ژنتیک نوین
دوره بیستم، شماره۲، تابستان ۱٤۰٤
صفحه ۹٦ – ۷۵

مطالعه ارتباطی جامع ژنوم (GWAS) در جمعیت‌های متنوع گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. *var durum*) برای تحمل تنش شوری

Genome Wide Association Study (GWAS) in a Diverse Population of Durum Wheat (*Triticum turgidum* L. var *durum*) for Tolernce to Salinity Stress

فروزان حیدری[۱]، محمدرضا بی‌همتا*[۲]، علی‌اشرف مهرابی[۳]، منصور امیدی[۲]

۱- دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

۲- استاد تمام، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

۳- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

Heydari F [1], Bihamta MR*[2], Mehrabi AA[3], Omidi M [2]

1- PhD Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

2- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

3- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture Resources, Shahed University, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mrghanad@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱٤۰٤/۰۷/۲٤ – تاریخ پذیرش: ۱٤۰٤/۱۱/۱۳)

چکیده

گندم دوروم (*Triticum durum Desf.*) که به‌عنوان گندم ماکارونی شناخته می‌شود گیاهی تتراپلوئید بوده که بعد از گندم نان دارای اهمیت بالایی در تأمین زنجیره غذایی انسان دارد. در بین تنش‌ها محیطی، شوری یکی از مخرب‌ترین تنش‌های غیر زنده است که تأثیر سویی بر رشد و نمو و عملکرد گندم دارد. این پژوهش با هدف شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با برخی از صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و فیزیولوژیک در دو محیط نرمال و تنش شوری انجام شد. مواد ژنتیکی شامل ۱۲۱ ژنوتیپ گندم دوروم بود که در قالب آزمایش حجیم شده در دو محیط نرمال و تنش شوری (آبیاری با آب شور دارای هدایت الکتریکی ۸/۲ دسی زیمنس بر متر) کشت شدند. نتایج به‌دست آمده از تجزیه و تحلیل داده‌های آزمایشی نشان داد تنوع ژنتیکی گسترده‌ای از نظر اکثر صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و فیزیولوژیک در ژنوتیپ‌های ارزیابی شده گندم دوروم وجود داشت. نتایج حاصل از تجزیه ارتباط داده‌های SNP و صفات اندازه‌گیری شده نشان داد در مجموع ۵۹۸ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار در محیط نرمال شناسایی شد که در بین آن‌ها ۱۰۱ نشانگر با بیش از یک صفت دارای ارتباط معنی‌داری بودند. دامنه ضریب تبیین (R2) نشانگرها بین ۰/۰۰٤ تا ۱۱/۸٤ درصد متغیر بود. در شرایط تنش شوری در مجموع ۵۰۳ ارتباط نشانگر-صفت معنی‌دار شناسایی شد که در بین آن‌ها ۸٤ نشانگر با بیش از یک صفت دارای ارتباط معنی‌داری بودند. دامنه ضریب تبیین (R2) نشانگرها بین ۰/۰۰۱ تا ۱۳/۵۳ درصد متغیر بود. در هر دو شرایط محیطی بیشترین ارتباطات معنی‌دار مربوط به ژنوم B بود. بررسی و مقایسه نشانگرهای پیوسته با صفات مختلف در هر دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داد ۱۹۷ نشانگر با حداقل یک صفت در هر دو محیط ارتباط معنی‌داری داشت. در بین نشانگرهای شناسایی شده نیز ۱۲ نشانگر با صفت PRL، پنج نشانگر با صفت AWL، چهار نشانگر با صفت LL و دو نشانگر با صفت Bio در هر دو محیط نرمال و تنش شوری مشترک بودند. به‌طور کلی با توجه به نتایج به‌دست آمده از این پژوهش می‌توان اظهار داشت ژنوتیپ‌های منتخب قابلیت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی گندم دوروم با هدف اصلاح برای افزایش تحمل به تنش را دارند. علاوه براین نیز می‌توان نشانگرهای شناسایی شده مرتبط با صفات را به‌منظور تعیین موقعیت دقیق آن‌ها روی کروموزوم، نقشه‌یابی دقیق یا فاین مپینگ نمود و پس از هم‌ردیفی و شناسایی ژن کاندید و انجام ژن کلونینگ در غنی‌سازی ژرم پلاسم الیت مورد استفاده قرار داد همچنین می‌توان پس از هم‌ردیفی و شناسایی ژن کاندید مسیر توسعه مارکرهای مولکولی مانند SCAR یا هرمی کردن کیوتی‌ال‌ها را دنبال کرد.

واژه‌های کلیدی

تجزیه ارتباطی
تنش شوری
صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک
عدم تعادل لینکاژی
نشانگر SNP

مقدمه

گندم دوروم با نام علمی *Triticum turgidum* var. *durum* گیاهی زراعی متعلق به خانواده پوآسه و تنها گونه تتراپلوئید زراعی از خانواده غلات می‌باشد. این گیاه زراعی دارای ساختار ژنومی AABB با ۲n=۲۸ کروموزوم می‌باشد که ژنوم‌های خود را از دو گونه *T. urartu* و *Aegilops speltoides* به ارث برده است. براساس آمار و اطلاعات موجود، سالانه ۴۰-۳۵ میلیون تن گندم دوروم تولید می‌شود و مشخص شده است که بیشترین میزان تولید مربوط به منطقه مدیترانه، آمریکای شمالی و همچنین کشورهای کانادا، مراکش، مکزیک و هند می‌باشد (Able and Sissons 2014). تولید کنندگان عمده گندم دوروم در حوضه مدیترانه قرار دارند و بیشترین میزان تولید مربوط به کشورهایی مانند الجزایر، ایتالیا، سوریه، مراکش، پرتغال، تونس، ترکیه، اسپانیا و یونان می‌باشند (Bonjean et al. 2016). در غرب آسیا نیز این گیاه زراعی اهمیت خود را حفظ کرده و حدود ۰/۷ میلیون هکتار از اراضی قابل کشت در کشورهای ایران، عراق و آذربایجان به کشت گندم دوروم اختصاص پیدا کرده است (Bojean et al. 2016). در ایران سطح زیر کشت گندم دوروم بین ۳۰۰ تا ۴۰۰ هزار هکتار برآورده شده است که عمدتاً در مناطق گرمسیری و معتدل کشور شامل استان‌های گلستان، برستان، کهگیلویه و بویراحمد، خوزستان، فارس، ایلام، اردبیل و کرمانشاه به‌صورت پراکنده واقع شده است (Mohammadi et al. 2016). با توجه به اهمیت و جایگاه گندم دوروم به نظر می‌رسد توسعه سطح زیر کشت آن و افزایش تعداد ارقام متحمل به انواع تنش‌های محیطی می‌تواند در افزایش تولید آن در کشور کمک نماید.

در مناطق مدیترانه‌ای به‌ویژه نواحی گرم و خشک، شوری خاک یکی از مخرب‌ترین تنش‌های غیرزیستی است که تأثیری سوء بر تولید محصولات زراعی دارد. پدیده گرم شدن کره زمین نیز از یکسو سبب کاهش منابع آبی برای کشاورزی و از سوی دیگر منجر به افزایش شوری زمین‌های قابل کشت در سراسر جهان شده است. از این‌رو، بهبود تحمل به تنش شوری در ارقام زراعی یکی از مهم‌ترین راه‌کارها برای افزایش عملکرد در محیط‌های شور است زیرا تحمل به شوری یک صفت بسیار پیچیده بوده و در هر دو سطح اندام و سلول، گیاه را با فرآیندهای بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی در مراحل مختلف رشد و نمو درگیر می‌کند (Liu et al. 2014). به‌عنوان مثال، پراکسید هیدروژن تولیدشده در شرایط تنش می‌تواند با رادیکال سوپراکسید واکنش دهد ومنجر به تولید رادیکال هیدروکسیل که به‌شدت واکنش‌پذیر است ومحرکی برای واکنش‌های زنجیره‌ای منجر به پراکسیداسیون لیپیدهای غشایی و تخریب پروتئین‌ها است، تولید شود (Bhatt et al. 2011). مالون‌دی‌آلدئید، محصول نهایی پراکسیداسیون لیپیدی است. شدت بروز پراکسیداسیون لیپیدی و نشت یونی به میزان تولید رادیکال‌های آزاد در گیاهان بستگی دارد. پراکسیداسیون لیپیدهای غشایی، یکی از دلایل اصلی کاهش سلامت و یکپارچگی غشاها است که منجر به افزایش نشت یونی می‌شود. بنابراین، شدت آسیب دیدگی غشاءها را در شرایط تنش‌های محیطی می‌توان با ارزیابی محتوای مالون‌دی‌آلدئید و نشت یونی ارزیابی نمود (Gimeno et al. 2014). از نقطه نظر مولکولی نیز مجموعه‌ای از سازوکارها در القای تحمل به تنش شوری دخیل هستند و منجر به افزایش تحمل گیاه تحت تنش شوری می‌شوند. به‌عنوان نمونه، زمانی که گیاه در معرض تنش شوری قرار می‌گیرد حسگرهای موجود غشای پلاسمایی فعال شده و باعث می‌شود غلظت یون‌های کلسیم موجود در سیتوپلاسم تغییر کند. این مسئله به نوبه خود سبب ایجاد انتقال پیام به ژن *SOS3* می‌شود. زمانی‌که این ژن پیامی مبتنی بر تغییر غلظت یون‌های کلسیم موجود در سیتوزول دریافت می‌کند با ژن *SOS2* برهمکنش می‌کند که نتیجه این واقعه فسفریله شدن سرین انتهای C در پروتئین SOS3 با پروتئین کیناز SOS2 است که خود به‌عنوان یک مکانیسم تنظیمی معمول در آرابیدوپسیس شناخته شده است (Liu et al. 2000). می‌رسد شناسایی جایگاه‌های ژنی مرتبط با هریک از صفات و ویژگی مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی می‌تواند در شناخت بهتر مکانسیم‌های تحمل به این تنش و به موازات اصلح برای بهبود پایه ژنتیکی ارقام متحمل به شوری مفید واقع شود.

در این راستا، نقشه‌یابی ارتباطی[1] یا نقشه‌یابی عدم تعادل لینکاژی یکی از اساسی‌ترین تجزیه‌های آماری جهت شناسایی چگونگی ارتباط بین نشانگرهای مولکولی مبتنی بر DNA و داده‌های فنوتیپی بوده که نه تنها امکان مکان‌یابی دقیق ژن‌ها و مکان‌های

[1] Association mapping (AM)

کنترل‌کننده صفات کمی را فراهم می‌کند، بلکه امکان شناسایی نواحی کروموزومی و نشانگرهایی که در مطالعات مبتنی بر پیوستگی امکان‌پذیر نیستند را فراهم می‌آورد. یکی از مهم‌ترین و پرکاربردترین نشانگرهای مولکولی در اکثر مطالعات انجام شده در سال‌های اخیر نشانگرهای SNP می‌باشد. چندشکلی حاصل از تفاوت‌های نوکلئوتیدی معمول‌ترین تفاوت‌های توالی در ژنوم هستند. این نشانگرها برای ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌ها بسیار مفید می‌باشند، زیرا فراوانی آن نسبت به دیگر نشانگرها بسیار زیاد بوده و ارزیابی افراد جمعیت به زمان کمتری نیاز دارد. علاوه بر این، به‌دلیل نرخ پایین جهش نسبت به نشانگرهای ریزماهواره، SNP برای مطالعه و بررسی چگونگی تکامل ژنوم بسیار مفیدتر می‌باشند (Varshney et al. 2007). Sukumara et al. (2018) به‌منظور شناسایی QTLهای مرتبط با عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن در ۲۰۸ لاین گندم دوروم تحت شرایط تنش‌های خشکی و گرما از نشانگرهای SNP استفاده نمودند و نتایج آن‌ها منجر به شناسایی برخی نواحی کنترل‌کننده دخیل در القای تحمل به تنش بر روی کروموزوم‌های A و B شد. در مطالعه دیگری Baloch et al. (2017) جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ای از ارقام گندم دوروم از نشانگرهای SNP به‌همراه DArTesq استفاده کردند. نتایج به‌دست آمده از این پژوهش نشان داد همبستگی مثبت و معنی‌داری بین این دو سیستم نشانگری وجود دارد. به‌عنوان نمونه‌ای دیگر از کاربرد نشانگرهای SNP می‌توان به استفاده از سیستم نشانگری برای بررسی پروتئین‌های شوک گرمایی در گندم نان نام برد. کارکرد پروتئین‌های شوک گرمایی به‌عنوان حامی مولکولی مسئول پیچش پروتئین، مونتاژ و سرهم کردن، بسیاری از فرآیندهای مولکولی تبادل و تجزیه، ثبات پروتئین‌ها و غشاءهای سلولی و همکاری در پیچش مجدد در شرایط تنش از جمله تنش گرما می‌باشد (Wang et al. 2004, Garg et al. 2012). در مطالعه Turki et al. (2023) مجموعه‌ای متشکل از ۱۶۳ لاین برگزیده از نسل F3 گندم دوروم در شرایط تنش شوری مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه روابط بین نشانگرهای SSR و درصد زنده‌مانی لاین‌ها در شرایط تنش شوری ۱۰۰ میلی‌مولار NaCl مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به نتایج به‌دست آمده از این مطالعه دو QTL بزرگ اثر برای مقاومت به تنش شوری بر روی کروموزوم‌های 4B و 5B شناسایی شد که مجموعاً ٦٨ درصد تغییرات مربوط به صفت زنده‌مانی را توجیه کردند. در یک مطالعه دیگر، Soriano et al. (2017) نقشه‌یابی ارتباطی را برای شناسایی مناطق ژنومی مؤثر بر عملکرد، فنولوژی و بیوماس یا زیست توده در جمعیتی متشکل از ۱۷۲ ژنوتیپ گندم دوروم اجرا و در مجموع ۲٤٥ ارتباط معنی‌دار نشانگر با صفت شناسایی شدند.

اهمیت گندم دوروم و نقش آن در تأمین بخشی از انرژی مورد نیاز جوامع انسانی از یک سو و افزایش اثرات مخرب تنش شوری بر کاهش تولیدات محصولات زراعی به‌ویژه گندم از سوی دیگر سبب شده است تا این مطالعه با هدف شناسایی نواحی کنترل کننده برخی از صفات مورفولوژیکی، فنولوژیکی، فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی در مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌های گندم دوروم جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران و جهان تحت تنش شوری انجام شود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد ارزیابی در این پژوهش شامل ۱۲۱ ژنوتیپ مختلف گندم دوروم بود (جدول ۱). آزمایش طی سال‌های زراعی ۰۲-۱٤۰۱ و ۰۳-۱٤۰۲ در محل ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی سیستان واقع در شهرستان زهک استان سیستان و بلوچستان با مشخصات طول جغرافیایی ٦۱ درجه و ٤۱ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ٥٤ دقیقه شمالی، و ارتفاع ٤۸۰ متری از سطح دریا کشت شد. بافت خاک از نوع لومی-شنی و دارای هدایت الکتریکی ٦/۲ دسی‌زیمنس بود. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در قالب طرح حجیم شده (آگمنت) و به‌صورت دستی کشت شدند. جهت برآورد خطای آزمایشی از ٥ ژنوتیپ شاهد با ۳ تکرار در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری استفاده شد. در هر یک از این دو محیط، ژنوتیپ‌ها در قالب سه بلوک با فاصله ردیف ۲۰ سانتی‌متر و خط کشت به طول یک متر کشت شدند. عمق تقریبی کاشت بین ۳ تا ٥ سانتی‌متر و فاصله بین دو محیط نرمال و تنش شوری ۲ متر در نظر گرفته شد. در طول فصل زراعی در مجموع برای تأمین نیاز غذایی، ۱٥۰ کیلوگرم در هکتار

کود اوره (قبل از آبیاری به‌صورت سرک)، ۱۵۰ کیلوگرم در هکتارکود فسفره و ٦۰ کیلوگرم در هکتار کود سولفات پتاسیم استفاده شد. آبیاری مزرعه به‌صورت کرتی و مبارزه با علف‌های هرز نیز با استفاده از دست انجام شد.

جدول ۱- لیست ژنوتیپ‌های گندم دوروم ارزیابی شده

منشأ	شماره بانک ژن	شماره	منشأ	شماره بانک ژن	شماره
لرستان	IUGB-00696	٤۰	کرخه (Karkheh)	۱C	۱
لرستان	IUGB-00698	٤۱	یاواروس (Yavaroos)	۲C	۲
لرستان	IUGB-00699	٤۲	ساجی (Saji)	۳C	۳
لرستان	IUGB-00701	٤۳	کریم (Karim)	٤C	٤
لرستان	IUGB-00702	٤٤	ریجاب (Rijab)	٥C	٥
لرستان	IUGB-00703	٤٥	اردبیل (مغان)	IUGB-00650	٦
کرمانشاه	IUGB-00704	٤٦	گرگان	IUGB-00651	۷
کرمانشاه	IUGB-00705	٤۷	آذربایجان شرقی (میانه)	IUGB-00652	۸
لرستان	IUGB-00706	٤۸	خراسان (شیروان)	IUGB-00653	۹
لرستان	IUGB-00707	٤۹	ایران، نامعلوم	IUGB-00654	۱۰
لرستان	IUGB-00708	٥۰	ایران، نامعلوم	IUGB-00655	۱۱
لرستان	IUGB-00709	٥۱	مشهد	IUGB-00657	۱۲
لرستان	IUGB-00710	٥۲	مشهد	IUGB-00659	۱۳
ایران، نامعلوم	IUGB-00711	٥۳	مشهد	IUGB-00660	۱٤
لرستان	IUGB-00712	٥٤	مشهد	IUGB-00661	۱٥
ایران، نامعلوم	IUGB-00713	٥٥	مشهد	IUGB-00662	۱٦
ایران، نامعلوم	IUGB-00714	٥٦	مشهد	IUGB-00663	۱۷
ایران، نامعلوم	IUGB-00715	٥۷	مشهد	IUGB-00664	۱۸
ایران، نامعلوم	IUGB-00716	٥۸	مشهد	IUGB-00665	۱۹
لرستان	IUGB-00717	٥۹	مشهد	IUGB-00666	۲۰
ایران، نامعلوم	IUGB-00718	٦۰	لرستان (گلوران)	IUGB-00667	۲۱
ایران، نامعلوم	IUGB-00719	٦۱	لرستان (گلوران)	IUGB-00668	۲۲
ایران، نامعلوم	IUGB-00720	٦۲	لرستان (کبکالی فلاوندی)	IUGB-00669	۲۳
ایران، نامعلوم	IUGB-00722	٦۳	لرستان (فلاوندی)	IUGB-00670	۲٤
ایران، نامعلوم	IUGB-00723	٦٤	لرستان (زیق آباد)	IUGB-00671	۲٥
ایران، نامعلوم	IUGB-00724	٦٥	کرج	IUGB-00676	۲٦
ایران، نامعلوم	IUGB-00725	٦٦	ایران، نامعلوم	IUGB-00678	۲۷
ایران، نامعلوم	IUGB-00726	٦۷	ایران، نامعلوم	IUGB-00679	۲۸
ایران، نامعلوم	IUGB-00727	٦۸	ایران، نامعلوم	IUGB-00680	۲۹
کرمان (بم)	IUGB-00728	٦۹	یوگسلاوی	IUGB-00681	۳۰
عراق	IUGB-00729	۷۰	ایران، نامعلوم	IUGB-00683	۳۱
خوزستان (شوشتر)	IUGB-00730	۷۱	ایران، نامعلوم	IUGB-00684	۳۲
کرمانشاه	IUGB-00732	۷۲	پرتغال	IUGB-00685	۳۳
اصفهان (گلپایگان)	IUGB-00733	۷۳	افغانستان	IUGB-00686	۳٤
ایران، نامعلوم	IUGB-00734	۷٤	بلغارستان	IUGB-00687	۳٥
ایران، نامعلوم	IUGB-00735	۷٥	آرژانتین	IUGB-00688	۳٦
ایران، نامعلوم	IUGB-00736	۷٦	استرالیا	IUGB-00689	۳۷
ایران، نامعلوم	IUGB-00737	۷۷	خوزستان (دزفول)	IUGB-00692	۳۸
ایران، نامعلوم	IUGB-00738	۷۸	لرستان	IUGB-00694	۳۹

جدول- ادامه

منشأ	شماره بانک ژن	شماره	منشأ	شماره بانک ژن	شماره
کرمانشاه	IUGB-00766	۱۰۱	مشهد	IUGB-00740	۷۹
کرمانشاه	IUGB-00768	۱۰۲	مشهد	IUGB-00741	۸۰
کرمانشاه	IUGB-00769	۱۰۳	مشهد	IUGB-00742	۸۱
کهکیلویه و بویر احمد (گچساران)	IUGB-00770	۱۰٤	مشهد	IUGB-00743	۸۲
کرمانشاه	IUGB-00771	۱۰۵	مشهد	IUGB-00744	۸۳
همدان	IUGB-00772	۱۰٦	مشهد	IUGB-00745	۸٤
خوزستان (ایذه)	IUGB-00774	۱۰۷	مشهد	IUGB-00746	۸۵
خوزستان (دزفول)	IUGB-00775	۱۰۸	مشهد	IUGB-00747	۸٦
خوزستان (دزفول)	IUGB-00776	۱۰۹	مشهد	IUGB-00749	۸۷
اردبیل	IUGB-00777	۱۱۰	مشهد	IUGB-00751	۸۸
اردبیل	IUGB-00778	۱۱۱	مشهد	IUGB-00752	۸۹
اردبیل	IUGB-00779	۱۱۲	مشهد	IUGB-00753	۹۰
آذربایجان شرقی (اهر)	IUGB-00780	۱۲۷	ایلام (دشت عباس)	IUGB-00755	۹۱
آذربایجان شرقی	IUGB-00784	۱۱۳	ایران، نامعلوم	IUGB-00756	۹۲
لرستان	IUGB-00785	۱۱٤	ایران، نامعلوم	IUGB-00757	۹۳
ایتالیا	IUGB-00786	۱۱۵	ایران، نامعلوم	IUGB-00758	۹٤
ایتالیا	IUGB-00787	۱۱٦	لرستان	IUGB-00759	۹۵
ایتالیا	IUGB-00788	۱۱۷	لرستان	IUGB-00760	۹٦
ایتالیا	IUGB-00790	۱۱۸	ایران، نامعلوم	IUGB-00761	۹۷
ایتالیا	IUGB-00791	۱۱۹	کرمانشاه (پاوه)	IUGB-00762	۹۸
ایتالیا	IUGB-00792	۱۲۰	کرمانشاه	IUGB-00763	۹۹
ایتالیا	IUGB-00793	۱۲۱	لرستان (دلفان)	IUGB-00764	۱۰۰

با بررسی منابع معتبر مشخص شد که گندم بیشترین حساسیت به شوری را در مرحله پنجه زنی تا ساقه روی دارد (Ranjbar, G.H. 2010; Maas, E.V. & Poss, J. A. 1989) و هر نوع تنش در این مرحله اجزای عملکرد مانند تعداد سنبله در واحد سطح و تعداد سنبلچه در سنبله را تحت تاثیر قرار می دهد. بدین دلیل تنش شوری در دو مرحله رشدی قبل پنجه زنی و قبل و حین ساقه روی، پشت هم طی سه دور آبیاری با آب شور (هدایت الکتریکی ۸/۲ دسی زیمنس بر متر) اعمال شد. پس از اعمال سومین دور آبیاری با آب شور مجدداً خصوصیات خاک به‌منظور رسیدن به هدایت الکتریکی مورد نظر (رسیدن به هدایت الکتریکی ۸ دسی زیمنس بر متر) اندازه‌گیری شد.

برای هر دو سال زراعی و در هر دو محیط کشت نرمال و تنش شوری ابتدا ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب، صفات مورد نظر در آن‌ها اندازه‌گیری شد و میانگین آن‌ها به‌عنوان داده نهایی گزارش شد. صفات فنولوژیکی شامل: تعداد روز از کشت تا سبز شدن[1] (DE)، و برای دیگر صفات فواصل بین دو تاریخ سبز شدن تا پنجه‌زنی[2] (DT)، ساقه‌دهی[3] (DS)، شکم خوشه[4] (DB)، ظهور سنبله[5] (DH)، گرده‌افشانی[6] (DA)، خمیری شدن دانه[7] (DD) و رسیدگی فیزیولوژیکی[8] (DM). یادداشت‌برداری برای صفات فنولوژیک زمانی انجام شد که ۵۰ درصد از گیاهان هر ژنوتیپ به مرحله رشدی مورد نظر رسیده بودند. علاوه براین، برخی از صفات مورفولوژیک شامل تعداد کل پنجه‌ها[9] (NT)، تعداد پنجه‌های نابارور[10] (IFT) و بارور[11] (FT)، قطر ساقه[12] (SD)،

[1] Day to Emergence (DE)

[2] Day to Tillering (DT)
[3] Day to Stem Elongation (DS)
[4] Day to Booting (DB)
[5] Day to Heading (DH)
[6] Day to Anthesis (DA)
[7] Day to Dough Development (DD)
[8] Day to Physiological Maturity (DM)
[9] Number of Tiller (NT)
[10] Number of Infertile Tiller (IFT)
[11] Number of Fertile Tiller (FT)
[12] Stem Diameter (SD)

طول[1] و عرض برگ پرچم[2] (LL و LW)، ارتفاع گیاه[3] (PH)، طول[4] و عرض سنبله[5] (SL و SW)، تعداد سنبلچه در سنبله[6] (NSS)، طول ریشک[7] (AWL)، طول[8] و قطر دانه[9] (GL و GD)، وزن هزار دانه[10] (TKW)، عملکرد دانه[11] (GY) و بیوماس[12] (Bio) نیز اندازه‌گیری شدند.

صفات فیزیولوژیک شامل: میزان اجزای کلروفیل[13] a، b و کل، کارتنوئید[14]، پرولین[15]، پروتئین[16] کل، آنتوسیانین[17] و فعالیت آنزیم‌های کاتالاز[18]، گایاکول پراکسیداز[19]، پلی فنل اکسیداز[20]، مالون دی آلدهید[21] و سوپراکسید دیسموتاز[22] بودند. نمونه‌برداری از برگ پرچم در مرحله گلدهی انجام و به‌ترتیب مطابق با دستور العمل‌های ارائه شده توسط Arnon (1967)، Bates (1973)، Bradford (1976)، Wagner (1979)، Beers and Sizer (1952)، Nakano and Asada (1981)، Nicoli et al (1991)، Heath and Packer (1968) و Giannopolities and Ries (1977) اندازه‌گیری شدند.

پس از جمع‌آوری داده‌های آزمایشی تجزیه‌های آماری با هدف اصلاح میانگین صفات اندازه‌گیری شده و برآورد ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV[23])، ژنتیکی (GCV[24]) و محیطی (ECV[25]) در مجموع ژنوتیپ‌های ارزیابی شده در هر دو محیط نرمال و تنش شوری انجام شد. جهت برآورد اثر تنش شوری بر صفات اندازه‌گیری شده از درصد تغییرات نسبی ایجاد شده استفاده شد. کلیه برآوردهای انجام شده با استفاده از بسته تحلیلی augmentedRCBD (Aravind et al. 2019) در محیط نرم‌افزار R انجام شد. ارزیابی ژنوتیپی جمعیت با استفاده از یک پانل 15K SNP انجام شد. اطلاعات مربوط به داده‌های ژنوتیپی و نحوه فراهم آوردن آن‌ها پیش‌تر توسط منصوری و همکاران (۱۳۹۶) ارائه شده است. از بین نشانگرهای در دسترس، تعداد ۶۳۲۲ نشانگر با مکان ژنومی مشخص و دارای فراوانی بیش از پنج درصد برای آلل مینور، جهت تعیین ساختار جمعیت و انجام تجزیه ارتباطی استفاده شد. بر اساس داده‌های مولکولی بدست آمده ابتدا ساختار ژنتیکی جمعیت و تعیین زیرجمعیت‌های احتمالی با روش گروه‌بندی Bayesian با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE ver.2.3.4 انجام شد. تعداد واقعی زیر جمعیت (K)، براساس معیار انتخابی یعنی LnP(D) و با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE HARVESTER تعیین شد (Earl and von Holdt 2012). برای تعیین ساختار جمعیت، یک تا ۱۰ زیرجمعیت (K) با سه تکرار و با ۱۰۰۰۰ دور (Burnin) و ۱۰۰۰۰۰ زنجیره MCMC ارزیابی شد. تجزیه ارتباطی بر اساس مدل مختلط و با استفاده از نرم‌افزار TASSEL محاسبه شد.

نتایج و بحث

به‌منظور بررسی اطلاع از سطح تنوع ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌های ارزیابی شده برخی از آماره‌های توصیفی به تفکیک سال و هر یک از محیط‌های نرمال و تنش شوری محاسبه و در جدول ۲ ارائه شده‌اند. در محیط نرمال و سال اول بیشتر صفات اندازه‌گیری شده دارای دامنه تغییرات وسیعی بودند که نتیجه خود بیانگر وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در مجموعه ژرم‌پلاسم گندم دوروم مورد مطالعه می‌باشد. بیشترین مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV) مربوط به صفات میزان پروتئین (۵۱/۵۵ درصد)، عملکرد دانه (۳۷/۲۳ درصد)، تعداد پنجه‌های بارور (۳۳/۲۶ درصد) و بیوماس (۲۹/۹۱ درصد) بود. میزان پروتئین و به دنبال آن صفات عملکرد دانه، بیوماس، میزان پلی فنل اکسیداز به ترتیب

[1] Flag Leaf Length (LL)
[2] Flag Leaf Width (LW)
[3] Plant Height (PH)
[4] Spike Length (SL)
[5] Spike width (SW)
[6] Number of Spikelet per Spike (NSS)
[7] Awn Length (AWL)
[8] Grain Length (GL)
[9] Grain Diameter (GD)
[10] Thousand Kernel Weight (TKW)
[11] Grain Yield (GY)
[12] Biomass (Bio)
[13] Chlorophyll (Chl)
[14] Carotenoid (CAR)
[15] Proline (PRL)
[16] Protein (PRT)
[17] Anthocyanin (ANT)
[18] Catalase (CAT)
[19] Gayacol Peroxidase (GPX)
[20] Polyphenol Oxidase (PPO)
[21] Malone dialdehyde (MDA)
[22] Superoxide Dismutase (SOD)
[23] Phenotypic coefficient of variance
[24] Genotypic coefficient of variance
[25] Environmental coefficient of varince

با ٤٨/٦٥، ٣٣/٦٥، ٢٩/٢٣، ٢٨/٣٢، ٢٥/٨٧ درصد دارای بیشترین مقادیر ضریب تغییرات ژنتیکی (GCV) بودند. کمترین ضریب تغییرات محیطی (ECV) نیز مربوط به صفات فنولوژیکی و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدان بود. در محیط تنش شوری در این سال، گستردگی تنوع ژنتیکی از نظر صفات اندازه‌گیری شده بیشتر از محیط نرمال بود که خود نشان دهنده پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌های ارزیابی شده به تنش شوری می‌باشد. بیشترین مقادیر PCV مربوط به صفات میزان پروتئین (٤٦/٤٦ درصد)، میزان مالون دی‌آلدهید (٣٦/٧٢ درصد)، عملکرد دانه (٣٥/٧٩ درصد)، کلروفیل a (٣٠/٧٥ درصد)، کلروفیل b (٢٩/٩١ درصد) و کلروفیل کل (٢٨/٥٨ درصد) بود. این صفات به همراه بیوماس اندام‌های هوایی دارای بیشترین مقدار GCV نیز بود. در سال دوم اجرای آزمایش نیز گستردگی دامنه تغییرات برای بیشتر صفات اندازه‌گیری شده مشاهده شد. به‌طور خلاصه صفات میزان پروتئین، بیوماس، عملکرد دانه، فعالیت آنزیم پلی فنل پراکسیداز، فعالیت آنزیم کاتالاز و تعداد پنجه‌های نابارور به‌ترتیب با مقادیر ٥١/٢٠، ٢٨/٢٤، ٢٦/٩٩، ٢٣/١٥، ٢٢/٨٥ و ٢٢/٢٢ درصد دارای بیشترین میزان تنوع فنوتیپی بودند. از نظر GCV نیز این صفات به‌همراه میزان آنتوسیانین بیشترین مقادیر GCV را به خود اختصاص دادند. در محیط تنش شوری مقادیر ضرایب تنوع ژنتیکی متفاوت‌تر از سال قبل و محیط نرمال بود. بیشترین مقدار PCV برای صفات میزان پروتئین (١٧/٥٠ درصد)، تعداد پنجه‌های نابارور (١٥/٥٣ درصد)، عملکرد دانه (١٢/٣١ درصد)، عرض سنبله (١١/٥١ درصد) و تعداد پنجه‌های بارور (١١/٢٦ درصد) مشاهده شد. مقادیر GCV نسبت به PCV برای بیشتر صفات بیشتر بود و صفات میزان پروتئین (٤٨/٦٥ درصد)، عملکرد دانه (٣٣/٦٥ درصد)، تعداد پنجه‌های نابارور (٢٩/٩٤ درصد)، بیوماس (٢٩/٢٣ درصد) و میزان پرولین (٢٨/٣٢ درصد) بیشترین مقادیر GCV را به خود اختصاص دادند (جدول ٢).

وجود تنوع ژنتیکی بالا و همچنین پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها به شرایط رشدی می‌باشد که این نتیجه بیانگر وجود پتانسیل قابل استفاده این مواد ژنتیکی جهت به‌کارگیری از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی گندم دوروم است. به‌عنوان مثال در محیط تنش دست‌یابی به مواد ژنتیکی زودرس و در عین حال دارای دوره پر شدن بلندتر به‌عنوان یکی از استراتژی‌های تحمل برای ثبات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در نظر گرفته می‌شود (Saberi et al. 2015). پیش از این Salehi et al. (2015) نیز با ارزیابی ١١٤ ژنوتیپ گندم دوروم در دو محیط نرمال و تنش شوری اظهار داشتند انتخاب بر اساس صفات مربوط به زودرسی و دوره پر شدن دانه با در نظر گرفتن سایر پارامترهای مرتبط با عملکرد دانه می‌تواند در افزایش مقاومت به شوری موثر باشد. ژنوتیپ‌هایی که دارای تاریخ ظهور سنبله و رسیدگی فیزیولوژیک کوتاه‌تر و به موازات آن دوره پر شدن دانه بلندتر باشند می‌توانند سیکل رشدی خود را زودتر کامل کرده و از قرار گرفتن مدت طولانی‌تر و شرایط دوچندان تنش پایان فصل مصون بمانند (Tabatabaei et al. 2013). در بسیاری از مطالعات پیشین نیز سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر صفات مورفولوژیک و زراعی در مجموعه‌های مختلفی از ژرم‌پلاسم گندم دوروم گزارش شده است که در این راستا نتایج به‌دست آمده از این پژوهش مطابق با نتایج گزارش شده می‌باشد (Poursiahbidi et al. 2013; Pour-Aboughadareh et al. 2020; Mehrabi et al. 2020; Dagnaw et al. 2023).

صفات فیزیولوژیکی نیز نقش مهمی در برآورد تنوع ژنتیکی موجود در منابع ژرم‌پلاسمی دارد. به عبارت دیگر این صفات ابزارهای مهمی جهت شناسایی مواد ژنتیکی مقاوم به تنش‌های محیطی محسوب می‌شوند. خدادادی و همکاران (Khodadadi et al. 2023) تنوع ژنتیکی قابل توجهی از صفات فیزیولوژیک را بین توده‌های بومی گندم گزارش کردند. همچنین در مطالعه محمدی و همکاران (Mohammadi et al. 2021) نیز تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای از نظر برخی از صفات فیزیولوژیک مانند دمای کانوپی و شاخص سبزینگی در مجموعه‌ای متشکل از ٢٢٠ ژنوتیپ گندم دوروم گزارش شد. در مطالعه احمدی و همکاران (Ahmadi et al. 2018) سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر فعالیت‌های آنتی‌اکسیدانی و سایر پارامترهای فیزیولوژیکی در مجموعه‌ای از ارقام گندم و خویشاوندان وحشی آن گزارش شده است. در مطالعه انجام شده توسط پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh et al. 2020) تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر صفات فیزیولوژیکی و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانی در شرایط تنش اسمزی در مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌های گندم دوروم گزارش شده

است. به‌طور کلی نتایج به‌دست آمده از این پژوهش با یافته‌های گزارش شده توسط سایر محققان مطابقت داشت.

درصد تغییرات نسبی به‌وجود آمده به‌واسطه تنش شوری در مقایسه با محیط نرمال به‌عنوان معیاری جهت ارزیابی اثر تنش شوری بر هر یک از صفات اندازه‌گیری شد. با توجه به نتایج به‌دست آمده مشخص شد تنش شوری به‌طور معنی‌داری سبب کاهش برخی از صفات فنولوژیک و مورفولوژیک شده است (جدول ۳).

جدول ۲- مقادیر ضرایب تنوع ژنتیکی محاسبه شده مربوط به صفات اندازه‌گیری شده در دو محیط نرمال و تنش شوری

صفات	سال اول نرمال			سال اول تنش شوری			سال دوم نرمال			سال دوم تنش شوری		
	PCV	GCV	ECV	PCV	GCV	ECV	PCV	GCV	ECV	PCV	GCV	ECV
تعداد روز تا سبز شدن	۸/۹۶	۸/۹۶	۰/۰۰۱	۹/۱۵	۹/۱۵	۰/۰۰۱	۱۲/۳۸	null	۱۷/٤۷	٦/۰۸	۸/۹٦	۰/۱۰
تعداد روز تا پنجه‌دهی	۸/٦٤	۸/٦٤	۰/۰۰۱	۸/۵۳	۸/۵۳	۰/۰۰۱	۸/۷۰	۸/٦۷	۰/۷۳	۱/۵۰	۸/٦٤	۰/۱۰
تعداد روز تا ساقه‌دهی	۳/۹۱	۳/۹۱	۰/۰۰۱	۳/۹۱	۳/۹۱	۰/۰۰۱	٤/۸۸	۳/٦٦	۳/۲۳	۰/٤۰	۳/۹۱	۰/۱۰
تعداد روز تا شکم خوشه	۷/۹۲	۷/۵۱	۲/۵۳	۸/٤۰	۸/٤۰	۰/۰۰۱	٦/۵۹	٦/۵۹	۰/۲٤	۲/۷۵	۷/۵۱	۲/۵۳
تعداد روز تا ظهور سنبله	۷/۱۹	٦/۷۸	۲/۳۹	۷/۸۳	۷/۸۳	۰/۰۰۱	۵/۸۷	۵/۸۷	۰/۰۰۱	۱/۱۹	٦/۷۸	۲/۳۹
تعداد روز تا گرده‌افشانی	۷/۱۸	٦/۷۹	۲/۳۳	۷/٤۷	۷/٤۷	۰/۰۰۱	۵/٦۵	۵/٦۵	۰/۰۰۱	۲/۳۵	٦/۷۹	۲/۳۳
تعداد روز تا خمیری شدن دانه	٦/۷۹	٦/٤٦	۲/۱۰	٦/۹۳	۵/۵۸	٤/۱۲	۵/۲۵	۵/۲۵	۰/۰۰۱	۲/۱۲	٦/٤٦	۲/۱۰
تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی	۵/۸۳	۵/۸۳	۰/۱۷	٦/٤۳	٦/۰۱	۲/۲٦	٤/۸۲	٤/۸۲	۰/۰۰۱	۰/۱۸	۵/۸۳	۰/۱۷
طول دوره پرشدن دانه	۸/۲۷	null	۱۰/۹۰	۱٤/٦۲	۷/۸۷	۱۲/۳۲	۱۰/۵۰	۱۰/۵۰	۰/۰۰۱	۱۰/۹٤	null	۱۰/۹۰
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۱۱/۱۲	۱۱/۱۲	۰/۱۳	۱۳/۹٦	۱۳/۸۵	۱/۷۷	۹/۵۲	۹/۵۱	۰/٤۵	۰/۸۰	۱۱/۱۲	۰/۱۳
طول برگ پرچم (سانتی متر)	۱٤/۲٦	۱۳/٤٦	٤/۷۰	۱٤/۷۱	۱۲/۵٤	۷/٦۹	۱۳/۵۵	۱۲/٤۲	۵/٤۰	٦/۵۷	۱۳/٤٦	٤/۷۰
عرض برگ پرچم (سانتی متر)	۱۱/۳۷	٦/۷٤	۹/۱۵	۱۲/٦۰	۱۱/۱۳	۵/۹۰	۱۱/۳۸	۱۰/۰٦	۵/۳۱	۸/۸۵	٦/۷٤	۹/۱۵
تعداد کل پنجه‌ها	۲٦/۳۹	۲٦	٤/۵۵	۱۱/٦۹	۲۰/۱۸	۱۰/۳۸	۲۰/۰۵	۱۷/۵۷	۹/٦٦	۸/۷٤	۲٦	٤/۵۵
تعداد پنجه‌های بارور	۳۳/۷٦	۲۹/۹٤	۱۵/٦۱	۲۸/۹۳	۲٦/۳۱	۱۲/۰٤	۲۰/۹۹	۱۸/۲٤	۱۰/۳۸	۱۱/۲٦	۲۹/۹٤	۱۵/٦۱
تعداد پنجه‌های نابارور	۲۸/۱۵	null	۳۱/۳٤	۲۸/۳۰	۱۳/۵٤	۲٤/۸۵	۲۲/۲۲	۱٤/۳۵	۱٦/۹٦	۱۵/۵۳	null	۳۱/۳٤
قطر ساقه (میلی متر)	۱۰/٤۳	۸/٤٤	٦/۱۳	۱۱/۲۸	۱۱/۰۲	۲/٤۵	۹/۳۹	۹/۰٦	۲/٤۸	۳/۸۲	۸/٤٤	٦/۱۳
طول ریشک (سانتی متر)	۱۷/۱۳	۱٦/۹۹	۲/۲۲	۱۸/۲۰	۱۸/۲۰	۰/٤۳	۱۷/٤۲	۱۷/۳۵	۱/۵۲	۰/۹۰	۱٦/۹۹	۲/۲۲
عرض سنبله (سانتی متر)	۱۲/٦۵	۱۰/۲۹	۷/۳۵	۲۰/٤۰	۹/۳۵	۱۸/۱۳	۱۱/۷٤	۱۰/۵۹	۵/۰٦	۱۱/۵۱	۱۰/۲۹	۷/۳۵
طول سنبله (سانتی متر)	۱۳/۲۷	۱۲/۳۳	٤/۹۱	۱۵/٦۵	۱۳/۳۰	۸/۲٤	۱۲/٤٦	۱۲/۲۳	۲/۳۷	۵/۱۳	۱۲/۳۳	٤/۹۱
تعداد سنبلچه در سنبله	۱۲/۷۷	۱۱/٦۲	۵/۲۸	۱٤/٦۳	۱٤/٦۰	۱/۰۱	۱۱/۸۹	۱۰/۳٤	۵/۸۸	۲/۲۱	۱۱/٦۲	۵/۲۸
قطر دانه (میلی متر)	۷/۱۰	٦/۵٦	۲/۷۱	٦/٦٤	٤/۵۷	٤/۸۲	۵/۷۳	٤/۲٤	۳/۸٦	۲/۳۷	٦/۵٦	۲/۷۱
طول دانه (میلی متر)	٦/۵۳	null	۷/٦۰	۷/٦۸	۷/۲۵	۲/۵۳	٦/۱۳	٦/۰۳	۱/۱۱	۲/٦۳	null	۷/٦۰
وزن هزار دانه (گرم)	۱۱/۷۱	۱۱/۲۳	۳/۲۹	۱۳/۸٤	۱۳/۵۲	۲/۹۷	۱۲/۳۷	۱۱/۷۳	۳/۹۵	۲/۹۵	۱۱/۲۳	۳/۲۹
عملکرد دانه (گرم در تک بوته)	۳۷/۲۳	۳۳/٦۵	۱۵/۹۳	۳۵/۷۹	۳۳/۷٦	۱۱/۸۷	۲٦/۹۹	۲٤/۰۲	۱۲/۳۲	۱۲/۳۱	۳۳/٦۵	۱۵/۹۳
بیوماس (گرم در تک بوته)	۲۹/۹۱	۲۹/۲۳	٦/۳۳	۳۱/۷۷	۳۰/۱۳	۱۰/۰٦	۲۸/۲٤	۲۷/۸۰	٤/۹٤	٦/۳۰	۲۹/۲۳	٦/۳۳
پروتئین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۵۱/۵۵	٤۸/٦۵	۱۷/۰۳	٤٦/٤٦	۳۷/۹۸	۲٦/۷٦	۵۱/۲۰	٤۸/۹۲	۱۵/۰۹	۱۷/۵۰	٤۸/٦۵	۱۷/۰۳
پلی‌فنل اکسیداز (واحد/گرم وزن تر)	۲۵/۸۷	۲۵/۸۷	۰/۵۱	۸/٦۰	۸/۵۷	۰/۷۱	۲۳/۱۵	۲۳/۱۵	۰/۳٤	۰/۵۲	۲۵/۸۷	۰/۵۱
گایاکول پراکسیداز (واحد/گرم وزن تر)	۲۰/۹٦	۲۰/۹٦	۰/۰۰۱	۹/٦۹	۹/٦۹	۰/۲۱	۲۰/۳۵	۱۷/٤۹	۱۰/۳۹	۰/۰۰۱	۲۰/۹٦	۰/۱۰
سوپراکسید دیسموتاز (واحد/گرم وزن تر)	۱۸/۲۲	۱۸/۲۲	۰/۲۷	۱۰/۸٦	۱۰/۸٦	۰/۱۹	۱۹/۳٤	۱۹/۳۲	۰/۹٤	۰/۲۸	۱۸/۲۲	۰/۲۷
کاتالاز (واحد/گرم وزن تر)	۲۱/٤۵	۲۱/٤۵	۰/۳۳	۸/۲۹	۸/۲۹	۰/۰۰۱	۲۲/۸۵	۲۲/۸۵	۰/۲۸	۰/۳۳	۲۱/٤۵	۰/۳۳
آنتوسیانین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۱۰/۸۱	۱۰/۸۰	۰/۳۰	۱۱/٦۹	۱۱/٦۹	۰۱/۲۸	۲۰/۹۹	۲۰/۹۹	۰/۳۰	۰/۳۰	۱۰/۸۰	۰/۳۰
مالون دی‌آلدهید (نانومول/گرم وزن تر)	۹/۹٤	۹/۹٤	۰/۱۱	۳٦/۷۲	۳۵/۹٤	۷/۵۵	۹/۸٤	۹/۸٤	۰/۰۷	۰/۱۱	۹/۹٤	۰/۱۱
پرولین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۲۹/۲۷	۲۸/۳۲	۷/۳۹	۱۸/٦٤	۱۸/٦٤	۰/۲۷	۱۹/۰٤	۱۷/٦۲	۷/۲۱	۷/۳٦	۲۸/۳۲	۷/۳۹
کلروفیل a (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۲/۵۸	۲/۳۹	۰/۹۷	۳۰/۷۵	۳۰/۷٤	۰/۸۰	۲/۵۷	۲/۵۰	۰/٦۰	۰/۹۸	۲/۳۹	۰/۹۷
کلروفیل b (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۹/٦۲	۹/۵۹	۰/۸۰	۲۹/۹۱	۲۹/۹۰	۰/۹٦	۱۰/۱۷	۱۰/۱٦	۰/۳۳	۰/۸۱	۹/۵۹	۰/۸۰
کلروفیل کل (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۵/۳۳	۵/۲۸	۰/۷٤	۲۸/۵۸	۲۸/۵۷	۰/۵۹	۵/٤۰	۵/۳۹	۰/۳۵	۰/۷۵	۵/۲۸	۰/۷٤
کارتنوئید (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	۱۰/۸۹	۱۰/۸۸	۰/٤۹	۱۱/۳۸	۱۱/۲۰	۱/۹۹	۱۰/۸۹	۱۰/۸۸	۰/٤۹	۰/٤۹	۱۰/۸۸	۰/٤۹

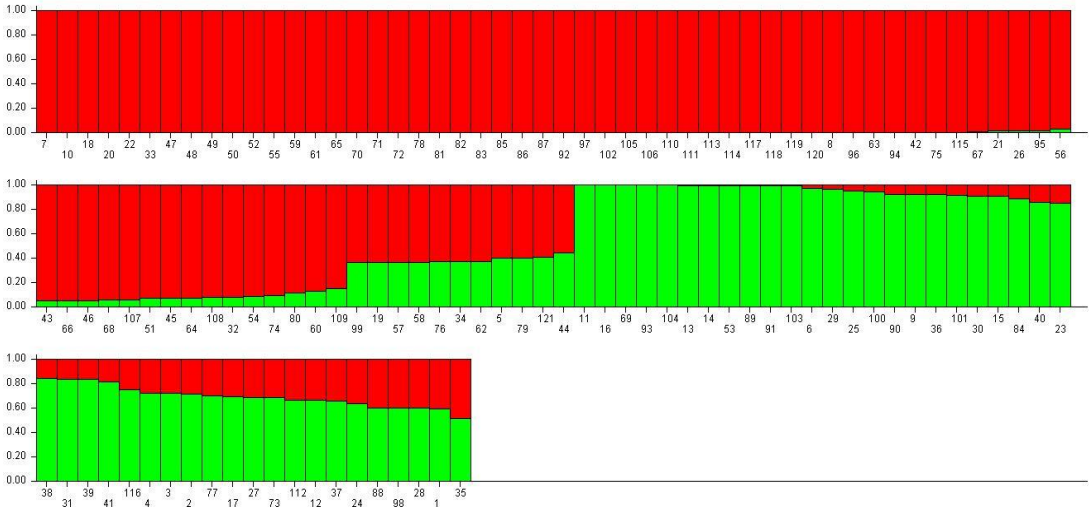
جدول ۳- میانگین صفات اندازه‌گیری شده و درصد تغییرات به وجود آمده توسط تنش شوری نسبت به محیط نرمال

صفات		سال اول			سال دوم			میانگین دو سال		
		نرمال	شوری	تغییر نسبی	نرمال	شوری	تغییر نسبی	نرمال	شوری	تغییر نسبی
تعداد روز تا سبز شدن	DE	۱۲/۳۷	۱۲/۳۹	۰/۱۳	۱۱/۸۲	۱۳/۱۲	۱۱/۰۱	۱۲/۱۰	۱۲/۷۶	۵/۴۵
تعداد روز تا پنجه‌دهی	DT	۴۶/۸۳	۴۶/۷۵	-۰/۱۶	۳۵/۳۹	۳۶/۸۲	۴/۰۴	۴۱/۱۱	۴۱/۷۸	۱/۶۵
تعداد روز تا ساقه‌دهی	DS	۷۱/۴۸	۷۱/۵۰	۰/۰۳	۶۳/۹۰	۶۵/۵۸	۲/۶۳	۶۷/۶۹	۶۸/۵۴	۱/۲۶
تعداد روز تا شکم خوشه	DB	۱۱۲/۳۰	۱۰۷/۹۱	-۳/۹۱	۱۰۸/۲۵	۱۰۵/۶۱	-۲/۴۴	۱۱۰/۲۷	۱۰۶/۷۶	-۳/۱۹
تعداد روز تا ظهور سنبله	DH	۱۱۸/۰۲	۱۱۳/۰۸	-۴/۱۸	۱۱۳/۷۲	۱۱۰/۸۵	-۲/۵۳	۱۱۵/۸۷	۱۱۱/۹۶	-۳/۳۷
تعداد روز تا گرده‌افشانی	DA	۱۲۱/۶۸	۱۱۷/۱۰	-۳/۷۷	۱۱۸/۶۰	۱۱۳/۳۲	-۴/۴۴	۱۲۰/۱۴	۱۱۵/۲۱	-۴/۱۰
تعداد روز تا خمیری شدن دانه	DD	۱۳۴/۹۳	۱۳۰/۸۷	-۳/۰۱	۱۳۲/۱۵	۱۲۹/۵۶	-۱/۹۶	۱۳۳/۵۴	۱۳۰/۲۲	-۲/۴۹
تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی	DM	۱۴۷/۵۵	۱۴۳/۴۴	-۲/۷۹	۱۴۵/۱۳	۱۴۲/۳۷	-۱/۹۰	۱۴۶/۳۴	۱۴۲/۹۰	-۲/۳۵
طول دوره پرشدن دانه	GFP	۲۵/۸۷	۲۶/۳۴	۱/۷۹	۲۶/۵۴	۲۹/۰۶	۹/۵۰	۲۶/۲۱	۲۷/۷۰	۵/۶۹
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	PH	۸۱/۰۳	۶۷/۴۲	-۱۶/۷۹	۹۲/۰۱	۶۴/۶۵	-۲۹/۷۳	۸۶/۵۲	۶۶/۰۴	-۲۳/۶۷
طول برگ پرچم (سانتی متر)	LL	۲۴/۹۲	۱۸/۹۵	-۲۳/۹۵	۲۵/۹۳	۱۸/۱۶	-۳۰/۰۰	۲۵/۴۳	۱۸/۵۵	-۲۷/۰۴
عرض برگ پرچم (سانتی متر)	LW	۱/۷۰	۱/۳۱	-۲۲/۶۵	۱/۷۵	۱/۳۰	-۲۵/۶۹	۱/۷۲	۱/۳۱	-۲۴/۱۹
طول ریشک (سانتی متر)	AWL	۱۳/۳۹	۱۲/۰۱	-۱۰/۳۰	۱۳/۲۱	۱۱/۹۵	-۹/۴۹	۱۳/۳۰	۱۱/۹۸	-۹/۹۰
قطر ساقه (میلی متر)	SD	۲/۸۲	۲/۲۴	-۲۰/۶۹	۲/۹۵	۲/۲۷	-۲۳/۱۵	۲/۸۹	۲/۲۵	-۲۱/۹۵
عرض سنبله (سانتی متر)	SW	۱/۴۵	۱/۱۸	-۱۸/۱۴	۱/۷۵	۱/۱۴	-۳۵/۰۴	۱/۶۰	۱/۱۶	-۲۷/۳۹
طول سنبله (سانتی متر)	SL	۷/۸۵	۷/۱۵	-۸/۹۶	۸/۰۹	۷/۰۰	-۱۳/۴۶	۷/۹۷	۷/۰۷	-۱۱/۲۴
قطر دانه (میلی متر)	GD	۳/۰۹	۲/۸۶	-۷/۵۸	۳/۱۹	۲/۷۰	-۱۵/۳۹	۳/۱۴	۲/۷۸	-۱۱/۵۴
طول دانه (میلی متر)	GL	۷/۶۵	۷/۴۴	-۲/۸۰	۷/۸۷	۷/۴۱	-۵/۹۴	۷/۷۶	۷/۴۲	-۴/۳۹
تعداد کل پنجه‌ها	NT	۷/۵۰	۵/۲۷	-۲۹/۷۰	۸/۴۴	۵/۳۶	-۳۶/۵۵	۷/۹۷	۵/۳۲	-۳۳/۳۳
تعداد پنجه‌های بارور	FT	۴/۹۶	۲/۸۴	-۴۲/۷۸	۴/۴۸	۲/۹۰	-۳۵/۲۳	۴/۷۲	۲/۸۷	-۳۹/۲۰
تعداد پنجه‌های نابارور	IFT	۲/۵۴	۲/۴۴	-۴/۱۸	۳/۹۶	۲/۴۷	-۳۷/۶۷	۳/۲۵	۲/۴۵	-۲۴/۵۸
تعداد سنبلچه در سنبله	NSS	۱۴/۷۱	۱۲/۷۹	-۱۳/۰۶	۱۵/۴۹	۱۱/۸۸	-۲۳/۲۹	۱۵/۱۰	۱۲/۳۳	-۱۸/۳۱
وزن هزار دانه (گرم)	TKW	۳/۸۷	۳/۵۵	-۸/۳۴	۴/۱۷	۳/۴۸	-۱۶/۴۶	۴/۰۲	۳/۵۱	-۱۲/۵۵
عملکرد دانه (گرم در تک بوته)	GY	۵/۶۴	۲/۵۸	-۵۴/۲۶	۵/۷۸	۲/۴۳	-۵۷/۹۱	۵/۷۱	۲/۵۱	-۵۶/۱۰
بیوماس (گرم در تک بوته)	Bio	۲۶/۸۹	۱۸/۲۴	-۳۲/۱۷	۲۹/۲۳	۱۷/۴۸	-۴۰/۲۰	۲۸/۸۰	۱۷/۸۷	-۳۷/۹۵
پروتئین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	PRT	۲/۰۲	۲/۶۴	۳۰/۶۱	۱/۷۴	۲/۳۹	۳۷/۰۴	۱/۸۸	۲/۵۱	۳۳/۵۹
پلی‌فنل اکسیداز (واحد/گرم وزن تر)	PPO	۰/۶۲	۱/۳۵	۱۱۶/۱۸	۰/۷۶	۱/۵۴	۱۰۲/۴۲	۰/۶۹	۱/۴۵	۱۰۸/۶۱
گایاکول پراکسیداز (واحد/گرم وزن تر)	GPX	۰/۷۷	۱/۵۰	۹۵/۶۴	۰/۸۱	۱/۵۳	۹۰/۵۴	۰/۷۹	۱/۵۲	۹۳/۰۳
سوپراکسید دیسموتاز (واحد/گرم وزن تر)	SOD	۰/۹۶	۱/۷۰	۷۷/۲۶	۰/۹۹	۱/۸۴	۸۷/۱۴	۰/۹۷	۱/۷۷	۸۲/۲۷
کاتالاز (واحد/گرم وزن تر)	CAT	۱/۱۲	۲/۲۷	۱۰۲/۵۰	۱/۲۲	۲/۵۷	۱۱۱/۴۴	۱/۱۷	۲/۴۲	۱۰۷/۱۶
آنتوسیانین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	ANT	۱/۱۶	۱/۵۸	۳۶/۴۷	۱/۲۳	۲/۴۹	۱۰۲/۱۸	۱/۱۹	۲/۰۳	۷۰/۳۲
مالون دی‌آلدهید (نانومول/گرم وزن تر)	MDA	۲۶/۲۳	۹۹/۰۱	۲۷۷/۴۸	۲۵/۰۱	۹۴/۱۷	۲۷۶/۴۶	۲۵/۶۲	۹۶/۵۹	۲۷۶/۹۸
پرولین (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	PRL	۱/۱۱	۱/۹۸	۷۷/۴۳	۰/۸۸	۱/۶۴	۸۶/۰۹	۱/۰۰	۱/۸۱	۸۱/۲۶
کلروفیل a (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	Chla	۲/۳۱	۱/۰۵	-۵۴/۴۴	۱/۹۰	۰/۸۱	-۵۷/۵۲	۲/۱۰	۰/۹۳	-۵۵/۸۳
کلروفیل b (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	Chlb	۲/۲۴	۱/۱۱	-۵۰/۴۷	۱/۷۲	۰/۷۱	-۵۸/۷۲	۱/۹۸	۰/۹۱	-۵۴/۰۵
کلروفیل کل (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	Chlt	۴/۵۴	۲/۱۶	-۵۲/۵۱	۳/۶۲	۱/۵۳	-۵۷/۷۹	۴/۰۸	۱/۸۴	-۵۴/۸۵
کارتنوئید (میلی‌گرم/گرم وزن تر)	CAR	۱/۲۲	۱/۹۷	۶۲/۴۸	۱/۲۲	۱/۹۵	۶۰/۰۷	۱/۲۲	۱/۹۶	۶۱/۲۸

در بین صفات فنولوژیکی، کلیه صفات به‌جز DH در سال اول و DE در سال دوم از دامنه تغییرات محدودی برخوردار بودند. علاوه براین، در متوسط دو سال زراعی نیز دامنه تغییرات کلیه صفات فنولوژیکی محدود بود و صفات DB، DH، DA، DD و DM در محیط تنش شوری به‌صورت جزئی دستخوش کاهش شدند. در هر دو سال زراعی تنش شوری موجب کاهش میانگین کلیه صفات مورفولوژیکی شد. بیشترین میزان کاهش در سال اول مربوط به صفات GY (۵۴/۲۶ درصد)، FT (۴۲/۷۸ درصد)، Bio (۳۲/۱۷ درصد) و NT (۲۹/۷۰ درصد) بود. در مقابل کمترین میزان کاهش برای صفات GL (۲/۸۰ درصد)، IFT (۴/۱۸ درصد)، GD (۷/۵۸ درصد)، TKW (۸/۳۴ درصد) و SL (۸/۹۶ درصد) محاسبه شد. در سال دوم بیشترین میزان کاهش مربوط به

صفات GY (۵۷/۹۱ درصد)، Bio (۴۰/۲۰ درصد)، IFT (۳۷/۶۷ درصد)، NT (۳۶/۵۵ درصد)، FT (۳۵/۲۳ درصد) و SW (۳۵/۰۴ درصد) بود. صفات GL، AWL و SL به‌ترتیب با مقادیر ۵/۹۴، ۹/۴۹ و ۱۳/۴۶ درصد دارای کمترین مقدار کاهش بودند. روند کاهش مقادیر میانگین صفات براساس متوسط داده‌های دو ساله نیز مشابه دو سال زراعی بود و بیشترین مقدار کاهش مربوط به GY، Bio و همراه صفات مربوط به پتانسیل پنجه‌دهی گیاه بود و در مقابل صفات AWL، SL و GL و GD نیز کمترین مقدار تأثیرپذیری از محیط تنش شوری داشتند. پیش از این نتایج بسیاری از مطالعات اثر مخرب تنش شوری بر خصوصیات رشدی و عملکرد و اجزای آن در گندم را نشان داده‌اند. به‌عنوان نمونه، در مطالعه Patwa et al. (2024) اثرات سوء تنش شوری بر صفاتی مانند وزن هزار دانه، طول سنبله اصلی، تعداد سنبلچه در سنبله و عملکرد دانه گزارش شده است. همچنین نتایج Taybi and Alyahya (2025) نشان داد تنش شوری موجب کاهش معنی‌داری در تعداد پنجه‌های بارور، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس خشک و طول پدانکل شده است. در بین صفات فیزیولوژیکی، کلروفیل کل (Chl T) و اجزای آن به شدت تحت تأثیر تنش شوری قرار گرفتند و در هر دو سال زراعی میزان هر یک از آن‌ها بیش از ۵۰ درصد کاهش یافت. در مقابل تنش شوری موجب افزایش شدید PRL، PRT و فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان در مجموعه ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد ارزیابی شد. به‌طور کلی، بیشترین میزان افزایش مربوط به فعالیت MDA، PPO، CAT و GPX بود. Taybi and Alyahya (2025) نیز اظهار داشتند که تنش شوری منجر به افزایش میزان پرولین، اسیدهای آلی و میزان فنولیک دانه در گندم دورم خواهد شد. نتایج مطالعه عزیزپور و همکاران (Azizpour et al. 2010) نیز بیانگر اثر سوء تنش شوری بر محتوای کلروفیل و اجزای آن در ژنوتیپ‌های گندم دوروم بود که با نتایج به‌دست آمده از این پژوهش همخوانی داشت. نتایج مطالعه Husaain et al. (2022) نیز نشان داد تنش شوری موجب افزایش بیش از ۵۰ درصد فعالیت آنزیم آنتی اکسیدانت SOD و همچنین MDA شد. گزارش شده است که تنش شوری باعث افزایش قابل توجه فعالیت آنزیم SOD در ارقام گندم دوروم شده که نشان‌دهنده تبدیل آنزیمی تقویت‌شده رادیکال‌های سوپراکسید به پراکسید هیدروژن به‌عنوان گام اولیه در پاسخ آنتی‌اکسیدانی است (Kahrizi et al. 2013).

در مطالعات ژنتیکی تجزیه ساختار جمعیت برای توضیح روابط افراد در درون و بین جمعیت‌ها استفاده می‌شود و بیانگری روابط تکاملی افراد در یک جمعیت می‌باشد. از طرفی دیگر در مطالعات تجزیه ارتباط وجود ساختار در جمعیت مورد مطالعه می‌تواند عامل بازدارنده در جهت دستیابی به نتایج قابل اعتماد باشد و در صورتی‌که اثر عوامل ساختار جمعیت و روابط خویشاوندی در تجزیه ارتباط در نظر گرفته نشوند نتایج مثبت کاذب به وجود خواهد آمد (Breseghello and Sorrells 2006). نتایج تجزیه ساختار جمعیت ژنوتیپ‌های ارزیابی شده بر اساس آرایه‌های 15k SNP گندم بیانگر وجود دو زیر جمعیت واقعی در مجموعه ارزیابی شده بود. با توجه به نمودار توزیع ژنوتیپ‌ها در زیر جمعیت‌های یافته شده مشخص شد ۶۳/۳۳ درصد از ژنوتیپ‌ها در زیر جمعیت اول و ۳۳/۶۷ درصد دیگر در زیر جمعیت دوم قرار گرفتند (شکل ۱). نتایج تجزیه ارتباط بر اساس مدل خطی مختلط (MLM) وابسته به ماتریس Q+K (K: ماتریس روابط خویشاوندی) با استفاده از داده‌های حاصل از ارزیابی فنوتیپی در محیط‌های نرمال و تنش شوری و داده‌های به‌دست آمده از نشانگرهای SNP نشان داد در محیط نرمال و تنش شوری به ترتیب ۵۹۸ و ۵۰۳ ارتباط معنی‌دار بین نشانگرهای SNP و صفات اندازه‌گیری شده شناسایی شد، به‌طوری که از این تعداد ۱۰۱ و ۸۴ نشانگر با بیش از یک صفت رابطه معنی‌داری داشتند (جدول ارتباط نشانگر–صفت نشان داده نشده است). در محیط نرمال دامنه ضریب تبیین (R^2) نشانگرها بین ۰/۰۰۴ تا ۱۱/۸۵ درصد متغیر بود. در واقع این نتایج بیانگر مشارکت بالای بسیاری از ژن‌ها در کنترل صفات کمی می‌باشد (Mehrabi et al. 2020). بیشترین میزان R^2 به‌ترتیب مربوط به نشانگرهای *IACX5996* با صفت Chl b (۱۱/۸۵ درصد)، *Tdurum_contig49804_392* با صفت PRT (۱۱/۸۰ درصد)، *IACX5996* با صفت Chl T (۱۱/۲۲ درصد)، *wsnp_JD_c10602_11238420* با صفت MDA (۱۱/۱۳ درصد)، *GENE-2944_81* با صفت PRT (۱۰/۹۴ درصد)، *Tdurum_conting17050_547* *wsnp_Ra_c41135_48426638* با صفت PRT (۱۰/۸۷ درصد)،



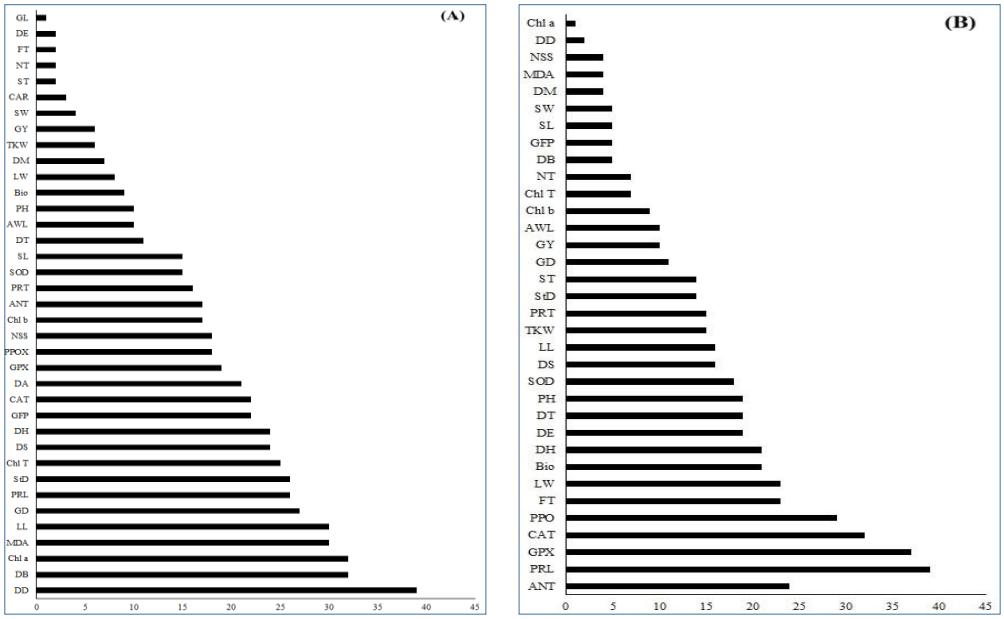
شکل ۱- تجزیه ساختار جمعیت بر اساس مدل Bayesian و با استفاده از داده‌های به‌دست آمده از نشانگرهای SNP در ژنوتیپ‌های گندم دوروم

با صفت PPO (۱۰/٦۳ درصد)، *Tdurum_contig17366_731* با صفت IFT (۱۰/٦۱ درصد)، *Tdurum_conting17050_547* با صفت SOD (۱۰/٦۱ درصد)، *wsnp_Ex_c2033_3814035* با صفت DS (۱۰/۵۰ درصد)، *Tdurum_contig17050_547* با صفت GPX (۱۰/۳۹ درصد)، *GENE-4045_141* با صفت CAT (۱۰/۳۷ درصد)، *BobWhite_c17191_297* با صفت MDA (۱۰/۱۰ درصد)، *RAC875_rep_c112449_669* با صفت LW (۱۰/۱۸ درصد)، *Kukri_rep_c105330_552* با صفت DS (۱۰/۱۸ درصد)، *RAC875_c81356_645* با صفت DS (۱۰/۱۸ درصد)، *wsnp_BE3999939A_Ta_2_1* با صفت NSS (۱۰/۱۷ درصد) و *GENE-4045_141* با صفت SOD (۱۰/۱۲ درصد) بود. در محیط تنش شوری، دامنه ضریب تبیین (R^2) نشانگرها بین ۰/۰۰۱ و ۱۳/۵۳ درصد متغیر بود. بیشترین میزان R2 به‌ترتیب مربوط به نشانگرهای *Jagger_c5280_407* با صفت SD (۱۳/۵۳ درصد)، *Jagger_c5280_407* با صفت DE (۱۲/۵٤ درصد)، *RAC875_c83401_115* با صفت FT (۱۲/۲۰ درصد)، *wsnp_JD_c6331_7499060* با صفت SOD (۱۰/٦۸ درصد)، *BS00039740_51* با صفت SD (۱۰/۱۵ درصد)، *IACX5996* با صفت LL (۱۰/۱٤ درصد)، *wsnp_Ra_c7818_13376644* با صفت IFT (۱۰/۰٦ درصد)، نشانگرهای *BS00035256_51*، *Kukri_c54152_242*، *Ra_c22700_818* و *wsnp_ku_c21275_31007309* با صفت LW (۹/٤۸ درصد)، *Kukri_rep_c98227_230* با صفت LW (۹/٤۱ درصد)، *Tdurum_contig17062_221* با صفت LW (۹/٤۱ درصد)، *Kukri_c66451_128* با صفت SOD (۹/۳٦ درصد)، *BS00022562_51* با صفت LW (۹/۲۷ درصد)، *Kukri_c28517_372* با صفت LW (۹/۲۱ درصد)، *wsnp_Ex_c4148_7494801* با صفت SW (۹/۱۸ درصد) و *wsnp_Ex_c33012_41567026* با صفت NSS (۹/۰۸ درصد) بود.

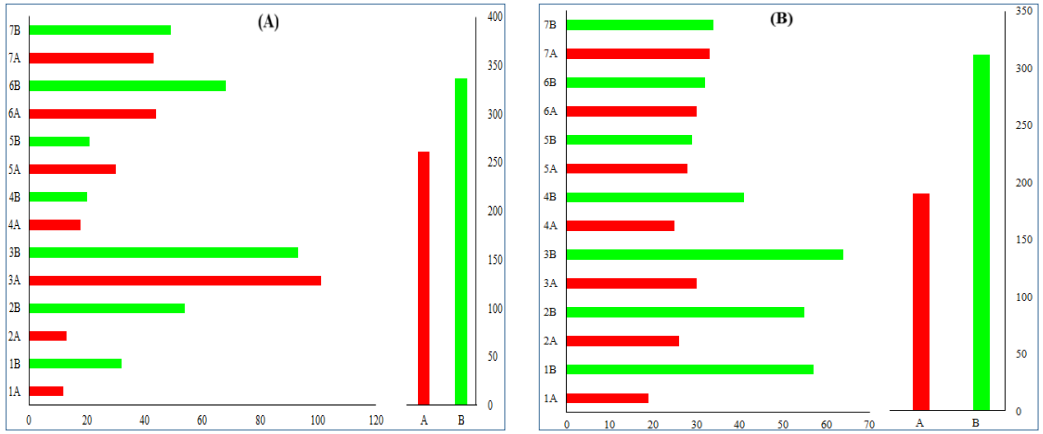
از نظر تعداد ارتباطات معنی‌دار نشانگر-صفت، در محیط نرمال بیشترین تعداد مربوط به صفات DD (۳۹ ارتباط)، DB (۳۲ ارتباط)، Chl a (۳۲ ارتباط)، MDA (۳۰ ارتباط)، LL (۳۰ ارتباط)، GD (۲۷ ارتباط)، PRL (۲٦ ارتباط) و IFTD (۲٦ ارتباط) بود. کمترین ارتباط معنی‌دار برای صفات GL (یک ارتباط)، DE (۲ ارتباط)، FT (۲ ارتباط)، NT (۲ ارتباط) و IFT (۲ ارتباط) مشاهده شد (شکل ۲A). در محیط تنش شوری بیشترین تعداد مربوط به صفات PRL (۳۹ ارتباط)، GPX (۳۷ ارتباط)، CAT (۳۲ ارتباط)، PPO (۲۹ ارتباط)، FT (۲۳ ارتباط)، LW (۲۳ ارتباط)، Bio (۲۱ ارتباط) و DH (۲۱ ارتباط) بود. کمترین ارتباط معنی‌دار برای صفات Chl a (یک ارتباط)، DD (۲ ارتباط)، NSS (٤ ارتباط)، MDA (٤ ارتباط) و DM (٤ ارتباط) مشاهده شد (شکل ۲B). در شکل ۳ نیز توزیع ارتباطات معنی‌دار در کروموزوم‌های مختلف را نشان می‌دهد. همان‌طور که ملاحظه

می‌شود در هر دو محیط نرمال و تنش شوری بیشترین تعداد ارتباطات معنی‌دار در ژنوم B مشاهده شد. در پژوهش صورت گرفته توسط Hu et al. (2021) مجموعه‌ای متشکل از ۱۵۰ توده بومی گندم دوروم با استفاده از برخی از صفات مورفولوژیکی و نشانگرهای SNP مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج به‌دست آمده از مطالعه این محققان نشان داد بیشترین تعداد ارتباطات نشانگر–صفت بر روی کروموزوم‌های 2A، 5A، 6A، 7A، 1B و 6B بود که در این راستا یافته‌های به‌دست آمده از تحقیق حاضر نیز نشان داد کروموزوم 6B نسبت به سایر کروموزوم‌ها دارای بیشترین ارتباط معنی‌دار نشانگر–صفت در شرایط تنش شوری بود. پیش از این Ren et al. (2013) و Peng et al. (2003) اظهار داشتند که تنوع ژنتیکی موجود در ژنوم A کمتر از ژنوم B است و برعکس، میزان عدم تعادل لینکاژی (LD) موجود در ژنوم A بیشتر از ژنوم B است.

در محیط نرمال، ۱۰۱ نشانگر دارای بیش از یک ارتباط معنی‌دار با بیش از یک صفت بودند که بیانگر اثرات پلویوتروپی یا بیان هم‌زمان چندین QTL می‌باشد (Sun et al. 2015). بیشترین تعداد ارتباط معنی‌دار و مشترک مربوط به نشانگرهای *Ku_c17560_146* با صفات DB، DD، DA، DH، GFP، LL، MDA و SW، *CAP12_c1587_142* با صفات ANT، CAT، Chl b، Chl T، GPX، PPO و SOD، *Kukri_c39321_112* با صفات ANT، CAT، GPX، PPO، SOD، Chl b و Chl T، *Kukri_s117068_198* با صفات DB، DD، DA، DH، DM، GPX و LL، *Tdurum_contig17050_547* با صفات ANT، CAT، Chl b، Chl T، GPX، PPO و SOD، *BobWhite_c17021_297* با صفات DB، DD، DH، DA، GFP و MDA، *Excalibur_c10383_432* با صفات DB، DH، DA، DS، GFP و LL، و *GENE-4045_141* با صفات ANT، CAT، Chl b، GPX، PPO و SOD بود. سایر ارتباطات نشانگر–صفت مشترک برابر یا کمتر از پنج عدد بود (جدول ٤).



شکل ۲– تعداد ارتباطات معنی‌دار به ازای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در محیط نرمال (A) و تنش شوری (B). اختصارات DE، DT، DS، DB، DH، DA، DD، DM، GFP، PH، SD، NT، FT، IFT، GD، GL، NSS، TKW، GY، Bio، PRT، PPO، GPX، SOD، CAT، ANT، MDA، PRL، Chl a، Chl b، Chl T و CAR به‌ترتیب نشان دهنده تعداد روز تا سبز شدن دانه، تعداد روز تا پنجه‌زنی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا شکم خوشه، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا خمیری شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد کل پنجه‌ها، تعداد پنجه‌های بارور، تعداد پنجه‌های نابارور، قطر دانه، طول دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس و میزان پروتئین، فعالیت آنزیم‌های پلی‌فنل اکسیداز، گایاکول پراکسیداز، سوپراکسید دیسموتاز، کاتالاز، آنتوسیانین، مالون دی‌آلدهید و پرولین، کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کارتنوئید می‌باشند.



شکل ۳- توزیع ارتباطات نشانگر-صفت در ژنوم و کروموزوم‌های مختلف گندم دوروم در محیط نرمال (A) و تنش شوری (B)

جدول ٤- فهرست نشانگرهای مرتبط با بیش از یک صفت اندازه‌گیری شده در محیط نرمال

نشانگر	صفات	نشانگر	صفات
CAP12_c1587_142	ANT-CAT-Chl b- Chl T-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig51676_120*	ANT-CAT-PPO
Tdurum_contig17050_547	ANT-CAT-Chl b-Chl T-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig76559_124*	ANT-CAT-PPO
Kukri_c39321_112	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD-Chl b-Chl T	*BobWhite_c12911_788*	ANT-Chl b-Chl T
Ku_c17560_146	DB-DD-DH-DA-DM-GFP-LL-MDA-SW	*BS00073062_51*	DD-DH-DA-GFP
GENE-4045_141	ANT-CAT-Chl b-GPX-PPO-SOD	*wsnp_Ex_c2573_4788116*	DD-DH-DA-GFP
IACX5996	ANT-CAT-Chl b-Chl T-GPX	*Excalibur_c19658_82*	DE-GFP-MDA
BS00107795_51	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*RAC875_c29455_79*	DH-GPX-SOD
Kukri_c38732_225	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*Excalibur_c41710_417*	ANT-PPO
Kukri_c38732_246	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*Excalibur_c16197_748*	Bio-AWL
RAC875_c14852_2171	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*RAC875_c14370_1319*	CAT-Chl b
Tdurum_contig11126_182	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*wsnp_Ex_rep_c104327_89077792*	CAT-Chl b
Tdurum_contig54967_581	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*BobWhite_c40643_370*	CAT-GPX
wsnp_Ra_c3766_6947263	ANT-CAT-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig56267_180*	CAT-GPX
BobWhite_c17021_297	DB-DD-DA-DH-GFP-MAD	*BS00094057_51*	Chl b- Chl T
Kukri_s117068_198	DB-DD-DH-DA-DM-GFP-LL	*Excalibur_c14201_111*	Chl b- Chl T

Excalibur_c10383_432	DB-DH-DA-DS-GFP-LL	*BobWhite_c36268_275*	Chl b-Chl T
Kukri_rep_c101735_236	DB-DD-DH-DA-GFP	*BS00004224_51*	Chl b-Chl T
Kukri_rep_c96809_352	DB-DD-DH-DA-GFP	*Excalibur_c32630_104*	Chl b-Chl T
Kukri_s117068_130	DB-DD-DH-DA-GFP	*GENE-1900_115*	Chl b-Chl T
wsnp_Ex_c22683_31887799	DB-DD-DH-DA-GFP	*Kukri_c2118_264*	Chl b-Chl T
Excalibur_c74666_291	DB-DD-DA-DH-GFP	*Tdurum_contig59566_1534*	Chl b-Chl T
IAAV1155	DB-DD-DF-DH-GFP	*Tdurum_contig63071_67*	Chl b-Chl T
BS00010849_51	CAT-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig75595_586*	Chl b-Chl T
Tdurum_contig24416_284	CAT-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig75595_886*	Chl b-Chl T
wsnp_Ex_c24963_34217997	CAT-GPX-PPO-SOD	*Tdurum_contig82393_484*	Chl b-Chl T
Excalibur_c7581_1266	ANT-CAT-PPO	*Tdurum_contig82393_581*	Chl b-Chl T

جدول ٤- ادامه

نشانگر	صفات	نشانگر	صفات
wsnp_JD_c18509_16968425	Chl b-Chl T	*Tdurum_contig56188_569*	DM-GFP
wsnp_JD_c6331_7499499	Chl b-Chl T	*wsnp_Ex_c898_1738424*	DM-GFP
wsnp_JD_c828_1226159	Chl b-Chl T	*wsnp_Ku_c18534_27848426*	DM-GFP
BS00059061_51	Chl b-IFTD	*Tdurum_contig9893_492*	DS-LL
BS00059061_51	Chl b-IFTD	*wsnp_Ex_c21293_30421496*	DS-LL
BS00059062_51	Chl b-IFTD	*wsnp_Ex_rep_c67510_66116823*	DS-LL
BS00059062_51	Chl b-IFTD	*wsnp_Ku_c12557_20249122*	DS-LL
Excalibur_rep_c111660_89	Chl b-IFTD	*wsnp_Ku_c14202_22436656*	DS-LL
wsnp_Ex_c28930_38008757	DB-DD	*RFL_Contig2815_1305*	FGP-NSS
BS00067003_51	DB-DM	*Excalibur_c19475_619*	FT-GY
TA001002-0479	DD-DS	*BS00061593_51*	FT-GY-NT
BS00091577_51	DD-PRL	*BobWhite_rep_c49755_131*	GD-TKW
CAP8_rep_c4453_136	DD-PRL	*Jagger_c468_53*	GD-TKW
IAAV5505	DD-PRL	*BS00066230_51*	GFP-MDA
Jagger_c1219_603	DD-PRL	*RAC875_c13610_1239*	GFP-NSS
RAC875_c21086_130	DD-PRL	*BS00076221_51*	GY-PH-LL
RAC875_c8755_314	DD-PRL	*BS00077533_51*	GY-PH-LL
RAC875_rep_c69281_207	DD-PRL	*wsnp_BE443187A_Ta_2_3*	GY-PH-LL
RAC875_rep_c77173_208	DD-PRL	*GENE-4624_79*	LL-MDA

Tdurum_contig1002_149	DD-PRL	*wsnp_Ku_c17161_26193994*	LL-MDA
Tdurum_contig15181_67	DD-PRL	*wsnp_BE399939A_Ta_2_1*	NSS-Chl a
Tdurum_contig26727_187	DD-PRL	*Tdurum_contig17366_731*	NT-IFT
Tdurum_contig26727_267	DD-PRL	*RAC875_rep_c112449_669*	SL-LW
Tdurum_contig28033_420	DD-PRL	*BS00024065_51*	SL-PRT

اختصارات DE، DT، DS، DB، DH، DA، DD، DM، GFP، PH، SD، NT، FT، IFT، GD، GL، NSS، TKW، GY، Bio، PRT، PPO، GPX، SOD، CAT، ANT، MDA، PRL، Chl a، Chl b، Chl T و CAR به‌ترتیب نشان دهنده تعداد روز تا سبز شدن دانه، تعداد روز تا پنجه‌زنی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا شکم خوشه، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا خمیری شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد کل پنجه‌ها، تعداد پنجه‌های بارور، تعداد پنجه‌های نابارور، قطر دانه، طول دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس و میزان پروتئین، فعالیت آنزیم‌های پلی‌فنل اکسیداز، گایاکول پراکسیداز، سوپراکسید دیسموتاز، کاتالاز، آنتوسیانین، مالون دی‌آلدهید و پرولین، کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کارتنوئید می‌باشند.

جدول ۵- فهرست نشانگرهای مرتبط با بیش از یک صفت اندازه‌گیری شده در محیط تنش شوری

نشانگر	صفات	نشانگر	صفات
BobWhite_c1215_240	GD-PRL	*Excalibur_rep_c67411_210*	GPX-PPO
BobWhite_c9711_71	Bio-StD-DS-DT-TKW	*GENE-0543_201*	CAR-CAT-PPO-SOD
BS00011622_51	DH-GFP-IFT-GD-DS	*IAAV7544*	CAR-CAT
BS00025795_51	CAR-GPX-PPO	*IACX13137*	GFP-IFT
BS00063160_51	GPX-PPO	*IACX5783*	ANT-CAR-CAT-GPX-PPO
BS00067453_51	DT-PH	*Jagger_c5280_407*	StD-DE-DS-PH
BS00068200_51	FT-GY	*Ku_c17560_146*	ANT-FT
BS00094553_51	DT-PH-TKW	*Ku_c46953_153*	DH-DT
CAP12_c1085_283	FT-NT	*Kukri_c2164_1856*	CAT-GPX-PPO
CAP7_c3847_204	StD-DE	*Kukri_c25961_166*	PH-TKW
Ex_c102862_798	GY-NT	*Kukri_c26943_862*	ANT-CAR-CAT-GPX-PPO
Excalibur_c10696_3390	LL-NSS	*Kukri_c28517_372*	PRT-LW
Excalibur_c13239_85	FT-GY	*Kukri_c34553_89*	Bio-DS
Excalibur_c20459_1081	GY-PRT	*Kukri_c35153_145*	DS-PH-TKW
Excalibur_c29734_1152	DS-PH-TKW	*Kukri_c3882_2021*	Chl a-Chl T
Excalibur_c5064_765	GPX-PPO	*Kukri_c55981_194*	GPX-PPO

Excalibur_c6807_1155	GPX-PPO	*Kukri_c6552_4243*	GPX-PPO
Excalibur_c7044_243	ANT-Chl T-GPX-SOD	*Kukri_c66451_128*	ANT-CHl b-Chl T- GPX-PPO-SOD
Excalibur_c878_1249	GY-NT	*Kukri_rep_c100936_449*	ANT-CAR-CAT
Excalibur_c9000_209	PH-LL	*Kukri_rep_c69660_52*	CHl T-FT
Excalibur_rep_c105674_99	GFP-IFT	*Kukri_rep_c89183_282*	ANT-CAT-PPO

اختصارات DE، DT، DS، DB، DH، DA، DD، DM، GFP، PH، StD، NT، FT، IFT، GD، GL، NSS، TKW، GY، Bio، PRT، PPO، GPX، SOD، CAT، ANT، MDA، PRL، Chl a، Chl b، Chl T و CAR به‌ترتیب نشان دهنده تعداد روز تا سبز شدن دانه، تعداد روز تا پنجه‌زنی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا شکم خوشه، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا خمیری شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد کل پنجه‌ها، تعداد پنجه‌های بارور، تعداد پنجه‌های نابارور، قطر دانه، طول دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس و میزان پروتئین، فعالیت آنزیم‌های پلی‌فنل اکسیداز، گایاکول پراکسیداز، سوپراکسید دیسموتاز، کاتالاز، آنتوسیانین، مالون دی‌آلدهید و پرولین، کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کارتنوئید می‌باشند.

جدول ۵- ادامه

نشانگر	صفات	نشانگر	صفات
Ra_c22675_581	DH-DT	*Tdurum_contig59566_1534*	GPX-PPO
RAC875_c17918_321	DH-DT	*Tdurum_contig59566_2309*	GPX-PPO
RAC875_c25507_551	NT-IFT	*Tdurum_contig84962_266*	CAR-CAT
RAC875_c26487_145	Bio-FT	*tplb0048b10_1365*	ANT-CAT-SOD
RAC875_c45016_79	PH-LL	*wsnp_BE490763B_Ta_2_2*	PRT-LW
RAC875_c47212_309	DB-DM	*wsnp_CAP11_rep_c8768_3788007*	FT-GY
RAC875_c5556_328	CAT-SOD	*wsnp_CAP12_c901_472535*	FT-GY
RAC875_c69_499	DS-DT	*wsnp_Ex_c11106_18003332*	PPO-LW
RAC875_c83401_115	FT-NT	*wsnp_Ex_c12152_19429932*	ANT-CAT-GPX-PPO
RAC875_c98387_130	Bio-DS	*wsnp_Ex_c13031_20625900*	DE-DS-DT-PH-TKW
RAC875_rep_c70093_1079	FT-GY	*wsnp_Ex_c7487_12808011*	Bio-DE-DT-FT-NT
RAC875_rep_c70357_917	DS-PH-TKW	*wsnp_Ex_c8894_14858193*	DS-PH-TKW
RAC875_rep_c72596_466	ANT-CAR	*wsnp_Ex_c905_1748920*	CAT-SOD-IFT
RAC875_s111360_122	CAR-GPX-PPO	*wsnp_Ex_rep_c68194_66973531*	GPX-PPO
TA003589-0518	ANT-CAT	*wsnp_Ex_rep_c68624_67475477*	DH-GFP

Tdurum_contig14821_751	FT-GY-ANT-CAT-GPX	*wsnp_JD_c12088_12411845*	FT-GY
Tdurum_contig42797_2922	ANT-Chl T-GPX-SOD	*wsnp_JD_c18509_16968425*	GPX-PPO
Tdurum_contig43263_246	DH-GFP	*wsnp_JD_c6331_7499060*	ANT-CAT-Chl T-GPX-PPO-SOD
Tdurum_contig48090_374	ANT-CAR-CAT-GPX-PPO	*wsnp_Ku_c15214_23756800*	DT-TKW
Tdurum_contig53038_684	CAT-SOD-IFT	*wsnp_Ra_c7818_13376644*	NT-IFT
Tdurum_contig53038_714	CAT-SOD	*wsnp_RFL_Contig3269_3313084*	ANT-GPX-PPO-SOD

اختصارات DE، DT، DS، DB، DH، DA، DD، DM، GFP، PH، StD، NT، FT، IFT، GD، GL، NSS، TKW، GY، Bio، PRT، PPO، GPX، SOD، CAT، ANT، MDA، PRL، Chl a، Chl b، Chl T و CAR به‌ترتیب نشان دهنده تعداد روز تا سبز شدن دانه، تعداد روز تا پنجه‌زنی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا شکم خوشه، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا خمیری شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد کل پنجه‌ها، تعداد پنجه‌های بارور، تعداد پنجه‌های نابارور، قطر دانه، طول دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس و میزان پروتئین، فعالیت آنزیم‌های پلی‌فنل اکسیداز، گایاکول پراکسیداز، سوپراکسید دیسموتاز، کاتالاز، آنتوسیانین، مالون دی‌آلدهید و پرولین، کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کارتنوئید می‌باشند.

در محیط تنش شوری نیز بیشترین تعداد ارتباط معنی‌دار و مشترک مربوط به نشانگرهای *Kukri_c66451_128* با صفات ANT، Chl b، Chl T، GPX، PPO و SOD، *wsnp_JD_c6331_7499060* با صفات ANT، CAT، Chl T، GPX، PPO و SOD، *IACX5783* با صفات ANT، CAR، CAT، GPX و PPO، *Kukri_c26943_862* با صفات صفات ANT، CAR، CAT، GPX و PPO، *BobWhite_c9711_71* با صفات Bio، StD، DT، DS و TKW، *BS00011622_51* با صفات DH، GFP، IFT، GD و DS، *Tdurum_contig14821_751* با صفات FT، GY، ANT، CAT و GPX، *Tdurum_contig48090_374* با صفات ANT، CAR، CAT، GPX و PPO، *Excalibur_c7044_243* با صفات ANT، Chl T، GPX و SOD، *Tdurum_contig42797_2922* با صفات ANT، Chl T، GPX و SOD، GENE-0543_201 با صفات CAR، CAT، PPO و SOD، *wsnp_Ex_c12152_19429932* با صفات ANT، CAT، GPX و PPO، *wsnp_Ex_c13031_20625900* با صفات DE، DS، DT، PH و TKW، *wsnp_Ex_c7487_12808011* با صفات Bio، DE، DT، FT و NT و *wsnp_RFL_Contig3269_3313084* با صفات ANT، GPX، PPO و SOD بود. سایر ارتباطات نشانگر–صفت مشترک برابر یا کمتر از سه عدد بود (جدول ۵). به‌طور کلی نتایج به‌دست آمده در این رابطه بیانگر این مهم است که امکان اصلاح هم‌زمان چند صفت از طریق نشانگرهای مشترک امکان‌پذیر خواهد بود (Sun et al. 2015).

مقایسه تعداد نشانگرهای شناسایی شده در هر دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داد برای صفاتی همچون ANT، Bio، CAT، DE، DT، FT، GPX، LW، PH، PPO، PRL، SOD، ST و TKW تعداد نشانگر بیشتری نسبت به محیط نرمال شناسایی شد. غالباً تحت شرایط تنش شوری، اکثر صفات موروفولوژیکی و فیزیولوژیکی در مقایسه با شرایط نرمال دستخوش تغییرات چشمگیری خواهند شد که خود منجر به تنوع فنوتیپی بیشتری در منابع ژنتیکی مورد ارزیابی می‌شود (Wang et al. 2024). فعال‌سازی مسیرهای پاسخ‌دهنده به تنش شوری، بیان ژن‌های دخیل در تنظیم اسمزی، انتقال یون، هضم گونه‌های فعال اکسیژن و هموستازی سلولی را تحریک می‌کند که این فرآیندها در شرایط بدون تنش یا نرمال کمتر فعال بوده یا خاموش هستند. این مسیرهای ناشی از تنش، گونه‌های آللی را در خود جای داده‌اند که در جمعیت‌های طبیعی از هم جدا می‌شوند و تنها زمانی که پاسخ به تنش درگیر باشد، با نقشه‌برداری ارتباطی قابل تشخیص می‌شوند و در نتیجه تعداد ارتباطات قابل تشخیص نشانگر–صفت را افزایش می‌دهند (Wang et al. 2024). از طرف دیگر اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط سبب آشکار شدن برخی از QTLها خواهد شد که بسیاری از آلل‌های موجود در این نواحی اثرات خود را منحصراً یا به احتمال بیشتری در شرایط تنش شوری اعمال می‌کنند، به این معنی‌که در محیط نرمال، سهم کمتری در واریانس دارند. لذا به‌نظر می‌رسد که این عامل نیز یکی دیگر از دلایل بیشترین بودن تعداد ارتباطات معنی‌دار برخی از نشانگرهای شناسایی شده در محیط تنش شوری باشد (Javid et al. 2025). در این مطالعه، در محیط تنش شوری تعداد نشانگرهای شناسایی شده برای صفات SOD، PRL، PPO، ANT و GPX نسبت به محیط نرمال بیشتر بود. وجود نشانگرهای مرتبط با یک صفت در دو محیط رشدی متفاوت نشان دهنده مکان‌های ژنی است که اثرات آنها در برابر نوسانات محیطی مقاوم است. چنین پایداری نشان می‌دهد که برخی از ژن‌ها نقش‌های اساسی در فرآیندهای فیزیولوژیکی اصلی در هر دو شرایط محیطی و در طول سازگاری با شرایط تنش ایفا می‌کنند. این ویژگی سبب خواهد شد تا چنین نشانگرهایی در برنامه‌های به‌نژادی که هدف آن‌ها دستیابی به ارقامی با دامنه سازگاری گسترده هستند به‌عنوان ابزارهای مولکولی مفید مورد استفاده قرار گیرند (Telfer et al. 2022). بررسی و مقایسه نشانگرهای پیوسته با صفات مختلف در هر دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داد ۱۹۷ نشانگر با حداقل یک صفت در هر دو محیط ارتباط معنی‌داری داشت. در بین نشانگرهای شناسایی شده نیز ۱۲ نشانگر *CAP8_rep_c4453_136*، *IAAV5505*، *Jagger_c1219_603*، *RAC875_c21086_130*، *RAC875_rep_c69281_207*، *RAC875_rep_c77173_208*، *Tdurum_contig1002_149*، *Tdurum_contig15181_187*، *Tdurum_contig15181_67*، *Tdurum_contig_26727_187*، *Tdurum_contig26727_267*، *Tdurum_contig28033_420* و

wsnp_Ex_rep_c70174_69125822 با صفت PRL، پنج نشانگر *Excalibur_c16197_748*، *Excalibur_c2737_309*، *Tdurum_contig97355_136*، *wsnp_Ex_c18654_27528399* و *wsnp_Ex_rep_c70120_69070056* با صفت AWL، چهار نشانگر *Tdurum_contig9893_492*، *wsnp_Ex_c21293_30421496*، *wsnp_Ex_rep_c67510_66116823* و *wsnp_ku_c12557_20249122* با صفت LL و نشانگرهای *Kukri_c34553_89* و *RAC875_c98387_130* با صفت Bio دارای ارتباط معنی‌داری در هر دو محیط نرمال و تنش شوری بودند (جدول ٦). بنابراین این نشانگرها می‌توانند به‌عنوان ابزار مهمی در غربال منابع ژرم‌پلاسمی در مراحل اولیه رشد مورد استفاده قرار گیرند.

جدول ٦- نشانگرهای شناسایی شده مرتبط با یک صفت در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری

نشانگر	صفت	نشانگر	صفت
Tdurum_contig9893_492	LL	*CAP8_rep_c4453_136*	PRL
Tdurum_contig9893_492	LL	*CAP8_rep_c4453_136*	PRL
wsnp_Ex_c21293_30421496	LL	*IAAV5505*	PRL
wsnp_Ex_c21293_30421496	LL	*IAAV5505*	PRL
wsnp_Ex_rep_c67510_66116823	LL	*Jagger_c1219_603*	PRL
wsnp_Ex_rep_c67510_66116823	LL	*Jagger_c1219_603*	PRL
wsnp_Ku_c12557_20249122	LL	*RAC875_c21086_130*	PRL
wsnp_Ku_c12557_20249122	LL	*RAC875_c21086_130*	PRL
Excalibur_c16197_748	AWL	*RAC875_rep_c69281_207*	PRL
Excalibur_c16197_748	AWL	*RAC875_rep_c69281_207*	PRL
Excalibur_c2737_309	AWL	*RAC875_rep_c77173_208*	PRL
Excalibur_c2737_309	AWL	*RAC875_rep_c77173_208*	PRL
Tdurum_contig97355_136	AWL	*Tdurum_contig1002_149*	PRL
Tdurum_contig97355_136	AWL	*Tdurum_contig1002_149*	PRL
wsnp_Ex_c18654_27528399	AWL	*Tdurum_contig15181_67*	PRL
wsnp_Ex_c18654_27528399	AWL	*Tdurum_contig15181_67*	PRL
wsnp_Ex_rep_c70120_69070056	AWL	*Tdurum_contig26727_187*	PRL
wsnp_Ex_rep_c70120_69070056	AWL	*Tdurum_contig26727_187*	PRL
RAC875_rep_c77173_208	DD	*Tdurum_contig26727_267*	PRL
Tdurum_contig15181_67	DD	*Tdurum_contig26727_267*	PRL
Kukri_c34553_89	Bio	*Tdurum_contig28033_420*	PRL
Kukri_c34553_89	Bio	*Tdurum_contig28033_420*	PRL
RAC875_c98387_130	Bio	*wsnp_Ex_rep_c70174_69125822*	PRL
RAC875_c98387_130	Bio	*wsnp_Ex_rep_c70174_69125822*	PRL

اختصارات DD، LL، AWL، PRL و Bio به‌ترتیب نشان دهنده تعداد روز تا خمیری شدن دانه، طول برگ پرچم، طول ریشک، میزان پرولین و بیوماس می‌باشند.

نتیجه‌گیری کلی

در سال‌های اخیر تغییرات اقلیمی در سراسر مناطق جهان سبب تشدید انواع تنش‌های محیطی شده است که در بین آن‌ها شوری به‌عنوان یکی از مهم‌ترین عوامل تهدید کننده امنیت غذایی به‌شمار می‌رود. همان‌گونه که واضح است اساس هر برنامه به‌نژادی وابسته به تنوع ژنتیکی می‌باشد. با توجه به محدودیت تنوع ژنتیکی قابل استفاده در ارقام گندم زراعی اصلاح شده، شانس دستیابی به تنوع آللی جدید نیز بسیار محدود می‌باشد. از این‌رو، جهت نوترکیبی ساختار ژنتیکی، استفاده از منابع ژنتیکی به‌دست آمده از برنامه‌های دورگ‌گیری می‌تواند یک منبع ژنی غنی و متنوع از آلل‌های جدید را برای به‌نژادگران فراهم آورد. نتایج به‌دست آمده از تجزیه و تحلیل داده‌های آزمایشی نشان داد تنوع ژنتیکی گسترده‌ای از نظر اکثر صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و فیزیولوژیک در ژنوتیپ‌های ارزیابی شده گندم دوروم وجود داشت. بیشترین مقدار کاهش مربوط به GY، Bio به‌همراه صفات مربوط به پتانسیل پنجه‌دهی گیاه بود و در مقابل صفات AWL، SL و GL و GD نیز کمترین مقدار تأثیرپذیری از محیط تنش شوری داشتند. مقایسه تعداد نشانگرهای شناسایی شده در هر دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داد در محیط شوری برای صفاتی همچون ANT، Bio، CAT، DE، DT، FT، GPX، LW، PH، PPO، PRL، SOD، ST و TKW تعداد نشانگر بیشتری نسبت به محیط نرمال شناسایی شد. بررسی و مقایسه نشانگرهای پیوسته با صفات مختلف در هر دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داد ۱۹۷ نشانگر با حداقل یک صفت در هر دو محیط ارتباط معنی‌داری داشت. در بین نشانگرهای شناسایی شده نیز ۱۲ نشانگر با صفت PRL، پنج نشانگر با صفت AWL، چهار نشانگر با صفت LL و دو نشانگر با صفت Bio در هر دو محیط نرمال و تنش شوری مشترک بودند. بنابراین این نشانگرها می‌توانند در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر با هدف اصلاح برای تحمل به تنش شوری مورد استفاده قرار گیرند.

منابع

Able J, Sissons M (2014) Durum wheat for the future: Challenges, research and prospects in the 21st century. Crop and Pasture Science 65:1.

Ahmadi J, Pour-Aboughadareh A, Ourang S, Mehrabi AA, Seddique KHM (2018) Wild relatives of wheat: Aegilops-Triticum accessions disclose differential antioxidative and physiological responses to water stress. Acta Physiologiae Plantarum 40:90.

Aravind J, Mukesh Sankar S, Wankhede DP, Kaur V (2024) Analy sis of augmented randomized complete block design. R package ver. 2.1.0.

Arnon A.N., 1967. Method of extraction of chlorophyll in the plants. Agronomy Journal, 23:112-121.

Azizpour K, Shakiba MR, Khosh Kholgh Sima NA, Moghaddam M, Esfandiari M, Pessarakli M (2010) Physiological response of spring durum wheat genotypes to salinity. Journal of Plant Nutrition 33:859-873.

Baloch FS, Alsaleh A, Shahid MQ, Çiftçi VE, Sáenz de Miera L, Aasim M, Nadeedm MA, Aktas H, Ozkan H, Hatipoglu R (2017) A Whole Genome DArTseq and SNP analysis for genetic diversity assessment in durum wheat from Central Fertile Crescent. PLoS ONE 12:e0167821.

Bates, L.S., Waldern, R.P., Tear, I.D., 1973. Rapid determination of free proline for water stress studies. Plant and Soil 39:205-207.

Beers, G.R., Sizer, I.V., 1952. Aspectrophotometric method for measuring the break down of hydrogen peroxide by catalase. Biological Chemistry 195, 133-140.

Bhatt D, Negi M, Sharma P, Saxena SC, Dobriyal AK, Arora S (2011) Responses to drought induced oxidative stress in five finger millet varieties differing in their geographical distribution. Physiology and Molecular Biology of Plants 17:347-353.

Bonjean AP, Angus WJ, van Ginkel M (2016) The World Wheat Book: A History of Wheat Breeding, Vol. 3. Paris: Lavoisier.

Bradford, M. N. (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Annual Biochemistry, 72:248-254.

Breseghello F, Sorrells ME (2006) Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (Triticum aestivum L.) cultivars. Genetics 172:1165-1177.

Dagnaw T, Mulugeta B, Haileselassie T, Geleta M, Ortiz R, Tesfaye K (2023) Genetic diversity of durum wheat (Triticum turgidum L. ssp. durum, Desf) germplasm as revealed by morphological and SSR markers. Genes 14: 1155.

Earl DA, von Holdt BM (2012) Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources 4:359-361.

Garg D, Sareen S, Dalal S, Tiwari R, Singh R (2012) Heat shock protein-based SNP marker for terminal heat stress in wheat (Triticum aestivum L). Australian Journal of Crop Science 6:1516-1521.
Giannopolitis CN and Ries SK. 1977. Superoxide dismutase I. Occurrence in higher plants. Plant Physiology 59:309-314.
Gimeno L, Nieto R, Vázquez M and Lavers DA (2014) Atmospheric rivers: a mini review. Frontiers in Earth Science 2:2.
Heath, R. L. & Packer, L. (1968). Photoperoxidation in isolated chloroplast, kinetics and stoichiometry of fatty acid peroxidation. Journal of Archive Biochemistry and Biophysics 125:189-198.
Hu P, Zheng Q, Luo Q, Teng W, Li H, Li B, Li Z (2021) Genome-wide association study of yield and related traits in common wheat under salt-stress conditions. BMC Plant Biology 21:27.
Hussain N, Sohail Y, Javed M, Bano H, Saima Gul H, Zafar ZU, Hassan IFZ, Ghffar A, Athar HR, Ajaj R (2022) Role of mineral nutrients, antioxidants, osmotic adjustment and PSII stability in salt tolerance of contrasting wheat genotypes. Scientific Reports 12:12677.
Javid S, Bihamta MR, Omidi M, Abbasi AR, Alipour H, Ingvarsson PK (2025) Genome-wide association study (GWAS) and genome prediction of seedling salt tolerance in bread wheat (Triticum aestivum L.). BMC Plant Biology 22:581.
Kahrizi S, Sedighi M, Sofalian O (2021) Effect of salt stress on proline and activity of antioxidant enzymes in ten durum wheat cultivars. Annals of Biological Research 3:3870-3874.
Khodadadi Z, Omidi M, Etminan A, Ebrahimi A, Pour-Aboughadareh A (2023) Molecular and physiological variability in bread wheat and its wild relative (Aegilops tauschii Coss.) species under water-deficit stress conditions. BioTech 12:1-14.
Liu C, Mao B, Ou S, Wang W, Liu L, Wu Y, Chu C, Wang X (2014) OsbZIP71, a bZIP transcription factor, confers salinity and drought tolerance in rice. Plant Molocular Biology 84:19-36.
Maas, E. V. & J. A. Poss, J. A. 1989. Salt sensitivity of wheat at various growth stages. Springer Nature. Volume 10. pages 29-40.
Mansori S, Mehrabi A, Mohammadi V, Arminian A, Röder M (2018) Genetic Variation, Population Structure and Linkage Disequilibrium in Durum Wheat (Triticum durum Desf.) Genotypes using SNP Markers. Modern Genetic Journal 13:157-168.
Mehrabi AA, Pour-Aboughadareh A, Mansouri S, Hosseini A (2020) Genome-wide association analysis of root system architecture features and agronomic traits in durum wheat. Molecular Breeding 40:55.
Mohammadi R, Abdolahi A, Mohammadi M, Elahi K, Yari S (2016) Evaluation of yield gap of durum wheat genotypes under research and farmers' fields conditions. Research Achievements for Field and Horticulture Crops 5:133-141.
Mohammadi R, Chegamirza K, Geravandi M, Abbasi S (2021) Assessment of genetic and agro-physiological diversity in a global durum wheat germplasm. Cereal Research Communications 10:1-10.
Nakano, Y. & Asada, K. (1981). Hydrogen peroxide is scavenged by ascorbate-specific peroxidase in spinach choloroplast. Plant Cell Physiology 22:867-880.
Nicoli, M. C., Elizalde, B. E., Pitottiand, A. and Lerici, C. R. (1991) Effect of sugars and maillard reaction products on polyphenol oxidase and peroxidase activity in food. Journal of Food Biochemistry 15:169-184.
Patwa N, Pandey V, Gupta OP, Yadav A, Meena MR, Ram SR, Singh G (2024) Unravelling wheat genotypic responses: insights into salinity stress tolerance in relation to oxidative stress, antioxidant mechanisms, osmolyte accumulation and grain quality parameters. BMC Plant Biology 24:875.
Peng J, Sun D, Nevo E (2003) Wild emmer wheat, Triticum dicoccoides, occupies a pivotal position in wheat domestication process. Australian Journal of Crop Science 5:1127-1143.
Pour-Aboughadareh A, Mohammadi R, Etminan A, Shooshtari L, Maleki-Tabrizi N, Poczai P (2020) Effects of drought stress on some agronomic and morpho-physiological traits in durum wheat genotypes. Sustainability 12:5610.
Poursiahbidi M, Pour-Aboughadareh A, Tahmasebi G, Teymoori M, Jasemi M (2013) Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in durum wheat (Triticum durum desf.) lines using multivariate analysis. International Journal of Agricultural Research 3: 184-194.
Ranjbar, G.H. 2010. Salt Sensitivity of Two Wheat Cultivars at Different Growth Stages. World Applied Sciences Journal 11: 309-314.
Ren Y, Qian Y, Xu Y, Zou C, Liu D, Zhao X, Zhang A, Tong Y (2017) Characterization of QTLs for root traits of wheat grown under different nitrogen and phosphorus supply levels. Frontiers in Plant Science 8:2096.
Saberi MH, Nikkhah HR, Tajali H, Arazmjo E (2015) Effects of terminal season drought stress on yield and choosing best tolerance indices in promising lines of Barley. Applied Field Crop Research 107:124-132.
Salehi M, Kalate-arabi M, Mosavay SA (2015) Evaluation of genetic variation in spring bread wheat genotypes to salinity in the north of Golestan province. Seed and Plant Improvement Journal 30: 305-325.
Soriano JM, Malosetti M, Rosello M, Sorrells ME, Royo C (2017) Dissecting the old Mediterranean durum wheat genetic architecture for phenology, biomass and yield formation by association mapping and QTL meta-analysis. Plos ONE 12: e0178290.
Sukumaran S, Reynolds MP, Sansaloni C (2018) Genome-Wide Association Analyses identify QTL hotspots for yield and component traits in durum wheat grown under yield potential, drought, and heat stress environments. Frontiers in Plant Sciences 9:81.
Sun X, Du Z, Ren J, Amombo E, Hu T, Fu J (2015) Association of SSR markers with functional traits from heat stress in diverse tall fescue accessions. BMC Plant Biology 15:116-149.

Tabatabaei S, Shakeri E, Shahedi M (2013) Investigation of yield, yield components changes and some physiological characteristics of barley genotypes under irrigation tension conditions. Crop Physiology Journal 18: 101-114.

Taybi T, Alyahya N (2025) Comparative analysis of physiological and biochemical responses to salt stress reveals important mechanisms of salt tolerance in wheat. International Journal of Molecular Science 26:3742.

Telfer P, Edwards J, Norman A, Bennett D, Smith A, Able JA, Kuchel H (2022) Genetic analysis of wheat (Triticum aestivum) adaptation to heat stress. Theoretical and Applied Genetics 134:1387-1407.

Turki N, Shehzad T, Harrabi M, Okuno K (2023) Mapping novel QTLs for tolerance to salt stress at the late vegetative stage in durum wheat (Triticum durum L.). Journal of King Saud University - Science 35:102506.

Varshney RK, Mahender T, Aggrawal RK, Borner A (2007) Genomics-Assisted Crop Improvement, Vol I: Genomics Approaches and Platforms. Springer, Chapter 1.

Wagner, G. J. (1979). Content and vacuole extra vacuole distribution of neutral sugars free amino acids and anthocyanins in protoplast. Plant Physiology 64:88-93.

Wang W, Zou J, Zhang Y, Niu L, Yu L, Wang Z, Wang F, Zhang S, Yang X (2024) Salinity stress phenotyping of wheat germplasm under multiple growth conditions and transcriptomic analysis of two wheat varieties contrasting in their salinity stress tolerance. Plant Growth Regulation 105:739-757.

.