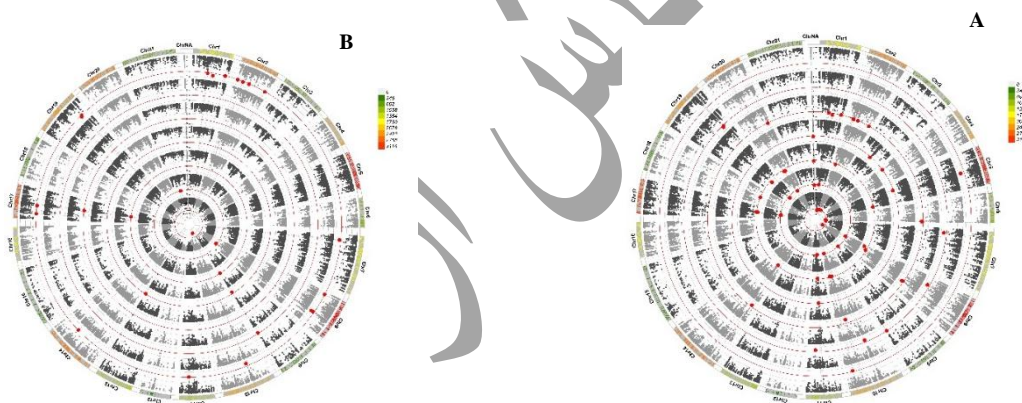


Figure 4. Diagram of number of MTAs per chromosome in each genome at 120mM salinity stress. Inner to outer circles represents, (A) seedling dry weight at germination stage (DWG), seedling fresh weight at germination stage (FWG), germination energy (GE), germination index (GI), germination percentage (GP), germination rate (GR) and Seed vigor (SV), (B) seedling plant length at germination stage (PLG), relative germination energy (RGE), relative germination index (RGI), relative germination rate (RGR), root length at germination stage (RLG), shoot length at germination stage (SLG) and the ratio of the length of the shoot to the root (SLG/RLG). Chromosomes are plotted at the outmost circle and thin dotted red lines indicate significant level at $-\log p\text{-value} > 3$. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.

نشانه‌های واقع در کروموزم‌های 1B و 7B، در کنترل شاخص‌های جوانه‌زنی مانند درصد جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی نقش داشتند. نشانه‌های واقع در کروموزم 7A با کنترل وزن تر گیاهچه در ارتباط بودند. برخی از این ارتباطات

هستی‌شناسی

تحت شرایط نرمال در مرحله جوانه‌زنی ۳۳۰ ارتباط نشانه‌گر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که در این بین ۴۲ نشانه‌گر مهم و پلیوتروپ شناسایی شد که بیشتر روی کروموزم‌های 1B، 7A، 7B، 2B و 6A قرار داشتند.

نشانگر-صفت مسئول فرآیندهای بیولوژیکی و مولکولی مهمی از جمله انتقال سیگنال، رونویسی از الگوی DNA، فسفوریلاسیون پروتئین، کاتابولیت پروتئین وابسته به یوبیکوئیتین، پروتئولیز، تا شدن و اتصال پروتئین، پاسخ به گرما، مسیر سیگنالینگ پروتئین کیناز و فعالیت کیناز، اتصال و فعالیت هیدرولیز ATP، اتصال ADP و فرآیند کاتابولیت لیپید هستند. از جمله نشانگرهای پلیتروپ می‌توان به نشانگر rs2448 در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی مرتبط با انتقال کمپلکس ATPase، نشانگر rs38272 در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی مرتبط با اتصال پروتئین، نشانگرهای rs41615 و rs41616 در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی و انرژی جوانه‌زنی مرتبط با یوبیکوئیتین کردن پروتئین‌ها و اتصال پروتئین، نشانگر rs26515 در ارتباط با صفات درصد و انرژی جوانه‌زنی مرتبط با یوبیکوئیتین کردن پروتئین و نشانگر rs674 در ارتباط با دو شاخص و انرژی جوانه‌زنی مرتبط با اتصال ATP و فعالیت برخی کینازها، اشاره کرد (جدول تکمیلی ۲).

توالی نشانگرهای معنی‌دار در شرایط نرمال، در پایگاه داده David بررسی شده و مسیرهای مختلفی از جمله متابولیسم سیستمین و متیونین، متابولیسم گلوکاتیون، متابولیسم سولفور، متابولیسم اینوسیتول فسفات، متابولیسم گلیسرولیپید، متابولیسم گلیسروفسفولیپید، بیوستتر کوفاکتورها، بیوستتر اسیدهای آمینه و سیستم سیگنال‌دهی شناسایی شد (جدول ۴).

تحت شرایط تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار ۱۵۳ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که در این بین ۳۲ نشانگر مهم و پلیتروپ شناسایی شد که بیشتر روی کروموزم‌های 1B، 2B، 6A، 5A و 6B قرار داشتند. نشانگرهای معنی‌دار در این قسمت، در کنترل صفات

گیاهچه‌ای دخیل بودند. این ارتباطات نشانگر-صفت مسئول فرآیندهای بیولوژیکی و مولکولی مهمی از جمله پاسخ دفاعی، اتصال ADP، اتصال به اسید نوکلئیک و DNA، فعالیت سولفو ترانسفراز، فرآیند متابولیک لیپید، فعالیت کانال و اکسیدوردوکتاز، فرآیند کاتابولیک وابسته به یوبیکوئیتین، یوبیکوئیتین کردن پروتئین، پاسخ به محرک‌های زیستی و اتصال کالمدولین هستند. از مهم‌ترین نشانگرهای مرتبط با صفات در این شرایط می‌توان به دو نشانگر rs49117 مربوط به صفت وزن تر گیاهچه و مرتبط با اتصال پروتئین و نشانگر rs2448 مربوط به صفت شاخص جوانه‌زنی و مرتبط با انتقال کمپلکس ATPase، اشاره کرد (جدول تکمیلی ۳).

توالی نشانگرهای معنی‌دار در شرایط تنش شوری ۶۰ میلی‌مولار، در پایگاه داده David بررسی شده و مسیرهای تخریب RNA، متابولیسم آرژنین و پرولین، متابولیسم بتا آلانین و مسیرهای متابولیکی شناسایی شد. گیاهان موجودات بی‌حرکتی هستند که با چالش‌های زیست محیطی بسیاری از جمله تنش‌های غیرزیستی مواجه هستند. مکانسیم‌های مولکولی مختلف برای افزایش تحمل به این تنش‌های محیطی وجود دارد. مسیرهای متابولیکی مختلف نقش مثتی در پاسخ به تنش و مقاومت گیاه به تنش‌های شوری و خشکی دارند (Qari and Tarbiyyah, 2021). آرژنین منجر به افزایش رشد، عملکرد و ترکیبات شیمیایی در گیاه گل گاو زبان هندی تحت شرایط تنش شوری شده و در واقع اثرات منفی تنش شوری را کاهش می‌دهد (Ahmed et al., 2020). مطالعات نشان داده که کاربرد آرژنین در شرایط تنش شوری، کاهش جوانه‌زنی و رشد جوانه را کاهش داده و اثرات شوری را تنظیم می‌کند (Badi et al., 2018). پرولین یک اسمولیت غیرسمی بوده و در بسیاری از گیاهان در شرایط تنش شوری و خشکی بطور قابل ملاحظه‌ای افزایش می‌یابد (Mattioni et al., 1997). در مطالعه دیگری روی خیار مشاهده شده تحت

غشایی پروتئینی است و وظیفه اصلی آن‌ها انتقال بسیاری از مواد از طریق غشا می‌باشد. ژن‌های ناقل ABC در آرکیدوپسیس پاسخ‌های متفاوتی را در سطح رونویسی در ارتباط با تیمارهای زیستی و غیرزیستی نشان داده است (Kim et al., 2003). مشخص شده است که این ابرخانواده ژن گیاهی برای رشد، توسعه و پاسخ به تنش‌های محیطی حیاتی است. انتقال‌دهنده‌های ABC با تسهیل انتقال یون‌های سمی، فلزات سنگین و سایر مولکول‌های مرتبط با تنش به خارج از سلول، نقش کلیدی در پاسخ به تنش در گیاه داشته و اثرات مضر استرس را کاهش می‌دهند (Kou et al., 2024). گزارش شده این ناقل‌ها در پاسخ به تنش شوری و ایجاد مقاومت به شوری نقش کلیدی دارند (Dahuja et al., 2021).

شرایط تنش شوری، در گیاهانی که مقاومت نشان داده‌اند، میزان پرولین در مقایسه با گیاهان حساس بیشتر بوده که نشان‌دهنده تاثیر مثبت پرولین در مقاومت به تنش شوری و کاهش آسیب شوری در گیاه خیار می‌باشد (Fan et al., 2012). بتا‌آلانین یک اسید آمینه غیرمعمول در گیاهان بوده که در پاسخ به تنش‌های زیستی و غیرزیستی مختلف نقش داشته و مقدار آن انباشته می‌شود (Parthasarathy et al., 2019).

تحت شرایط تنش شوری ۱۲۰ میلی‌مولار، ۱۱۶ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که از این بین ۱۴ نشانگر مهم و پلیوتروپ که بیشتر روی کروموزم‌های 1B، 3A و 3B قرار داشتند بیشتر در کنترل صفات گیاهچه‌ای دخیل بودند. این نشانگرها در فرآیندهای بیولوژیکی و مولکولی مهمی از جمله فرآیند متابولیک کربوهیدرات، فعالیت هیدرولاز، اتصال پلی ساکارید و اثر بر روی پیوندهای گلیکوزیل در ارتباط بودند. از جمله این نشانگرها می‌توان به نشانگر rs46968 که با صفات طول ساقچه، طول گیاهچه و بنیه بذر اثر پلیوتروپی نشان داده و با فعالیت هیدرولاز و هیدرولیز ترکیبات O-گلیکوزیل در ارتباط است و نشانگر rs9083 که در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی و انرژی جوانه‌زنی پلیوتروپی نشان داده و با فعالیت هیدولیز ATP، انتقال ATP و انتقال دهنده ABC مرتبط است، و همچنین نشانگر rs18757 که در ارتباط با صفات انرژی جوانه‌زنی نسبی و شاخص جوانه‌زنی نسبی پلیوتروپی نشان داده و با پروتئولیز در ارتباط است، اشاره کرد. از دیگر نشانگرهای پلیوتروپ می‌توان به نشانگر rs40058 در ارتباط با صفات بنیه بذر و طول ریشه‌چه اشاره کرد (جدول تکمیلی ۴).

توالی نشانگرهای معنی‌دار در شرایط تنش شوری ۱۲۰ میلی‌مولار در پایگاه داده David مورد بررسی قرار گرفته و مسیر ABC transporters یا ATP Binding Cassette transporters شناسایی شد که یک ناقل

Table 4. KEGG_PATHWAY for predicted genes in Iranian spring bread wheat cultivars under normal and salinity stress conditions

Conditions	Gene ID	Pathway
Normal	TraesCS7A02G297200	<u>diacylglycerol kinase 4-like (LOC123147173)</u> Glycerolipid metabolism, Glycerophospholipid metabolism, Metabolic pathways, Biosynthesis of secondary metabolites, Phosphatidylinositol signaling system
	TraesCS6B02G169000	<u>glutathione synthetase, chloroplastic-like (LOC123136493)</u> Cysteine and methionine metabolism, Glutathione metabolism, Metabolic pathways, Biosynthesis of cofactors
	TraesCS2B02G070100	<u>probable cystathionine gamma-synthase 2(LOC123038900)</u> Cysteine and methionine metabolism, Selenocompound metabolism, Sulfur metabolism, Metabolic pathways, Biosynthesis of secondary metabolites, Biosynthesis of amino acids
	TraesCS2B02G621000	<u>putative 1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1D(LOC123047612)</u> Inositol phosphate metabolism, Metabolic pathways, Phosphatidylinositol signaling system, Phagosome
60mM Salinity Stress	TraesCS7B02G012500	<u>nuclear nucleic acid-binding protein C1D-like (LOC123156550)</u> RNA degradation
	TraesCS5A02G549600	<u>polyamine oxidase 1-like (LOC123108548)</u> Arginine and proline metabolism, beta-Alanine metabolism, Metabolic pathways
120mM Salinity Stress	TraesCS6B02G170700	<u>ABC transporter B family member 10-like (LOC123136510)</u> ABC transporters

نتیجه گیری

واقع تعداد ژنوم A و ژنوم B بیشترین ارتباطات معنی دار نشانگر-صفت را در این پژوهش داشتند. پس از تایید نشانگرهای شناسایی شده در این تحقیق، در سایر جمعیت‌ها، می‌توان در مطالعات آینده برای تسریع برنامه‌های به‌نژادی گندم نان از آنها استفاده نمود.

براساس مطالعه انجام شده، به ترتیب ژنوم B و ژنوم D بیشترین و کمترین تعداد SNP را داشتند. همچنین ژنوم B بیشترین و ژنوم D کمترین تعداد ارتباط معنی دار نشانگر-صفت را در هر سه شرایط مورد بررسی براساس صفات مورد مطالعه در مرحله جوانه‌زنی نشان دادند. در

سپاسگزاری

بدینوسیله از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه ارومیه برای تأمین بخشی از هزینه‌های پژوهش حاضر تشکر و جهت قدردانی می‌گردد.

- Ahmed, A. M., El-Gohary, A. E., Osman, S. A., & Khalid, K. A. (2020). Arginine and salinity stress affect morphology and metabolism of Indian borage (*Plectranthus amboinicus* Lour.). *Acta Ecologica Sinica*, 40(5), 417-424.
- Alipour, H., Bihanta, M. R., Mohammadi, V., Peyghambari, S. A., Bai, G., & Zhang, G. (2017). Genotyping-by-sequencing (GBS) revealed molecular genetic diversity of Iranian wheat landraces and cultivars. *Frontiers in plant science*, 8, 1293.
- Alotaibi, F., Al-Qthanin, R.N., Aljabri, M., Albaqami, M., & Abou-Elwafa, S. (2021). Identification of genomic regions associated with agronomical traits of bread wheat under two levels of salinity using GWAS. *Plant Molecular Biology Reporter*, 40(3), 595-609.
- Badi, H. N., Mehrafarin, A., Mustafavi, S.H., & Labbafi, M. (2018). Exogenous arginine improved fenugreek sprouts growth and trigonelline production under salinity condition. *Industrial crops and products*, 122, 609-616.
- Bradbury, P.J., Zhang, Z., Kroon, D.E., Casstevens, T.M., Ramdoss, Y. & Buckler, E.S. (2007). TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23(19), 2633 -2635.
- Chaurasia, S., Singh, A.K., Songachan, L.S., Sharma, A.D., Bhardwaj, R., & Singh, K. (2020). Multi-locus genome-wide association studies reveal novel genomic regions associated with vegetative stage salt tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Genomics*, 112(6), 4608-4621.
- Chaurasia, S., Singh, A.K., Kumar, A., Songachan, L.S., Yadav, M.C., Kumar, S., & Singh, K. (2021). Genome-wide association mapping reveals key genomic regions for physiological and yield-related traits under salinity stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Genomics*, 113(5), 3198-3215.
- Chu, C.G., Xu, S.S., Friesen, T.L., & Faris, J.D. (2008). Whole genome mapping in a wheat doubled haploid population using SSRs and TRAPs and the identification of QTL for agronomic traits. *Molecular Breeding*, 22(2), 251-266.
- Dubcovsky, J & Dvorak, J. (2007). Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. *Science*, 316(5833), 1862-1866.
- Dowlat Abadi, Y., NAJAFI, Z.H., Ranzbar, G.A., & Darzi, R.H. (2019). Determining resistant wheat varieties to salinity stress with using multivariable statistical methods. *Journal of Plant Ecophysiology* 11(37), 74-84. (In Persian).
- Edae, E.A., Bowden, R.L., & Poland, J. (2015). Application of population sequencing (POPSEQ) for ordering and imputing genotyping-by-sequencing markers in hexaploid wheat. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 5(12), 2547-2553.
- Fan, H.F., Du, C.X., & Guo, S.R. (2012). Effect of nitric oxide on proline metabolism in cucumber seedlings under salinity stress. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 137(3), 127-133.
- Habibi, S., Meskarbashee, M., & Farzaneh, M. (2014). Influence of three species of mycorrhizal fungi (*Glomus* spp.) on physiological characters of wheat under the salinity conditions. *Plant Productions*, 37(3), 37-52. (In Persian)
- Haseeb, N.M., Sallam, A., Karam, M.A., Gao, L., Wang, R.R., & Moursi, Y. S. (2022). High-LD SNP markers exhibiting pleiotropic effects on salt tolerance at germination and seedlings stages in spring wheat. *Plant Molecular Biology*, 108(6), 585-603.
- Hussain, M.K. & O.U. Rehman, (1997). Evaluation of sunflower (*Helianthus annuus* L.) germplasm for salt tolerance at the shoot stage. *Helia*, 20, 69-78.

- Kim, K. N., Cheong, Y.H., Grant, J.J., Pandey, G.K., & Luan, S. (2003). CIPK3, a calcium sensor-associated protein kinase that regulates abscisic acid and cold signal transduction in Arabidopsis. *The Plant Cell*, 15(2), 411-423.
- Kou, X., Zhao, Z., Xu, X., Li, C., Wu, J., & Zhang, S. (2024). Identification and expression analysis of ATP-binding cassette (ABC) transporters revealed its role in regulating stress response in pear (*Pyrus bretschneideri*). *BMC genomics*, 25(1), 169.
- Li, L., Peng, Z., Mao, X., Wang, J., Li, C., Chang, X., & Jing, R. (2021). Genetic insights into natural variation underlying salt tolerance in wheat. *Journal of Experimental Botany*, 72(4), 1135-1150.
- Liu, Y., Liu, Y., Zhang, Q., Fu, B., Cai, J., Wu, J., & Chen, Y. (2018). Genome-wide association analysis of quantitative trait loci for salinity-tolerance related morphological indices in bread wheat. *Euphytica*, 214(10), 1-11.
- Lu, F., Lipka, A.E., Glaubitz, J., Elshire, R., Cherney, J.H., Casler, M.D., Buckler, E.S. and Costich, D.E. (2013). Switchgrass genomic diversity, ploidy, and evolution: novel insights from a network-based SNP discovery protocol. *PLoS Genetics*, 9(1), e1003215.
- Ma, L., Zhou, E., Huo, N., Zhou, R., Wang, G., & Jia, J. (2006). Genetic analysis of salt tolerance in a recombinant inbred population of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 153, 109-117
- Mattioni, C., Lacerenza, N.G., Troccoli, A., De Leonardis, A.M., & Di Fonzo, N. (1997). Water and salt stress-induced alterations in proline metabolism of *Triticum durum* seedlings. *Physiologia Plantarum*, 101(4), 787-792.
- Mokarian, K., Maali Amiri, R., Tabatabaee, M.T., & Daneshmand, F. (2021). Response evaluation to salinity stress in some bread wheat genotypes using tolerance indices. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(3), 97-111. (In Persian).
- Munns, R., & Gilliham, M. (2015). Salinity tolerance of crops—what is the cost? *New Phytologist*, 208, 668-673.
- Namvar, A., Sharifi, R.S., & Hadi, H. (2018). A study into the effects of salt stress on germination components of different wheat (*Triticum aestivum*) cultivars. *Iranian Journal of Seed Research*, 4(2). (In Persian)
- Parthasarathy, A., Savka, M.A., & Hudson, A.O. (2019). The synthesis and role of β -alanine in plants. *Frontiers in Plant Science*, 10, 468525.
- Qari, S.H., & Tarbiyyah, I. (2021). The genetic regulation of secondary metabolic pathways in response to salinity and drought as abiotic stresses. *Applied Sciences*, 11(15), 6668.
- Rahmani, M., Rahimi, M., AbdoliNasab, M., & Maleki, M. (2021). Evaluation of genetic diversity of different bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties using molecular markers ISSR and RAPD. *Cellular and Molecular Research (Iranian Journal of Biology)*, 34(2), 248-262. (In Persian).
- Rahnama, A., Poustini, K., & Tavakkol Afshari, R. (2013). Short-term responses of stomatal conductance for screening wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) differing in salt tolerance for osmotic stress tolerance. *Plant Productions*, 36(3), 93-105. (In Persian).
- Rajendran, K., Tester, M., & Roy, S.J. (2009). Quantifying the three main components of salinity tolerance in cereals. *Plant, Cell & Environment*, 32(3), 237-249.
- Razeghi Jahromi, F., Esmailpour, M., & Shahsavand Hassani, H. (2022). Investigation on some physiological traits of Tritopyrum lines in response to salinity stress. *Plant Productions*, 45(3), 409-420. (In Persian).

Singh, P., Mahajan, M.M., Singh, N.K., Kumar, D., & Kumar, K. (2020). Physiological and molecular response under salinity stress in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 29(1), 125-133.

Xue, D., Huang, Y., Zhang, X., Wei, K., Westcott, S., Li, C., & Lance, R. (2009). Identification of QTLs associated with salinity tolerance at late growth stage in barley. *Euphytica*, 169, 187-196.

سازمان اسناد و کتابخانه ملی
جمهوری اسلامی ایران

نسخه پیش از انتشار