Plant Prod., 2025, 48(3), 347- 362
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.47977.2208
Received: 29 September 2024
Accepted: 01 January 2025

Plant Productions

Research Article

Association mapping and gene ontology of germination traits in bread wheat cultivars under salt stress conditions

Ronak Talebi Qormik[1], Hadi Alipour[2*], Reza Darvishzadeh[3]

1. Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.
2. Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.
3. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

Citation: Talebi Qormik, R., Alipour, H., Darvishzadeh, R. (2025). Association mapping and gene ontology of germination traits in bread wheat cultivars under salt stress conditions. *Plant Productions*, 48(3), 347- 362.

Abstract

Introduction

Association mapping is a widely utilized approach in crop science for identifying loci associated with quantitative traits. Among antibiotic stresses, salinity stress poses a significant challenge to global wheat production, severely impacting yield, particularly during sensitive developmental stages such as germination. Exposure to salt stress can inhibit plant growth at various stages and, in extreme cases, result in complete crop loss. Consequently, the development and identification of salt-tolerant wheat cultivars is a critical strategy for mitigating the adverse effects of salinity and sustaining agricultural productivity.

Materials and Methods

This study evaluated 64 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars under three growth conditions: control (normal), 60 mM NaCl, and 120 mM NaCl, to simulate increasing levels of salt stress. Experiments were conducted during the 2021 cropping season using a simple lattice design with two replications at the Genetics Laboratory, Faculty of Agriculture, Urmia University. Salinity treatments were administered using sodium chloride (NaCl). A comprehensive set of germination and early seedling traits were assessed, including seedling length, shoot length, root length, shoot-to-root length ratio, seedling fresh weight, seedling dry weight, germination percentage, germination index, germination speed, mean germination speed, mean germination time, germination energy, seed vigor, relative germination index, relative germination speed, and relative germination energy. Genome-wide association was performed using 36361 single nucleotide polymorphism (SNP) markers to identify genetic loci associated with these germination-related traits. Association analyses were conducted with TASSEL 5.0 software, employing a mixed linear model (MLM) method that incorporated principal component

* **Corresponding Author:** Hadi Alipour
E-mail: ha.alipour@urmia.ac.ir

© 2025 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

analysis (PCA) and Kinship matrices to control for population structure and relatedness. Manhattan plots and linkage disequilibrium (LD) plots were produced using R studio version 4.1.1 to visualize significant marker-trait associations and the underlying genomic architecture.

Results and Discussion

In this study, a total of 330, 153, and 116 marker-trait associations (MTAs) were identified under normal, 60 mM salinity stress, and 120 mM salinity stress conditions, respectively. Under normal conditions, 43 significant markers associated with germination indices were predominantly located on chromosomes 1B and 7B. Under 60 mM salinity stress 32 key markers were mapped to chromosomes 1B, 2B, 6A, 5A and 6B, while under 120 mM salinity stress, 14 important markers were identified on chromosomes 1B, 3A and 3B, all linked to control of germination-related traits. All significant marker sequences were analyzed using the Ensembl Plants Database, revealing that MTAs are involved in key biological and molecular processes, including signal transduction, kinase signaling pathways, defense responses, and response to biotic stimuli, hydrolase metabolism, and polysaccharide binding. Notably, in the 60 mM salinity stress condition, pathways related to proline, arginine, and beta-alanine metabolism were implicated. Under 120 mM salinity stress, the ABC transporter pathway emerged as particularly relevant.

Conclusion

The MTAs and metabolic pathways identified in this study provide valuable genetic resources for improving salinity tolerance I bread wheat. Following validation in biparental populations and further functional assays, these findings can be leveraged in marker-assisted selection and breeding programs aimed at enhancing wheat germination and early growth under saline conditions.

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

تولیدات گیاهی، ۱٤۰٤، ٤۸(۳)، ۳٤۷ – ۳٦۲
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.47977.2208
تاریخ دریافت:۱۴۰۳/۰۷/۰۸
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۱۲

تولیدات گیاهی
مقاله پژوهشی

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

روناک طالبی قورمیک[۱]، هادی علی‌پور[۲*]، رضا درویش‌زاده[۳]

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۳- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

چکیده

نقشه‌یابی ارتباطی صفات در بسیاری از گیاهان از جمله گیاهان زراعی با هدف شناسایی مکان‌های ژنی کنترل کنندهٔ صفات کمی مورد استفاده قرار می‌گیرد. تنش‌های غیرزیستی از جمله تنش شوری یکی از چالش‌های اصلی پیش‌روی فعالیت‌های کشاورزی در مناطق خشک و نیمه‌خشک بوده که به ویژه در مراحل حساس رشد گیاه از جمله مرحلهٔ جوانه‌زنی که در استقرار گیاهچه بسیار حائز اهمیت است، می‌تواند عملکرد نهایی محصول را تحت تأثیر قرار دهد. در پژوهش حاضر واکنش ٦٤ رقم گندم نان بهاره ایرانی 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، بنیه بذر، شاخص جوانه‌زنی نسبی، سرعت جوانه‌زنی نسبی و انرژی جوانه‌زنی نسبی در سه شرایط شاهد، ٦۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم، با دو تکرار در قالب طرح لاتیس ساده در سال زراعی ۱٤۰۰، در آزمایشگاه ژنتیک دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه ارومیه بررسی شد. به منظور شناسایی مکان‌های ژنی کنترل کنندهٔ صفات مرتبط با جوانه‌زنی، از ۳٦۳٦۱ نشانگر SNP استفاده شد. نقشه‌یابی ارتباطی صفات مورد مطالعه با نرم‌افزار TASSEL 5.0 و با بهره‌گیری از مدل خطی ترکیبی (MLM) انجام گرفت. در پژوهش حاضر تعداد ۳۳۰، ۱۵۳ و ۱۱٦ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار به ترتیب در شرایط شاهد، ٦۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم شناسایی شد. در این میان در شرایط شاهد ٤۳ نشانگر مهم مرتبط با شاخص‌های جوانه‌زنی در کروموزم‌های 1B و 7B شناسایی شد. در شرایط تنش شوری ٦۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار به ترتیب تعداد ۳۲ و ۱٤ نشانگر مهم مرتبط با کنترل صفات گیاهچه درکروموزم‌های 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

نویسنده مسئول: هادی علی‌پور
رایانامه: ha.alipour@urmia.ac.ir

از جمله انتقال پیام، مسیرهای پیام‌رسانی پروتئین کیناز، پاسخ دفاعی، پاسخ به محرک‌های زیستی، متابولیسم هیدرولاز، اتصال پلی ساکارید نقش دارند. در شرایط شوری ۶۰ میلی‌مولار، مسیرهای مهمی از جمله متابولیسم پرولین، آرژنین، بتا آلانین و در شرایط تنش شوری ۱۲۰ میلی‌مولار، مسیر انتقال دهنده ABC شناسایی شدند. ارتباطات نشانگر-صفت و مسیرهای شناخته شده براساس نتایج این مطالعه بسیار حائز اهمیت بوده و می‌توان پس از تأیید نتایج در جمعیت‌های دو والدی و انجام آزمایشات تکمیلی، در برنامه‌های به‌نژادی و گزینش به کمک نشانگر گیاه گندم این نتایج را مورد استفاده قرار داد.

کلیدواژه‌ها: چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی، گندم، مرحله جوانه‌زنی، نقشه‌یابی ارتباطی

مقدمه

گندم نان اصلی‌ترین منبع تأمین 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 گونهٔ *Triticum aestivum* L. می‌باشد (Rahmani *et al*., 2021). این غله مهم عملکردی معادل ۷۰۰ میلیون تن در جهان داشته اما تحت اثر عوامل محیطی مختلف، میزان عملکرد آن کاهش قابل توجهی نشان می‌دهد (Singh *et al*., 2020).

شوری را می‌توان یکی از اصلی‌ترین چالش‌های حوزهٔ کشاورزی به شمار آورد که با توجه به تغییرات اقلیمی خسارات آن در حال افزایش است (Mokarian *et al*., 2021). تنش اسمزی ناشی از افزایش غلظت نمک در محیط اطراف ریشه، بر جذب آب توسط ریشه‌اثر منفی گذاشته و سبب بسته شدن روزنه‌ها می‌گردد (Rahnama *et al*., 2010). گیاهان در مراحل ابتدایی رشد حساسیت بیشتری نسبت به شوری نشان می‌دهند که این امر به علت اثر منفی تنش شوری بر روی زیست‌توده گیاه بیان شده که در ادامه عملکرد نهایی گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Chaurasia *et al*., 2020). شوری اثر نامطلوبی بر رشد و توسعهٔ 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 اثر نامطلوبی 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 مرحلهٔ رشدی در گیاه نبوده و تحت تأثیر عواملی مانند شدت تنش، نوع تنش، میزان تحمل گیاه، مراحل مختلف رشدی، 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). مرحلهٔ 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 ساقه‌چه و ریشه‌چه، وزن خشک این اندام‌ها و همچنین نسبت ساقه به ریشه، با افزایش میزان شوری به‌طور قابل توجهی 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 تأخیر انداخته یا از آن جلوگیری می‌نماید و در نهایت منجر به محدود شدن رشد گیاه می‌شود (Hasseb *et al*., 2022). با توجه به سرعت افزایش جمعیت و نیاز

به تولید غذای بیشتر، نیاز به افزایش تحمل گیاهان به شوری ضروری است (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 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 شده اند. چندین QTL[1] مرتبط با تحمل به 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 مرحلهٔ رشد رویشی و هم زایشی مورد مطالعه قرار گرفته است (Chaurasia *et al*., 2021; Alotaibi *et al*., 2021). در مطالعهٔ ارزیابی تحمل به تنش شوری در مرحلهٔ جوانه‌زنی و مرحلهٔ گیاهچه در گندم به‌ترتیب ۴۷ و ۳۷ QTL شناسایی شدند (Ma *et al*., 2006). در مطالعه‌ای دیگر که بر روی ۱۷۶ ژنوتیپ گندم بهاره در مرحلهٔ جوانه‌زنی و استقرار گیاهچه، با استفاده از ۶۸۸۳ نشانگر SNP[2] انجام شد، تعداد ۱۳۷ نشانگر معنی‌دار در شرایط شاهد و ۲۳ نشانگر معنی‌دار تحت شرایط تنش شوری ۱۷۵ میلی‌مولار شناسایی کردند (Hasseb *et al*., 2022). در مطالعهٔ دیگری بر روی ۳۲۳ نمونه گندم زمستانهٔ توده‌های بومی شمال، لاین‌های پیشرفته و گونه‌های مدرن و ۱۵۰ لاین دابل هاپلوئید گندم در دو مرحلهٔ جوانه‌زنی و گیاهچه‌ای، تحت دو شرایط شاهد و تنش شوری، ۲۶۹ مکان برای صفات مرتبط با واکنش به تنش شوری یا شاخص‌های تحمل به تنش شناسایی شد که شامل ۷۶ SNP معنی‌دار در شرایط شاهد و ۸۸ SNP معنی‌دار در شرایط تنش شوری بود (Li *et al*., 2020). مطالعه حاضر با هدف شناسایی مکان‌های ژنی کنترل کنندهٔ صفات گیاهچه‌ای و شاخص‌های جوانه‌زنی در ارقام گندم نان اجرا شد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۶۴ رقم گندم نان تحت سه شرایط شاهد و تنش شوری ۶۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم در قالب طرح لاتیس ساده در سال ۱۴۰۰، در آزمایشگاه ژنتیک گیاهی دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه ارومیه ارزیابی شدند. شجرهٔ ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این مطالعه ارائه شده است (جدول تکمیلی ۱). 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 شاهد از آب مقطر استفاده شد. محلول شوری با حل کردن مقدار مشخصی سدیم کلرید و اندازه‌گیری با استفاده از دستگاه هدایت سنج مدل Az-86505 برای هر دو سطح تنش شوری ۶۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم تهیه گردید. سپس به مقدار ۸ میلی‌لیتر به هر یک از پتری‌دیش‌ها اضافه شد. 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، به‌صورت روزانه در ساعت مشخصی انجام شد. در پایان آزمایش صفات طول گیاهچه، طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه، نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه، وزن تر و خشک گیاهچه، درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی، بنیهٔ بذر، شاخص جوانه‌زنی نسبی، سرعت جوانه‌زنی نسبی و انرژی جوانه‌زنی نسبی، اندازه‌گیری شدند. به‌منظور اندازه‌گیری وزن خشک، نمونه‌ها ۲۴ ساعت در آون با دمای ۷۰ درجه سلسیوس قرار داده شدند.

ارزیابی‌های ژنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در دانشگاه ایالتی کانزاس آمریکا انجام شد (Alipour *et al*., 2017). باتوجه به متفاوت بودن تعداد نمونه‌های

1- Quantitative Trait Loci
2- Single-Nucleotide Polymorphism

مورد مطالعه با مطالعهٔ اولیه، برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی، فراخوانی SNPها با استفاده از UNEAK GBS pipeline (Lu *et al.*, 2013)، که بخشی از بسته بیوانفورماتیکی TASSEL 4.0 است، انجام شد (Bradbury *et al.*, 2007). در ادامه SNPهایی با 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 مربوط به هر جفت نشانگر و آماره r2 برای هر کروموزوم به‌طور جداگانه و برای کل ژنوم با استفاده از نرم‌افزار 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 صفات مورد بررسی در مرحلهٔ جوانه‌زنی تحت شرایط شاهد و شوری ۶۰ و ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم 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 آستانهٔ معنی‌داری برای تعیین ارتباط نشانگر با صفت براساس log p-value≥3- درنظر گرفته شد.

توالی‌های نواحی اطراف همه SNPهای معنی‌دار مرتبط باصفات مورد بررسی از پایگاه داده Ensembl Plants براساس نسخهٔ 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).

نتایج و بحث

در این مطالعه، ۳۶۳۶۱ نشانگر SNP مورد استفاده قرار گرفت. ژنوم B با ۱۸۸۴۳ نشانگر بیشترین و ژنوم D با ۳۹۷۸ نشانگرکمترین 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 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 به صورت جدا از هم انجام شد.

نقشه‌یابی ارتباطی برای شرایط شاهد

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 ساقه‌چه به ریشه‌چه و وزن تر گیاهچه به ترتیب با ۹۵ و ۹۴ ارتباط، بیشترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت و صفات طول گیاهچه و بنیهٔ بذر هر کدام با یک ارتباط و طول ریشه‌چه و ساقه چه هر کدام با دو ارتباط، کمترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت را داشتند.

تعداد چهار 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 کروموزم‌های 1A، 1B، 5A و 7A دیده شد. برای درصد جوانه‌زنی ۳۸ مکان بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2A، 2B، 2D، 3A، 3B، 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 کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 3A، 3B، 3D، 4A، 5A، 6A، 7A و 7B و در رابطه با سرعت جوانه‌زنی، ۲۰ ارتباط نشانگر-صفت برروی کروموزم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 3A، 3D، 5A، 7A و 7B شناسایی شد.

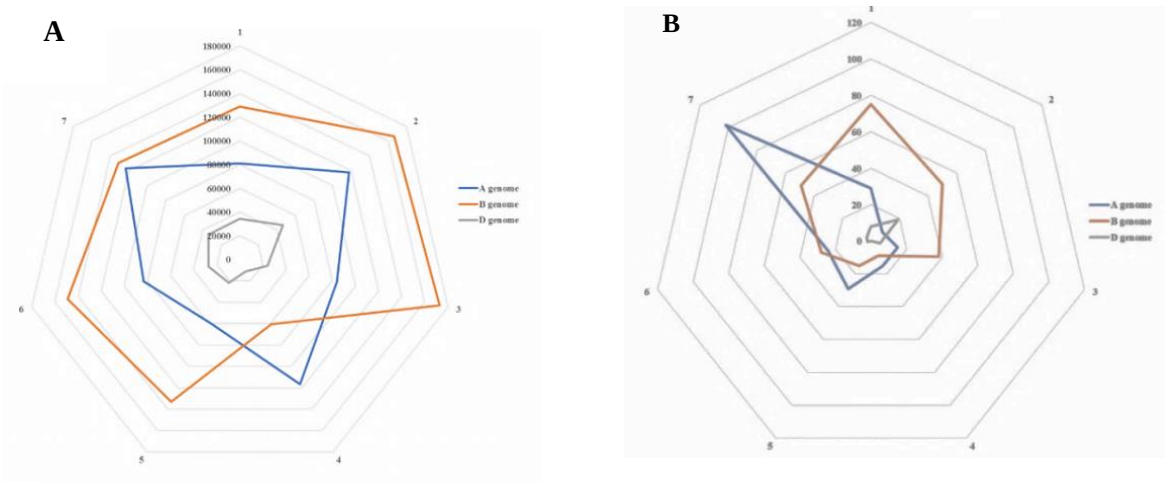
برای هر کدام از صفات بنیه بذر و طول گیاهچه یک ارتباط بر روی کروموزم 2A، برای صفات طول ریشه‌چه و ساقه‌چه هر کدام ۲ ارتباط بر روی کروموزم 3B و برای صفت نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه ۹۵ ارتباط بر روی

کروموزم‌های 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 ۶۰ میلی‌مولار کلرید سدیم

در این شرایط تعداد ۱۵۳ ارتباط نشانگر–صفت معنی‌دار شناسایی شد. بیشترین و کمترین تعداد ارتباط نشانگر–صفت معنی‌دار به‌ترتیب مربوط به ژنوم B و ژنوم D بود. صفت نسبت طول ساقه چه به ریشه‌چه با ۱۱۳ ارتباط بیشترین تعداد ارتباط نشانگر–صفت و صفات سرعت جوانه‌زنی، سرعت جوانه زنی 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 کروموزم‌های 1A، 1B، 3A، 4B، 6B و 7A و برای صفت شاخص جوانه‌زنی ۱۸ ارتباط نشانگر–صفت بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2B، 3A، 3B، 5A، 7A و 7B شناسایی شد. در ارتباط با صفت درصد جوانه‌زنی، سه ارتباط بر روی کروموزهای 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 کروموزم‌های 5A، 2A، 7B و 7D و صفت نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه ۱۱۳ ارتباط بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 1D، 2A، 2B، 2D، 3A، 3B، 4A، 4B، 5A، 5B، 6A، 6B، 7B و 7D شناسایی شد (جدول ۲ و شکل ۳).



شکل ۱- (الف) نمودار نشانگرهای SNP مورد استفاده در این مطالعه در سطح کروموزوم‌ها، (ب) نمودار تعداد ارتباط نشانگر–صفت در هر ژنوم

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

نقشه‌یابی ارتباطی برای شرایط ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم

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 کروموزهای 6B، 4A و 3D قرار داشت. دو ارتباط برای هرکدام از صفات؛ وزن تر گیاهچه بر روی کروموزم‌های 3B، 7D، انرژی جوانه‌زنی بر روی کروموزم‌های 3D و 6B، شاخص جوانه‌زنی بر روی کروموزم‌های 3D و 5A و نسبت طول ساقه چه به ریشه‌چه بر روی کروموزم‌های 2B و 4A شناسایی شد. برای صفت طول گیاهچه ۱۱ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2D، 3A و 3B شناسایی شد. همچنین در ارتباط با صفت انرژی جوانه‌زنی نسبی ۱۳ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزم‌های 1A، 3B، 3D، 4A، 4B، 6B، 7A و 7B و صفت شاخص جوانه‌زنی نسبی ۱۶ ارتباط نشانگر-صفت بر روی کروموزم‌های 1B، 2B، 3B، 4A، 4B، 5B، 6B، 6D، 7A و 7B مشاهده شد. برای صفت سرعت جوانه‌زنی نسبی نیز شش ارتباط بر روی کروموزم‌های 1D، 2A، 2B و 4B و صفت طول ریشه‌چه ۲۰ ارتباط بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 2D، 3B، 4A، 5B و 7B شناسایی شد. در ارتباط با صفت طول ساقه چه ۱۲ ارتباط بر روی کروموزم‌های 3A، 3B، 3D، 4A، 4B و 7A و صفت نسبت طول ساقه چه به ریشه‌چه دو ارتباط بر روی کروموزم‌های 2B و 4A شناسایی شد. بر روی کروموزم‌های 1A، 1B، 3A، 3B، 4A، 4B، 5B، 6B و 7A تعداد ۲۱ ارتباط نشانگر-صفت در ارتباط با صفت بنیه بذر شناسایی شد (جدول ۳ و شکل ۴).

در آزمایشی روی ۸۶ واریته مدرن و ۱۴۱ واریته بومی گندم زمستانه تحت دو شرایط بدون تنش و تنش شوری در مرحله جوانه‌زنی، ۲۴ ارتباط نشانگر-صفت مشاهده شدند که در این میان سه ارتباط روی کروموزم‌های 2B، 6B و 7B برای شاخص جوانه‌زنی نسبی و دو ارتباط روی کروموزم‌های 6B و 7B برای انرژی جوانه‌زنی نسبی شناسایی شد (Liu *et al.*, 2018). مطالعهٔ دیگری که با استفاده از ۶۸۸۳ نشانگر SNP بر روی ۱۷۳ ژنوتیپ گندم بهاره تحت دو شرایط بدون تنش و تنش شوری (۱۷۵ میلی‌مولار کلرید سدیم) 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 بدون تنش دو QTL برای صفات طول ساقه‌چه و نسبت طول ریشه‌چه به ساقه‌چه و ۱۵ QTL برای صفت سرعت جوانه‌زنی و در شرایط تنش شوری نه QTL برای درصد جوانه‌زنی، دو QTL برای طول ریشه‌چه، طول ساقه چه و سرعت جوانه‌زنی شناسایی شد (Hasseb *et al*., 2022). در مطالعه‌ای روی ۱۵۰ لاین دابل هاپلوئید و ۳۲۳ نمونه گندم زمستانه، تحت شرایط بدون تنش و تنش شوری، به ترتیب ۷۶ و ۸۸ SNP معنی‌دار شناسایی شدند که در شرایط بدون تنش در ارتباط با صفات سرعت جوانه‌زنی چهار ارتباط، طول ساقه چه 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 ساقه چه ۳۳ ارتباط، طول ریشه‌چه ۱۵ ارتباط و طول گیاهچه ۱۰ ارتباط مشاهده شد (Li *et al.*, 2021).

جدول ۱- مکان ژنی و تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در مرحله جوانه‌زنی در ٦٤ رقم گندم نان ایرانی در شرایط شاهد

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

جدول ۲- مکان ژنی و تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در مرحله جوانه‌زنی در ٦٤ رقم گندم نان ایرانی در شرایط ٦٠ میلی‌مولار کلرید سدیم

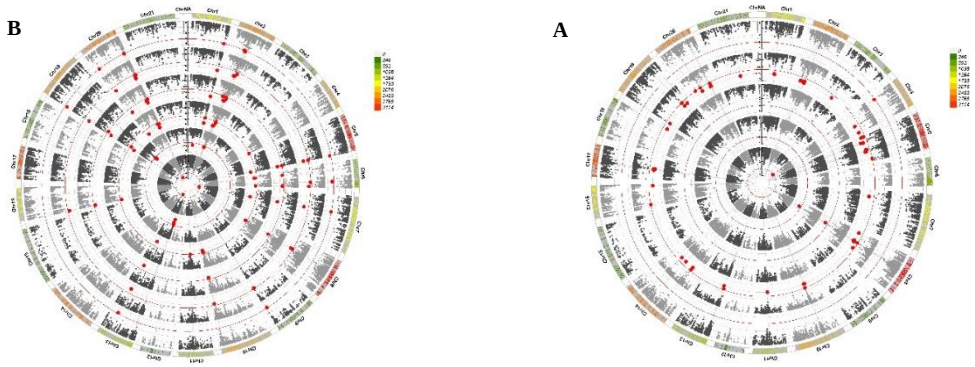
Table 2. Locus and number of marker-trait associations at the germination stage in 64 Iranian bread wheat cultivars under 60 mM NaCl conditions

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

جدول ۳- مکان ژنی و تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در مرحله جوانه‌زنی در ٦٤ رقم گندم نان ایرانی در شرایط ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم

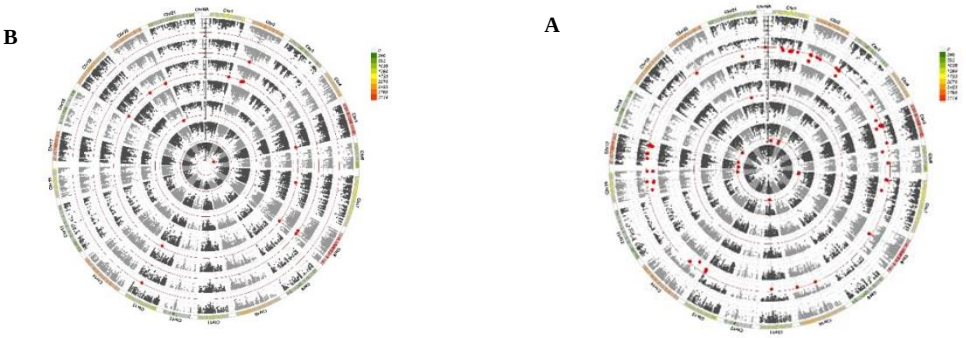
Table 3. Locus and number of marker-trait associations at the germination stage in 64 Iranian bread wheat cultivars under 120 mM NaCl stress conditions

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



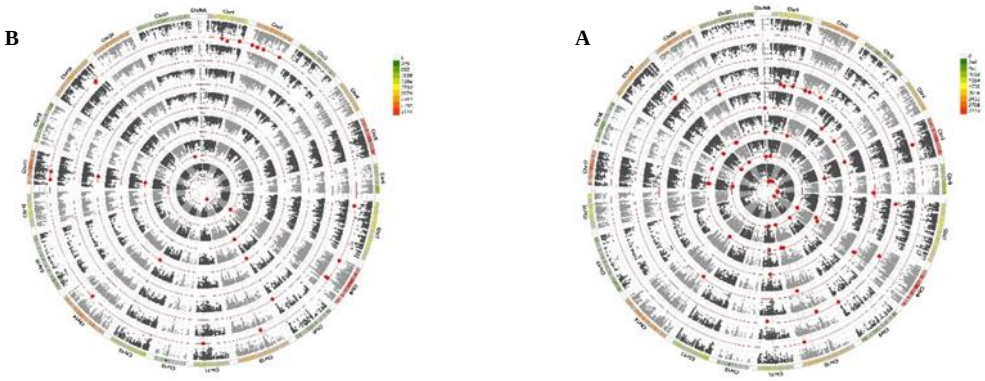
شکل ۲- نمودار تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در هر کروموزوم در هر ژنوم در شرایط شاهد. دایره‌های داخلی به خارجی نشان دهنده (A) وزن خشک گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی(DWG) ، وزن تر گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (FWG)، درصد جوانه‌زنی (GP)، انرژی جوانه‌زنی (GE)، شاخص جوانه‌زنی(GI) و سرعت جوانه‌زنی (GR)، (B) طول گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (PLG)، طول ریشه چه در مرحله جوانه‌زنی (RLG)، طول ساقه چه در مرحله جوانه‌زنی (SLG) و نسبت طول ساقه چه به ریشه چه(SLG/RLG) و بنیه بذر (SV) هستند.کروموزوم‌ها در بیرونی‌ترین دایره رسم شده‌اند و خطوط قرمز نقطه‌چین نازک نشان دهنده سطح معنی‌داری در log p-value>3- هستند. نقاط قرمز نشان دهندهSNP های مرتبط با ژنوم در سطح احتمال ۰/۰۰۱هستند.

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 outmost circle and thin dotted red lines indicate significant level at -log p-value>3. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.



شکل ۳- نمودار تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در هر کروموزوم در هر ژنوم در شرایط ۶۰ میلی‌مولار کلرید سدیم. دایره‌های داخلی به خارجی نشان دهنده موارد زیر هستند: (A) وزن خشک گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (DWG)، وزن تر گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (FWG)، طول گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (PLG)، طول ریشه چه در مرحلهٔ جوانه‌زنی (RLG)، طول ساقه چه در مرحلهٔ جوانه‌زنی (SLG) و نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه (SLG/RLG) و بنیه بذر (SV)، (B) انرژی نسبی جوانه‌زنی (RGE)، شاخص نسبی جوانه‌زنی (RGI)، سرعت نسبی جوانه‌زنی (RGR)، انرژی جوانه‌زنی(GE) ، شاخص جوانه‌زنی (GI)، درصد جوانه‌زنی (GP) و سرعت جوانه‌زنی(GR). کروموزوم‌ها در بیرونی‌ترین دایره رسم شده‌اند و خطوط قرمز نقطه‌چین نازک بیانگر سطح معنی‌داری در log p-value>3- هستند. نقاط قرمز نشان دهندهSNP های مرتبط با ژنوم در سطح احتمال ۰/۰۰۱ هستند.

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-value>3. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.



شکل ٤- نمودار تعداد ارتباطات نشانگر-صفت در هر کروموزوم در هر ژنوم در شرایط ۱۲۰ میلی‌مولار کلرید سدیم. دایره‌های داخلی به خارجی نشان دهنده موارد زیر هستند: (A) وزن خشک گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (DWG)، وزن تر گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (FWG)، انرژی جوانه‌زنی(GE) ، شاخص جوانه‌زنی (GI)، درصد جوانه‌زنی (GP)، سرعت جوانه‌زنی (GR) و بنیه بذر (SV)، (B) طول گیاهچه در مرحله جوانه‌زنی (PLG)، انرژی نسبی جوانه‌زنی (RGE)، شاخص نسبی جوانه‌زنی (RGI)، سرعت نسبی جوانه‌زنی (RGR)، طول ریشه چه در مرحله جوانه‌زنی (RLG)، طول ساقه چه در مرحله جوانه‌زنی (SLG) و نسبت طول ساقه چه به ریشه چه (SLG/RLG). کروموزوم‌ها در بیرونی‌ترین دایره رسم شده‌اند و خطوط قرمز نقطه‌چین نازک نشان دهنده سطح معنی‌داری در -log p-value>3 هستند. نقاط قرمز نشان دهندهSNP های مرتبط با ژنوم در سطح احتمال ۰/۰۰۱ هستند.

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-value>3. Red dots indicate genome-wide significantly associated SNPs at 0.001 probability level.

هستی‌شناسی

تحت شرایط شاهد در مرحلهٔ جوانه‌زنی ۳۳۰ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که در این بین ۴۲ نشانگر مهم و پلیوتروپ شناسایی شد که بیشتر روی کروموزم‌های 1B، 7A، 7B، 2B و 6A قرار داشتند. نشانگرهای واقع در کروموزم‌های 1B و 7B، در کنترل شاخص‌های جوانه‌زنی مانند درصد جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی نقش داشتند. نشانگرهای واقع در کروموزم 7A با کنترل وزن تر گیاهچه در ارتباط بودند. برخی از این ارتباطات نشانگر-صفت مسئول فرآیندهای بیولوژیکی و مولکولی مهمی از جمله انتقال پیام، رونویسی از الگوی DNA، فسفوریلاسیون پروتئین، کاتابولیت پروتئین وابسته به یوبیکوئیتین، پروتئولیز، تا شدن و اتصال پروتئین، پاسخ به گرما، مسیر پیام‌رسانی پروتئین کیناز و فعالیت کیناز، اتصال و فعالیت هیدرولیز ATP، اتصال ADP و فرآیند کاتابولیت لیپید هستند. از جمله نشانگرهای پلیوتروپ 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 rs41616 وrs41615 در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی و انرژی جوانه‌زنی مرتبط با یوبیکوئینه کردن پروتئین‌ها و اتصال پروتئین، نشانگر rs26515 در ارتباط با صفات درصد و انرژی جوانه‌زنی مرتبط با یوبیکوئینه

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 شاهد، در پایگاه داده David بررسی شده و مسیرهای مختلفی از جمله متابولیسم سیستئین و متیونین، متابولیسم گلوتاتیون، متابولیسم سولفور، متابولیسم اینوسیتول فسفات، متابولیسم گلیسرولیپید، متابولیسم گلیسروفسفولیپید، بیوسنتز کوفاکتورها، بیوسنتز اسیدهای آمینه و سیستم پیام رسانی 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 پلیوتروپ 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 سولفوترانسفراز، فرآیند متابولیک لیپید، فعالیت کانال و اکسیدوردوکتاز، فرآیند کاتابولیک وابسته به یوبیکوئیتین، یوبیکوئیتنه کردن پروتئین، پاسخ به محرک‌های زیستی و اتصال کالمودولین 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. سازوکارهای مولکولی مختلف برای افزایش تحمل به این تنش‌های محیطی وجود دارد. مسیرهای متابولیکی مختلف نقش مثبتی در پاسخ به تنش و تحمل 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 به طور قابل ملاحظه‌ای افزایش می‌یابد (Mattioni *et al.*, 1997). در مطالعهٔ دیگری روی ۳۰ رقم گندم، مقدار پرولین تحت تنش شوری در تمام ۳۰ رقم گندم مورد مطالعه به طور قابل توجهی در مقایسه با شرایط نرمال افزایش داشت. ارقام متحمل به شوری، تجمع پرولین بسیار بیشتری را در واکنش به تنش در مقایسه با ارقام حساس نشان دادند که نشان‌دهندهٔ نقش کلیدی این مولکول در سازوکار تحمل به شوری است (Poustini *et al.*, 2007). بتاآلانین یک اسیدآمینهٔ 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 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 ساقه چه، طول گیاهچه و بنیهٔ 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 دهندهٔ 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 کلرید سدیم در پایگاه داده David مورد بررسی قرار گرفته و مسیر ناقل‌های ABC یا ناقل های کاست متصل شونده به ATP شناسایی شد که یک ناقل غشایی پروتئینی است و وظیفه اصلی آن‌ها انتقال بسیاری از مواد از طریق غشا می‌باشد. ژن‌های ناقل ABC در آرابیدوپسیس 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 واکنش 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 تنش را کاهش می‌دهند (Kou *et al.*, 2024). گزارش شده این ناقل‌ها در واکنش و ایجاد تحمل به شوری نقش کلیدی دارند (Dahuja *et al.*, 2021).

جدول ٤- KEGG_PATHWAY برای ژن‌های پیش‌بینی‌شده در ارقام گندم نان بهاره ایرانی تحت شرایط شاهد و کلرید سدیم

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

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

نتیجه‌گیری

براساس مطالعه انجام شده، به ترتیب ژنوم B و ژنوم D بیشترین وکمترین تعداد SNP را داشتند. همچنین ژنوم B بیشترین و ژنوم D کمترین تعداد ارتباط معنی‌دار نشانگر-صفت را در هر سه شرایط مورد بررسی براساس صفات مورد مطالعه در مرحلهٔ جوانه‌زنی نشان دادند. در واقع تعداد ژنوم A و ژنوم B بیشترین ارتباطات معنی‌دار نشانگر-صفت را در این پژوهش داشتند. پس از تأیید نشانگرهای شناسایی شده در این تحقیق، در سایر جمعیت‌ها، می‌توان در مطالعات آینده برای تسریع برنامه‌های به‌نژادی گندم نان از آن‌ها استفاده نمود.

سپاس گزاری

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

References

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. https://doi.org/10.1016/j.chnaes.2020.04.002

Alipour, H., Bihamta, 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. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01293

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. https://doi.org/10.1007/s11105-022-01341-x

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. https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.06.042

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. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308

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. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.08.008

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. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.07.014

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. https://doi.org/10.1007/s11032-008-9171-9

Dubcovsky, J., & Dvorak, J. (2007). Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. *Science*, 316(5833), 1862-1866. https://doi.org/10.1126/science.1143986

Dowlat Abadi, Y., Najafi, H., Ranjbar, 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. https://doi.org/10.1534/g3.115.020362

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. https://doi.org/10.21273/JASHS.137.3.127

Hasseb, 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. https://doi.org/10.1007/s11103-022-01248-x

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. https://doi.org/10.1105/tpc.006858

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 bretchneideri). BMC Genomics*, 25(1), 169. https://doi.org/10.1186/s12864-024-10063-1

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. https://doi.org/10.1093/jxb/eraa500

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. https://doi.org/10.1007/s10681-018-2265-5

Lu, F., Lipka, A.E., Glaubitz, J., Elshire, R., Cherney, J.H., Casler, M.D., Buckler, E.S., & Costich, D.E. (2013). Switchgrass genomic diversity, ploidy, and evolution: novel insights from a network -based SNP discovery protocol. *PLoS Genetics*, 9(1), e1003215. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003215

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. https://doi.org/10.1007/s10681-006-9247-8

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. https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1997.tb01064.x

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), 97-111https://doi.org/10.22059/IJFCS.2020.296254.654685. [In Persian]

Munns, R., & Gilliham, M. (2015). Salinity tolerance of crops—what is the cost? *New Phytologist*, 208, 668–673. https://doi.org/10.1111/nph.13519

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). https://doi.org/10.29252/yujs.4.2.1 [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. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00921

Poustini, K., Siosemardeh, A. & Ranjbar, M. (2007). Proline accumulation as a response to salt stress in 30 wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars differing in salt tolerance. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54, 925–934. https://doi.org/10.1007/s10722-006-9165-6

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. https://doi.org/10.3390/app11156668

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. https://doi.org/20.1001.1.23832738.1400.34.2.8.7 [In Persian]

Rahnama, A., James, R.A., Poustini, K., & Munns, R. (2010). Stomatal conductance as a screen for osmotic stress tolerance in durum wheat growing in saline soil. *Functional Plant Biology*, 37, 255-263. https://doi.org/10.1071/FP09148

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. https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2008.01916.x

Razeghi Jahromi, F., Esmailpour, M., & Shahsavand Hassani, H. (2022). Investigation on some physiological traits of Tritipyrum lines in response to salinity stress. *Plant Productions*, 45(3), 409-420. https://doi.org/10.22055/ppd.2022.41353.2047 [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. https://doi.org/10.1007/s13562-019-00521-3

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. https://doi.org/10.1007/s10681-009-9919-2