بررسی کروموزومی تحمل به شوری در گندم با استفاده از لاین‌های جایگزین

Chromosomal Study of Salinity Tolerance in Wheat Using Chromosome Substitution Lines

رقیه امینیان*

تاریخ دریافت: ۹۴/۰۹/۲۵ تاریخ پذیرش: ۹۵/۰۲/۰۴

چکیده

به‌منظور شناسایی کروموزوم‌های مؤثر در تحمل به شوری در صفات رویشی گندم و گروه‌بندی کروموزوم‌ها از نظر تحمل به شوری، از سری کامل لاین‌های جایگزین گندم رقم تایمستین (والد دهنده) در زمینه ژنتیکی گندم رقم چاینیز اسپرینگ (والد گیرنده) استفاده شد. مواد ژنتیکی گیاهی طی آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت دو شرایط شوری ۵ و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر در دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره) مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها برای صفات ارتفاع، طول، عرض و وزن سنبله، طول و عرض برگ و وزن خشک تفاوت معنی‌داری وجود داشت. نتایج نشان داد که رقم چاینیز اسپرینگ نسبت به شوری حساس و رقم تایمستین مقاوم بود. نتایج تجزیه کلاستر نشان داد که در شرایط تنش ۵ دسی‌زیمنس بر متر لاین‌های CS(5D)، CS(6B)، CS(3A) و رقم تایمستین و در شرایط تنش ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر رقم تایمستین و لاین‌های CS(2D)، CS(3A) و CS(4A) به گروه مقاوم اختصاص یافتند. بنابراین در تنش ۵ دسی‌زیمنس بر متر کروموزوم‌های 5D، 6B و 3A و در تنش ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر کروموزوم‌های 2D، 3A و 4A رقم تایمستین با احتمال بیشتری نسبت به سایر کروموزوم‌های این رقم حامل ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به شوری بودند. محققین اصلاح نباتات با تمرکز روی این کروموزوم‌ها می‌توانند جایگاه دقیق ژن‌های مسئول تحمل به شوری را شناسایی کنند و با انتقال این ژن‌ها به گیاهان دارای عملکرد بالا ولی حساس، سبب بهبود تحمل به تنش شوری در گندم شوند.

واژه‌های کلیدی: تایمستین، تجزیه کلاستر، تعیین محل کروموزومی، چاینیز اسپرینگ

*: استادیار گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین
(Email: roghayehaminian@yahoo.com)

مقدمه

گندم نان از مهم‌ترین محصولات زراعی جهان بوده و غذای اصلی مردم را در مناطق خشک و نیمه‌خشک ازجمله ایران تشکیل می‌دهد (قلی‌زاده و دهقانی، ۱۳۹۴). در دنیای امروز گندم نه تنها یک ماده غذایی اساسی و مهم است، بلکه از لحاظ سیاسی نیز از اهمیتی هم پایه نفت و حتی برتر از آن برخوردار است. بنابراین بهبود عملکرد آن از اهداف مهم به‌نژادی گیاهی است (بهنیا، ۱۳۷۶؛ *رام*[1] و همکاران، 2007).

شوری در بسیاری از مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان نظیر قسمت‌های وسیعی از ایران به‌عنوان یک مشکل اساسی و عامل محدودکننده رشد، کیفیت و عملکرد گیاهان زراعی محسوب می‌شود (کافی و همکاران، ۱۳۹۱؛ سعادتیان و همکاران، ۱۳۹۱). در بین گیاهان زراعی، گندم گیاهی نیمه‌متحمل به شوری است و به‌طورکلی هنگامی که شوری خاک به حدود ۶/۱ دسی‌زیمنس بر متر برسد، عملکرد آن کاهش می‌یابد. بنابراین شناسایی ارقام متحمل به شوری حائز اهمیت است (کافی و همکاران، ۱۳۹۱؛ *مونز*[2] و همکاران، 2006).

ماهیت سیتوژنتیکی گندم و وضعیت آلوپلوئیدی آن باعث شده که به‌نژادگران توجه خاصی به مکان یابی کروموزومی صفات مختلف در این گیاه داشته باشند. یکی از روش‌هایی که برای تجزیه ژنتیکی تحمل به تنش به کار می‌رود، استفاده از لاین‌های جایگزین شده کروموزومی می‌باشد (*فرشادفر*[3] و همکاران، 2012).

تاکنون مطالعات بسیاری با استفاده از این لاین‌های کروموزومی به‌منظور تعیین نقش ژنوم‌ها و کروموزوم‌ها در کنترل صفات کمی و کیفی صورت پذیرفته است (امینیان، ۱۳۸۹). این روش‌های آنالیز کروموزومی به لحاظ این که مستقیماً در سطح کروموزومی صفات را موردمطالعه قرار می‌دهند و نیازی به جداسازی ماده وراثتی از بافت زنده ندارند بر سایر روش‌های مطالعه ژنتیکی مانند روش‌های ژنتیک کمی و یا نشانگرهای مولکولی ارجحیت دارند (محمدی، ۱۳۸۷).

کلیندورس[4] و همکاران (2009) از لاین‌های جایگزین گندم دوروم لنگدون (*Langdon-durum*) در زمینه ژنتیکی گندم *T. dicoccoides* برای تعیین کروموزوم‌های حامل ژن‌های دارای میزان بالای پروتئین دانه و *صدیقی*[5] (1972) از لاین‌های جایگزین شده کروموزومی هوپ[6] و تایمستین[7] در زمینه چاینیز اسپرینگ[8] برای بررسی مقدار و کیفیت پروتئین استفاده کردند.

1. Ram
2. Munns
3. Farshadfar
4. Klindworth
5. Siddiqui
6. Hope

شیملیس[9] و همکاران (2005) با استفاده از لاین‌های جایگزین گندم تتراپلوئید دوروم گزارش نمودند که ژن‌های مؤثر بر مقاومت به بیماری زنگ برگ بر روی کروموزوم 6A قرار دارند. *کینگ*[10] و همکاران (1996) برای شناسایی ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به شوری در گندم از لاین‌های جایگزین شده کروموزومی استفاده نمودند و کروموزوم‌های 5A و5D را به‌عنوان حاملین ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به شوری معرفی کردند. *جیمنز و دوبکفسکی*[11] (1999) از لاین‌های جایگزین شاین[12]، تاتچر[13] و تایمستین در زمینه ژنتیکی چاینیز اسپرینگ برای یافتن مکان کروموزومی ژن‌های مؤثر بر فعالیت آنزیم پلی‌فنل‌اکسیداز استفاده کردند. آنزیم پلی‌فنل‌اکسیداز سبب تیره شدن رشته‌های تهیه شده از آرد نان می‌شود. لاین‌های جایگزین شده کروموزوم 2A ارقام شاین، تاتچر و تایمستین در چاینیز اسپرینگ افزایش معنی‌داری در فعالیت آنزیم پلی‌فنل‌اکسیداز نسبت به سایر لاین‌ها نشان دادند. لذا کروموزوم 2A یکی از منابع اصلی ژن‌های مؤثر بر افزایش فعالیت آنزیم پلی‌فنل‌اکسیداز معرفی شد.

برای یافتن محل ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به خشکی، لاین‌های جایگزین گندم شاین در چاینیز اسپرینگ (فرشادفر و همکاران، ۱۳۸۰) و کاپل دسپرز[14] در چاینیز اسپرینگ (*فرشادفر* و همکاران، 1995) مورد استفاده قرار گرفتند. برای تعیین محل کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده صفات روزنه‌ای مرتبط با عملکرد گندم در شرایط تنش خشکی از لاین‌های جایگزین تایمستین در زمینه ژنتیکی چاینیز اسپرینگ استفاده گردید (امینیان و همکاران، ۱۳۹۱؛ *محمدی*[15] و همکاران، 2012). دشتی و همکاران (۱۳۸۰) نیز برای شناسایی محل کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به سرما با بررسی لاین‌های جایگزین متقابل بین دو رقم شاین و ویچتا[16] گزارش نمودند که رقم شاین مقاوم‌تر از رقم ویچتا بود و کروموزوم‌های شاین موجب مقاومت به سرما در ویچتا شدند. برای مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده پایداری در گندم با استفاده از مدل امی[17] (*امیری*[18] و همکاران، 2013) و تجزیه بای پلات [19] (*فرشادفر* و

7. Timstein
8. Chinese Spring
9. Shimelis
10. King
11. Jimenez and Dubcovsky
12. Cheyenne
13. Thatcher
14. Cappell desprez
15. Mohammady
16. Whichta
17. AMMI
18. Amiri
19. Biplot

همکاران، 2012) نیز لاین‌های جایگزین گندم شاین در چاینیز اسپرینگ مورد استفاده قرار گرفتند.

واریته تایمستین یک رقم متحمل به شرایط تنش آبی می‌باشد (*سیرز*[1]، 1954) درحالی‌که رقم چاینیز اسپرینگ تحمل متوسطی به شرایط تنش دارد و تحت شرایط تنش آبی شدید ضعیف عمل می‌کند (*محمدی*، 2002)، ولی در ارتباط با تنش شوری تاکنون گزارشی در مورد این ارقام منتشر نشده است. هدف از این مطالعه گروه‌بندی لاین‌های جایگزین شده کروموزومی و والدین آن‌ها از نظر تحمل به شوری و یافتن محل کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به شوری از طریق صفات رویشی گندم بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور تعیین محل کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به شوری در صفات رویشی گندم، از لاین‌های جایگزین گندم تایمستین در زمینه ژنتیکی چاینیز اسپرینگ استفاده شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت دو شرایط شوری ۵ و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر در دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره) انجام شد.

مواد ژنتیکی مورد استفاده در این مطالعه (جدول ۱) شامل سری کامل لاین‌های جایگزین کروموزومی (۲n = ۶x = ۴۲) بودند که توسط پروفسور *واتانابه*[2] استاد دانشگاه *ایباراکی*[3] ژاپن در اختیار قرار گرفتند. این لاین‌های ژنتیکی در زمینه واریته مشهور چاینیز اسپرینگ تولید شده‌اند. در این سری، کروموزوم‌های واریته تایمستین جایگزین کروموزوم‌های همولوگ مربوطه از واریته چاینیز اسپرینگ شده‌اند. این لاین‌ها با استفاده از تلاقی‌های برگشتی مکرر با پایه منوزومیک واریته چاینیز اسپرینگ تولید و تا نسل BC۱۰ خالص شده‌اند.

چهار لاین جایگزین CS(1A)، CS(1B)، CS(2B) و CS(7D) به همراه والد گیرنده کروموزوم (رقم چاینیز اسپرینگ) در حین انجام آزمایش و پس از اعمال تیمار شوری از بین رفتند. لذا در محاسبات تجزیه واریانس وارد نشدند.

کاشت بذور در اواسط فروردین سال ۱۳۹۴ صورت گرفت و از هر ژنوتیپ سه عدد بذر در گلدان‌هایی به قطر ۲۵ سانتی‌متر و عمق ۳۰ سانتی‌متر به‌عنوان یک واحد آزمایشگاهی کشت گردید و گلدان‌ها در فضای آزاد قرار گرفتند. برای ایجاد زهکشی مناسب و جلوگیری از تجمع نمک سه سوراخ در کف هر گلدان تعبیه شد و کف هر گلدان تا ارتفاع ۳ سانتی‌متر با سنگریزه پوشانده شد. اعمال تنش شوری از مرحله ساقه‌دهی شروع شد و در هر آزمایش گلدان‌ها به تدریج به شوری مورد نظر رسیدند. صفات مورد بررسی شامل ارتفاع گیاه، طول سنبله، عرض سنبله، وزن سنبله، طول و عرض برگ پرچم، طول پدانکل، قطر پدانکل و وزن خشک اندام‌های هوایی بودند. داده‌های جمع‌آوری شده برای هر صفت با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹ مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. مقایسه میانگین‌ها به روش آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) در سطح احتمال پنج درصد صورت گرفت. به‌منظور گروه‌بندی لاین‌های جایگزین از نظر مقاومت به شوری، تجزیه خوشه‌ای[4] به روش وارد و با نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۱ انجام شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و رسم نمودارهای دو بعدی (بای پلات) با نرم‌افزار Minitab نسخه ۱۶ انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها (جداول ۲، ۳، ۴ و ۵) نشان داد که تفاوت‌های معنی‌داری در بین ژنوتیپ‌ها برای اکثر صفات موردبررسی به جز طول و قطر پدانکل در هر دو سطح شوری ۵ و ۱۰ زیمنس بر متر وجود داشت، که این دلالت بر مناسب بودن تنوع ژنوتیپ‌ها برای بررسی ژنتیکی این صفت می‌باشد. اثر بلوک در کلیه صفات معنی‌دار نبود که نشان‌دهنده وجود یکنواختی مناسبی در همه گلدان‌ها برای عواملی همچون نور، کود و خاک می‌باشد.

در این آزمایش رقم چاینیز اسپرینگ در اثر تنش شوری از بین رفت و نسبت به تنش شوری حساس بود درحالی‌که رقم تایمستین تحمل خوبی به شرایط تنش شوری نشان داد. در منابع قبلی رقم تایمستین یک رقم متحمل به شرایط تنش آبی و مقاوم به برخی بیماری‌ها (*سیرز*، 1954) و رقم چاینیز اسپرینگ به‌عنوان رقمی که تحت شرایط تنش آبی شدید ضعیف عمل می‌کند (*محمدی*، 2002) مطرح شده بودند. با توجه به این‌که در لاین‌های جایگزین این سری، یک جفت از کروموزوم‌های رقم تایمستین جایگزین جفت همولوگ خود در رقم چاینیز اسپرینگ شده است، لذا همه این لاین‌ها فقط در یک کروموزوم شبیه رقم تایمستین هستند درحالی‌که به جز در یک جفت کروموزوم شبیه رقم چاینیز اسپرینگ هستند. بنابراین با مقایسه بین لاین‌های جایگزین و والدین آن‌ها می‌توان به اطلاعات ارزشمندی در مورد کروموزوم‌ها و ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به شوری دست یافت. از تجزیه کلاستر برای گروه‌بندی این لاین‌ها استفاده شد.

نتایج مقایسه میانگین داده‌ها (جدول ۳) نشان داد در شرایط شوری ۵ دسی‌زیمنس بر متر لاین‌های جایگزین

1. Sears
2. Watanabe
3. Ibaraki
4. Cluster analysis

CS(7A)، CS(5D)، CS(6B)، CS(3A)، CS(4A) و CS(4D) در مجموع کل صفات کم‌ترین اختلاف معنی‌دار را با رقم تایمستین (رقم مقاوم) داشتند. نیمی از این لاین‌ها در تجزیه کلاستر به گروه اول (مقاوم) و نیم دیگر به گروه دوم (نیمه‌مقاوم) اختصاص یافتند. لاین‌های CS(5B)، CS(1D)، CS(6D) و CS(2A) بیش‌ترین اختلاف معنی‌دار را با رقم تایمستین داشتند. یکی از این لاین‌ها در تجزیه کلاستر در گروه دوم (نیمه‌مقاوم) و بقیه در گروه سوم (حساس) قرار گرفتند. در شرایط شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر لاین‌های CS(2D) و CS(2A) کم‌ترین اختلاف معنی‌دار را با رقم تایمستین داشتند. در تجزیه کلاستر لاین CS(2A) به همراه رقم تایمستین در گروه اول قرار گرفت ولی لاین CS(2A) در تجزیه کلاستر به گروه چهارم (حساس) اختصاص یافت. علت این امر پایین بودن وزن خشک اندام هوایی در این لاین است. لاین CS(2A) کم‌ترین وزن خشک را در بین تمام لاین‌های جایگزین داشت. لاین‌های CS(7A)، CS(3B)، CS(4B)، CS(6B) و CS(7B) بیش‌ترین اختلاف معنی‌دار را با رقم تایمستین داشتند. این لاین‌ها در تجزیه کلاستر در گروه دوم و سوم قرار گرفتند.

جدول ۱: ژنوتیپ‌های مورد استفاده در آزمایش

Table1: Genotypes used in this experiment

شماره No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
ژنوتیپ Genotype	CS[1]	Tim[2]	CS(1A)[3]	CS(2A)	CS(3A)	CS(4A)	CS(5A)	CS(6A)	CS(7A)	CS(1B)	CS(2B)	CS(3B)
شماره No.	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	
ژنوتیپ Genotype	CS(4B)	CS(5B)	CS(6B)	CS(7B)	CS(1D)	CS(2D)	CS(3D)	CS(4D)	CS(5D)	CS(6D)	CS(7D)	

۱. گندم چاینیز اسپرینگ (والد گیرنده کروموزوم)، ۲. گندم تایمستین (والد دهنده کروموزوم)، ۳. لاین جایگزینی که در آن، کروموزوم ذکر شده در پرانتز از رقم تایمستین جایگزین کروموزوم همولوگ خود در رقم چاینیز اسپرینگ گردیده است

1. Chinese Spring variety (recipient), 2. Timstein variety (donor), 3. Substitution lines in which chromosomes that are listed in parentheses have substituted from Timstein with their related homologous chromosomes from Chinese Spring

جدول ۲: تجزیه واریانس برخی صفات رویشی در شوری ۵ دسی‌زیمنس بر متر

Table 2: Variance analysis of some growth traits in 5 ds/m salinity

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean squares								
		ارتفاع گیاه Plant height	طول سنبله Spike length	عرض سنبله Spike width	وزن سنبله Spike weight	طول برگ Leaf length	عرض برگ Leaf width	طول پدانکل Peduncle length	قطر پدانکل Peduncle diameter	وزن خشک Dry weight
تکرار Repetition	2	22.50^{ns}	0.84^{ns}	0.10^{ns}	0.009^{ns}	6.31^{ns}	0.058^{ns}	1.28^{ns}	0.008^{ns}	0.01^{ns}
ژنوتیپ Genotype	17	61.13^{**}	1.82^{**}	2.74^{**}	0.0058^{**}	16.52^{**}	0.052^{*}	6.57^{ns}	0.05^{ns}	0.22^{*}
خطا Error	34	20.30	0.51	0.77	0.0017	9.21	0.023	3.74	0.028	0.11
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)		16.87	14.44	16.42	6.75	16.10	13.59	16.48	13.22	14.15

ns، * و**: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

ns: Non-significant, *and ** significant at 0.05 and 0.01 probability level, respectively

جدول ۳: مقایسات میانگین اثر ژنوتیپ بر صفات رویشی مورد بررسی در شوری ۵ دسی‌زیمنس بر متر

Table 3: Mean comparisons of genotype effect on some growth traits in 5 ds/m salinity

صفات Traits									
وزن خشک (گرم) Dry weight (g)	قطر پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle diameter (cm)	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	عرض برگ (سانتی‌متر) Leaf width (cm)	طول برگ (سانتی‌متر) Leaf length (cm)	وزن سنبله (گرم) Spike weight (g)	عرض سنبله (سانتی‌متر) Spike width (cm)	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	ژنوتیپ‌ها Genotypes
2.14	1.07*	12.50	0.90	16.75*	0.565*	1.33	4.75*	18.00*	CS(2A)
2.40	1.43	15.00	1.40*	23.50	0.673	1.61	5.00*	31.50	CS(3A)
2.29	1.42	12.83	1.17	21.00	0.618	1.32	4.67*	27.00	CS(4A)
2.61	1.38	12.67	1.07	18.33*	0.577*	1.28	4.67*	26.33	CS(5A)
2.22	1.09*	12.33	1.17	19.17*	0.583*	1.19	4.83*	23.67	CS(6A)
2.45	1.23	10.75	1.10	20.00	0.635	1.23	5.55	30.00	CS(7A)
2.01*	1.19	10.25	1.35*	17.75*	0.675	1.17	4.75*	24.50	CS(3B)
2.16	1.23	11.75	1.00	19.00*	0.570*	1.00	4.25*	23.75	CS(4B)
1.87*	1.07*	9.83*	1.03	15.33*	0.552*	0.78*	3.33*	19.17*	CS(5B)
2.94	1.25	12.75	1.00	17.25*	0.630	1.06	5.70	34.00	CS(6B)
2.17	1.30	11.00	1.15	17.75*	0.610*	1.25	4.50*	28.25	CS(7B)
2.04*	1.31	10.50	1.25*	17.00*	0.560*	0.89*	5.23*	26.00	CS(1D)
2.11	1.17*	12.50	1.00	17.00*	0.605*	1.10	5.00*	25.50	CS(2D)
2.22	1.23	9.83*	1.07	17.33*	0.567*	1.13	5.17*	27.67	CS(3D)
2.51	1.31	11.50	1.00	18.50*	0.600*	1.47	5.50	25.00	CS(4D)
2.66	1.43	12.83	1.17	20.50	0.683	1.36	5.53	36.17	CS(5D)
2.30	1.14*	9.25*	1.10	18.75*	0.590*	0.90*	3.50*	25.50	CS(6D)
2.63	1.46	13.17	0.97	24.50	0.678	1.32	6.67	28.83	Timstein
0.54	0.28	3.21	0.25	5.04	0.068	0.32	1.18	7.48	LSD

*: دارای اختلاف معنی‌دار با رقم تایمستین در سطح احتمال ۵ درصد

*: Statistically significant different from Timstein at the 5% probability level

جدول ۴: تجزیه واریانس برخی صفات رویشی در شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر

Table 4: Variance analysis of some growth traits in 10 ds/m salinity

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean squares								
		ارتفاع گیاه Plant height	طول سنبله Spike length	عرض سنبله Spike width	وزن سنبله Spike weight	طول برگ Leaf length	عرض برگ Leaf width	طول پدانکل Peduncle length	قطر پدانکل Peduncle diameter	وزن خشک Dry weight
تکرار Repetition	2	11.89^{ns}	0.05^{ns}	0.93^{ns}	0.0004^{ns}	9.62^{ns}	0.03^{ns}	1.67^{ns}	0.015^{ns}	0.24^{ns}
ژنوتیپ Genotype	17	87.48**	3.20**	2.90**	0.0076**	41.38**	0.17**	7.50^{ns}	0.067^{ns}	0.19**
خطا Error	34	7.58	0.21	0.48	0.0004	3.04	0.02	1.02	0.007	0.07
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)		11.41	9.44	15.09	3.46	9.72	14.77	9.77	7.01	13.31

ns و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

ns: Non-significant and ** significant at probability levels, respectively

جدول ۵: مقایسات میانگین اثر ژنوتیپ بر صفات رویشی مورد بررسی در شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر

Table 5: Mean comparisons of genotype effect on some growth traits in 5 ds/m salinity

ژنوتیپ‌ها Genotypes	صفات Traits								
	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	عرض سنبله (سانتی‌متر) Spike width (cm)	وزن سنبله (گرم) Spike weight (g)	طول برگ (سانتی‌متر) Leaf length (cm)	عرض برگ (سانتی‌متر) Leaf width (cm)	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	قطر پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle diameter (cm)	وزن خشک (گرم) Dry weight (g)
CS(2A)	21.50	5.33	1.18	0.68	17.50*	0.70	13.50	1.00*	1.56*
CS(3A)	25.00	5.00	1.38	0.64	24.50	1.20*	9.00*	1.12*	1.95*
CS(4A)	26.00	6.10*	1.27	0.65	24.00	0.85	10.30*	1.11*	1.84*
CS(5A)	22.33	4.03	0.77*	0.54*	15.00*	1.07	7.50*	1.30	1.85*
CS(6A)	26.67*	4.33	1.01	0.58*	21.83	1.33*	10.33*	1.16	1.98*
CS(7A)	23.50	2.53	0.89*	0.55*	13.50*	0.60	10.50*	1.10*	1.86*
CS(3B)	33.00*	5.50	1.11	0.58*	18.00*	1.20*	11.27*	1.33	1.75*
CS(4B)	26.50*	6.50*	1.07	0.61*	18.50*	1.20*	10.50*	1.27	2.36
CS(5B)	31.00*	4.75	1.15	0.60*	20.25	1.20*	10.50*	1.41	2.46
CS(6B)	18.25	3.50	0.52*	0.53*	13.50*	0.70	8.75*	1.04*	1.88*
CS(7B)	35.00*	6.50*	1.12	0.70*	12.00*	1.33*	9.50*	1.18	2.12
CS(1D)	18.00	4.83	0.73*	0.54*	17.00	1.00	10.40*	1.00*	1.81*
CS(2D)	24.50	5.75	1.07	0.56*	21.50	0.75	9.75*	1.24	2.07
CS(3D)	20.00	5.50	1.11	0.58*	15.00*	1.00	9.00*	0.85*	1.68*
CS(4D)	17.33	4.33	1.09	0.62*	15.33*	0.93	10.33*	1.25	1.75*
CS(5D)	28.17*	4.00	1.07	0.63	16.00*	1.33*	9.00*	1.00*	2.09
CS(6D)	16.25	4.50	0.73*	0.60*	17.47*	1.03	12.47*	1.33	1.96*
Timstein	21.50	5.00	1.20	0.66	22.33	0.87	13.50	1.29	2.43
LSD	4.57	0.77	0.25	0.034	2.9	0.25	1.68	0.14	0.43

*: دارای اختلاف معنی‌دار با رقم تایمستین در سطح احتمال ۵ درصد

*: Statistically significant different from Timstein at the 5% probability level

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای نه صفت رویشی مورد بررسی در شرایط تنش شوری پنج و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر انجام شد و نمودار دو بعدی (بای پلات[1]) براساس دو مؤلفه اول رسم گردید (شکل ۱ و ۲). در شرایط تنش شوری پنج دسی‌زیمنس بر متر، دو مؤلفه اول دارای مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک بودند. اولین مؤلفه ۵۵/۲ درصد از تغییرات را توجیه نمود و همبستگی متوسطی با اکثر صفات مورد بررسی به جز عرض برگ داشت. دومین مؤلفه ۱۵/۲ درصد از تغییرات را توجیه نمود و همبستگی بالایی با عرض برگ داشت. در شرایط تنش شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر، سه مؤلفه اول دارای مقادیر ویژه بزرگتر از یک بودند. این مؤلفه‌ها به ترتیب ۳۶/۷، ۱۸/۷ و ۱۵/۴ درصد از تغییرات را توجیه نمودند. مؤلفه اول همبستگی بالایی با صفات مربوط به سنبله یعنی طول، عرض و وزن سنبله داشت. مؤلفه دوم همبستگی بالا و مثبت با طول پدانکل و همبستگی بالا و منفی با عرض برگ و ارتفاع داشت. مؤلفه سوم همبستگی بالا و منفی با قطر و طول پدانکل و وزن خشک نشان داد.

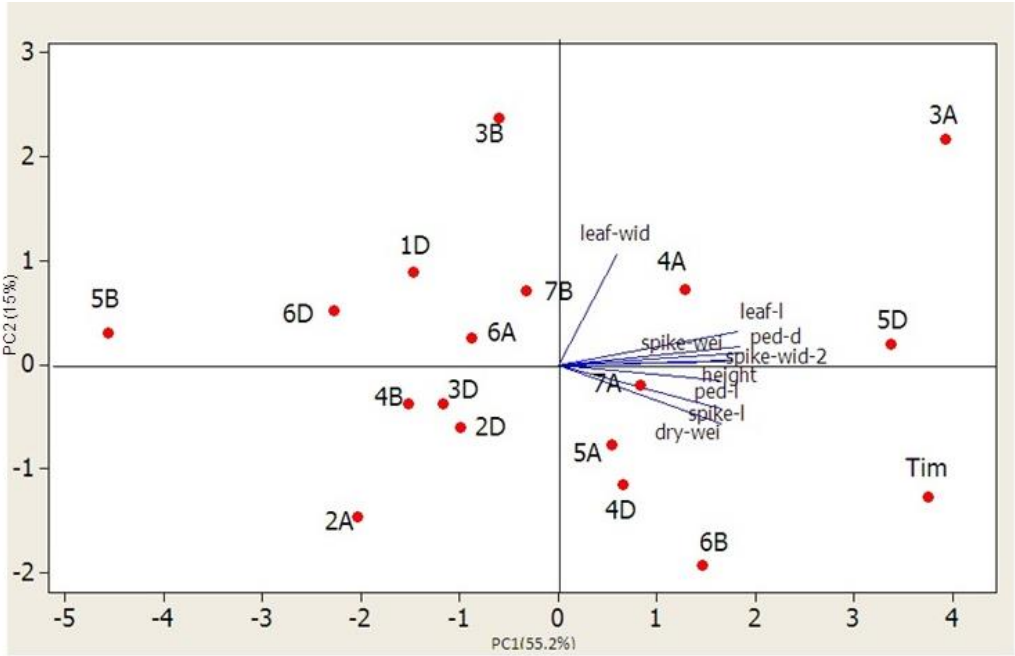
1. Biplot

در نمودار دو بعدی (بای پلات) زاویه حاده بین بردارهای صفات نشان می‌دهد که همبستگی بالایی بین این صفات وجود دارد. ژنوتیپ‌هایی که در مجاورت یا در امتداد بردارها قرار دارند، از نظر آن صفات در وضعیت بهتری نسبت به سایر صفات می‌باشند. در نمودار دو بعدی (بای پلات) در شرایط تنش شوری پنج و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر لاین‌هایی که در مجاورت یا در امتداد بردارهای صفات قرار داشتند در تجزیه کلاستر نیز در گروه مقاوم یا بسیار مقاوم قرار گرفتند و لاین‌هایی که در خلاف جهت بردارهای صفات قرار داشتند در تجزیه کلاستر نیز در گروه‌های نیمه‌مقاوم یا حساس قرار گرفتند.

نتایج تجزیه کلاستر براساس صفات رویشی مورد بررسی در شرایط تنش شوری پنج دسی‌زیمنس بر متر نشان داد که ژنوتیپ‌ها به سه گروه مقاوم، نیمه مقاوم و حساس تقسیم شدند (شکل ۳).

لاین‌های CS(5D)، CS(6B)، CS(3A) و رقم تایمستین در گروه مقاوم قرار گرفتند. بنا براین کروموزوم‌های 5D، 6B و 3A با احتمال بیشتری نسبت به سایر کروموزوم‌ها حامل ژن‌های کنترل کننده تحمل به شوری ۵ دسی‌زیمنس بر متر در صفات رویشی هستند.

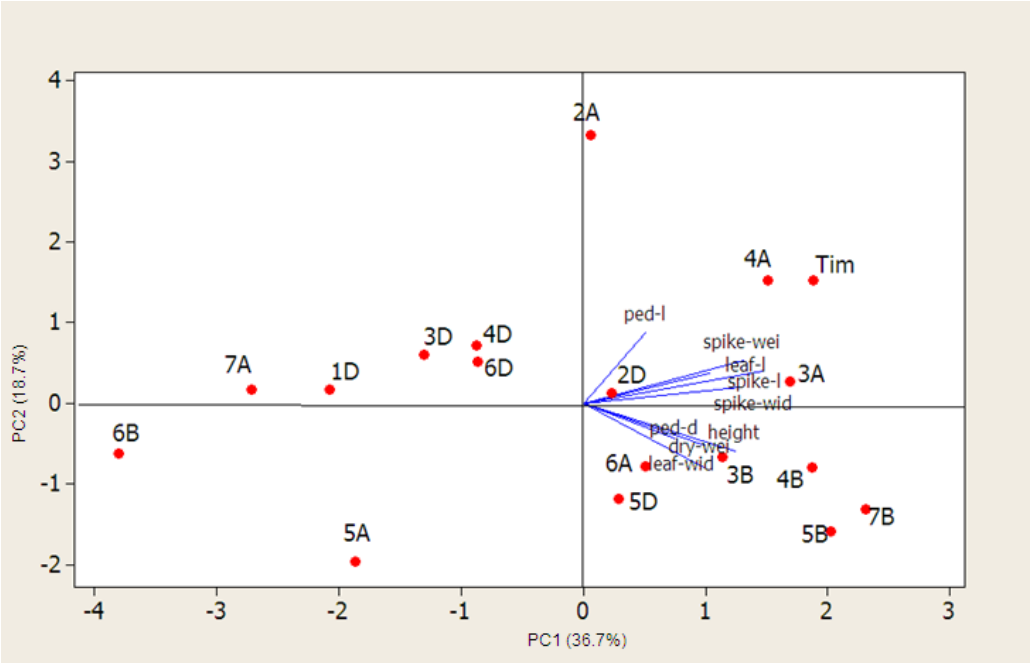
نتایج تجزیه کلاستر در شرایط تنش شوری ۱۰ds/m نشان داد که ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند (شکل ۴). در گروه اول رقم تایمستین و لاین‌های CS(2D)، CS(3A) و CS(4A) قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های موجود در این گروه بسیار متحمل به شوری بودند. لذا می‌توان نتیجه گرفت که کروموزوم‌های 2D، 3A و 4A با احتمال بیشتری نسبت به سایر کروموزوم‌ها حامل ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به شوری در شرایط تنش ۱۰ds/m هستند.



شکل ۱: نمودار دوبعدی صفات مورد بررسی در ۱۸ ژنوتیپ گندم براساس دو مؤلفه اول در شرایط تنش شوری پنج دسی‌زیمنس بر متر

Fig. 1: Biplot of evaluated traits in 18 wheat genotypes based on two first components under 5 ds/m salinity stress

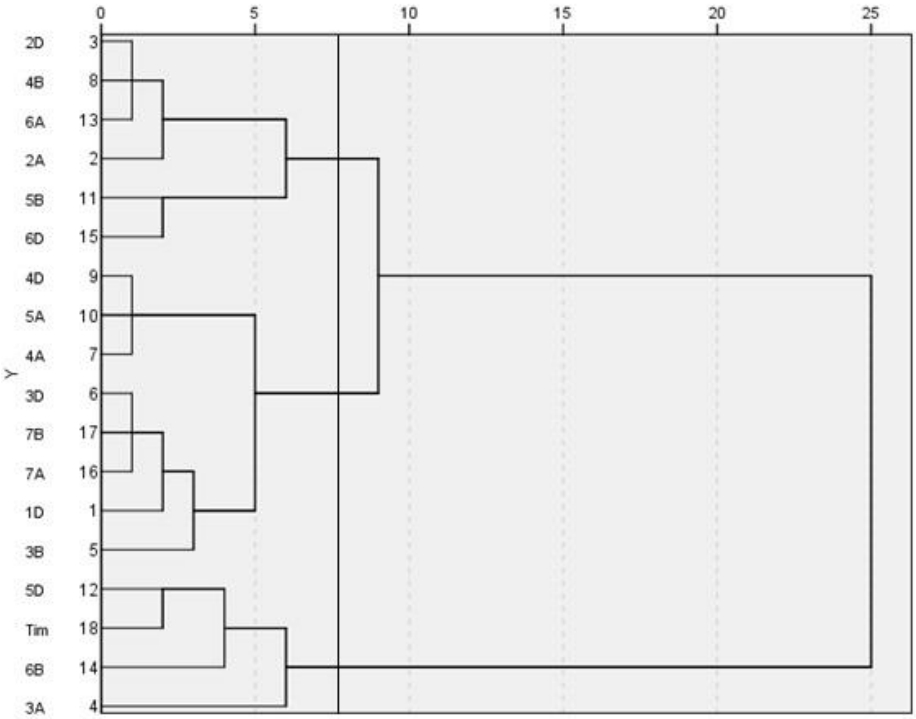
ارتفاع گیاه: height، طول سنبله: spike-l، عرض سنبله: spike-wid، وزن سنبله: spike-wei، طول برگ: leaf-l، عرض برگ: leaf-wid، طول پدانکل: ped-l، قطر پدانکل: ped-d، وزن خشک: dry-wei



شکل ۲: نمودار دوبعدی صفات مورد بررسی در ۱۸ ژنوتیپ گندم براساس دو مؤلفه اول در شرایط تنش شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر

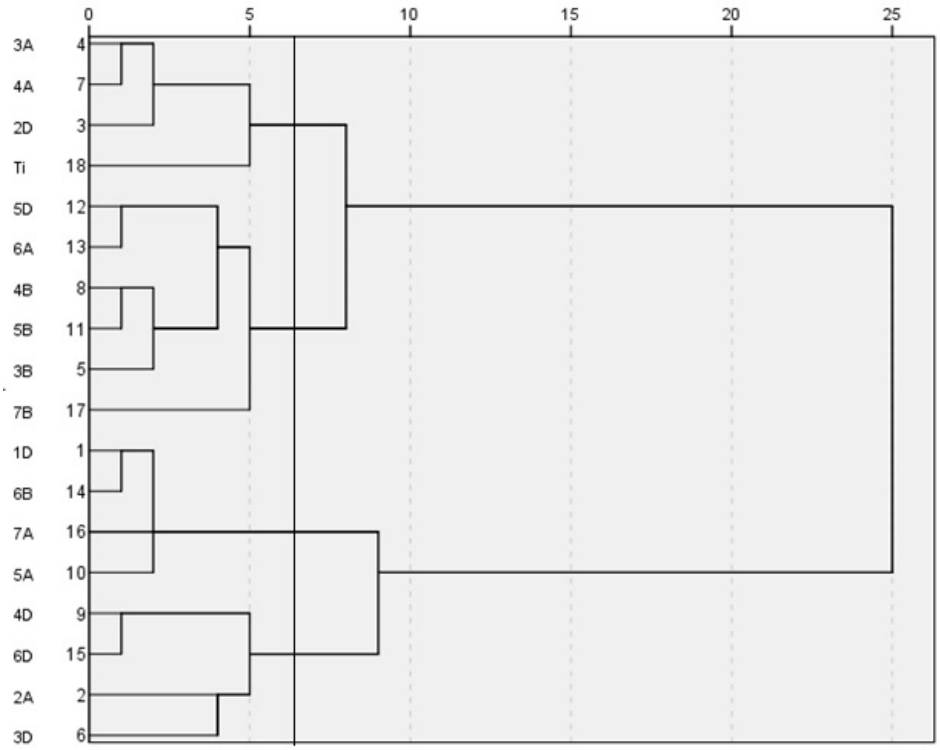
Fig. 2: Biplot of evaluated traits in 18 wheat genotypes based on two first components under 10 ds/m salinity stress

ارتفاع گیاه: height، طول سنبله: spike-l، عرض سنبله: spike-wid، وزن سنبله: spike-wei، طول برگ: leaf-l، عرض برگ: leaf-wid، طول پدانکل: ped-l، قطر پدانکل: ped-d، وزن خشک: dry-wei



شکل ۳: دندروگرام ۱۸ ژنوتیپ گندم بر مبنای صفات مورد ارزیابی در شرایط تنش شوری ۵ دسی‌زیمنس بر متر به روش وارد

Fig. 3: Dendrogram of 18 wheat genotypes based on evaluated traits by Ward method under 5 ds/m salinity stress



شکل ۴: دندروگرام ۱۸ ژنوتیپ گندم بر مبنای صفات مورد ارزیابی در شرایط تنش شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر به روش وارد

Fig. 4: Dendrogram of 18 wheat genotypes based on evaluated traits by Ward method under 10 ds/m salinity stress

می‌توان چهارگروه حاصل از این تجزیه (شکل ۴) را به‌ترتیب به بسیار متحمل به شوری، متحمل به شوری، دارای تحمل متوسط به شوری و حساس به شوری نام‌گذاری کرد. هم‌چنین رقم چاینیز اسپرینگ و لاین‌های CS(1A)، CS(1B)، CS(2B) و CS(7D) که در اثر اعمال تنش از بین رفتند را گروه بسیار حساس به شوری نامید. لذا کروموزوم‌های 1B، 2B و 7D با احتمال بیشتری نسبت به سایر کروموزوم‌ها حامل ژن‌های کنترل‌کننده حساسیت به تنش شوری در صفات رویشی هستند. بنابراین می‌توان کروموزوم‌های 3A و 5D را که در هر دو شرایط تنش پنج و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر در گروه مقاوم قرار گرفتند، کروموزوم‌های حامل ژن‌های مقاومت به شوری ملایم تا شدید دانست. در آزمایش *امیری* و همکاران (2013) نتایج تجزیه امی[1] نشان داد که کروموزوم 3A دارای بیش‌ترین ژن‌های پایداری و عملکرد بالا است. در آزمایشی که با استفاده از لاین‌های جایگزین و دارای کروموزوم اضافه انجام شد، کروموزوم‌های 5A و 5D به‌عنوان حاملین ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به شوری معرفی شده‌اند (*کینگ* و همکاران، 1996).

در آزمایش دیگری بیان شده که شاخص حساسیت به تنش خشکی در لاین CS(6D) دارای بیش‌ترین مقدار بوده است (امینیان، ۱۳۸۹). در آزمایش حاضر لاین CS(6D) در هر دو شرایط تنش پنج و ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر در گروه حساس قرار گرفت. نتایج جایگزینی کروموزوم‌های رقم شاین در چاینیز اسپرینگ نشان داد که برخی از کروموزوم‌ها از جمله کروموزوم 2D دارای بیش‌ترین ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد و اجزاء آن در شرایط دیم هستند (فرشادفر و همکاران، ۱۳۸۰). در آزمایش حاضر لاین CS(2D) در شرایط شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر در گروه مقاوم قرار گرفت. لذا کروموزوم 2D از طریق دارا بودن ژن‌های مقاومت به تنش باعث افزایش عملکرد می‌شود.

بنابراین نتایج تحقیقات قبلی در ارتباط با مقاومت به تنش خشکی و شوری با نتایج حاصل از تجزیه کلاستر تحقیق حاضر مطابقت دارد و برخی کروموزوم‌هایی که توسط محققین قبلی به‌عنوان حاملین ژن‌های مقاومت به خشکی معرفی شده‌اند دارای ژن‌های مقاومت به شوری نیز هستند.

1. AMMI

منابع

امینیان، ر. ۱۳۸۹. مطالعات ژنومی عملکرد و اجزاء آن و صفات مرتبط با تحمل خشکی در گندم نان. پایان‌نامه دکتری اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد. ۲۴۰ صفحه.

امینیان، ر.، محمدی، ش.، هوشمند، س. و خدام باشی، م. ۱۳۹۱. تعیین محل کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد مرتبط با صفات روزنه و برگ پرچم در گندم نان تحت شرایط تنش خشکی و بدون تنش با استفاده از لاین‌های جایگزین کروموزومی. نشریه زراعت (پژوهش و سازندگی)، ۱۳ (۲): ۱۳۱-۱۴۰.

بهنیا، م. ۱۳۷۶. غلات سردسیری. انتشارات دانشگاه تهران. ۶۱۰ صفحه.

دشتی، ح.، یزدی صمدی، ب.، قنادها، م. ر.، عبدمیشانی، س. و صرافی، ا. ۱۳۸۰. تعیین کروموزوم‌های مؤثر در مقاومت به سرما با استفاده از رگه‌های جایگزین در گندم زمستانه. مجله علوم کشاورزی ایران. ۳۲ (۴): ۸۲۵-۸۳۳.

سعادتیان، ب.، سلیمانی، ف.، احمدوند، گ. و وجدانی آرام، س. ۱۳۹۱. بررسی توانایی تحمل، عملکرد و اجزای عملکرد ارقام گندم به شوری آب آبیاری در مراحل حساس رشد. نشریه پژوهش‌های زراعی ایران، ۱۰ (۴): ۷۲۶-۷۳۴.

فرشادفر، ع.، فرشادفر، م. و معروفی، ا. ۱۳۸۰. تعیین محل کروموزمی ژن‌های کنترل‌کننده شاخص‌های کمی مقاومت به خشکی در گندم. پژوهش و سازندگی، ۵۳ (۴): ۴۰-۴۵.

قلی‌زاده، ا. و دهقانی، م. ۱۳۹۴. تعیین ویژگی‌های مرتبط با تحمل به شوری ژنوتیپ‌های گندم نان در استان یزد با استفاده از رگرسیون لجستیک. نشریه تولید گیاهان زراعی، ۸ (۱): ۶۳-۷۷.

کافی، م.، برزویی، ا.، صالحی، م.، کمندی، ع.، معصومی، ع. و نباتی، ج. ۱۳۹۱. فیزیولوژی تنش‌های محیطی در گیاهان. انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد. ۵۰۲ صفحه.

محمدی ده‌چشمه، ش. ۱۳۸۷. آنالیز کروموزومی صفات فیزیولوژیکی مرتبط با مقاومت به خشکی در گندم نان با استفاده از پایه‌های ژنتیکی مونوزوم. انتشارات دانشگاه شهرکرد. ۱۶۰ صفحه.

Amiri, E., Farshadfar, E. and Jowkar, M. M. 2013. AMMI analysis of wheat substitution lines for detecting genes controlling adaptability. International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research, 1: 9.1122-1123.

Farshadfar, E., Koszegi, B., Tischner, T. and Sutka, J. 1995. Substitution analysis of drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). Plant Breeding, 114: 6.542-544.

Farshadfar, E., Safari, H. and Jamshidi, B. 2012. GGE biplot analysis of adaptation in wheat substitution lines. International Journal of Agriculture and Crop Sciences, 4: 877-881.

Jimenez, M. and Dubcovsky, J. 1999. Chromosomes location of genes affecting polyphenol oxidase activity in seeds of common and durum wheat. Plant Breeding, 118: 395-398.

King, I. P., Orford, S. E., Cant, K. A., Reader, S. M. and Miller, R. E. 1996. An assessment of the salt tolerance of wheat/*Thinopyrum bessarabicum* 5E addition and substitution lines. Plant Breeding, 115: 77-78.

Klindworth, D. L., Hareland, G. A., Elias, E. M., Faris, J. D., Chao, S. and Xu, S. S. 2009. Agronomic and quality characteristics of two new sets of Langdon durum-wild emmer wheat chromosome substitution lines. Journal of Cereal Science, 50: 29-35.

Mohammady, S. 2002. Inheritance of tolerance to water-stress in wheat (*Triticum aestivum*). Ph.D. Dissertation. University of Newcastle, UK, 200 pp.

Mohammady, S., Aminian, R., Hooshmand, S. and Khodambashi, M. 2012. Genomic analysis of carbon isotope discrimination, photosynthesis rate, stomatal conductance, and yield in wheat (*Triticum aestivum* L.) under water-stressed conditions. Crop and Pasture Science, 63: 513-519.

Munns, R., James, R. A. and Lauchli, A. 2006. Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. The Journal of Experimental Botany, 57: 1025-1043.

Ram, C., Sharma, G., Ferrara, O., Crossa, J., Bhatta, M. R. and Sufian, M. A. 2007. Wheat grain yield and stability assessed through regional trials in the Eastern Gangetic Plains of Sought Asia. Euphytica, 157: 457-464.

Sears, E. R. 1954. The aneuploids of common wheat. Molecular, Agricultural and Experimental Station Research Bulletin, 572: 1-58.

Shimelis, H., Johan, J. S., Zakkie, A. P. and Maryke, T. L. 2005. Chromosome locations of leaf rust resistance genes in selected tetraploid wheats through substitution lines. Euphytica, 141: 209-216.

Siddiqui, K. A. 1972. Protein content and quality of wheat chromosomes substitution lines. Hereditas, 71: 157-160.

Chromosomal Study of Salinity Tolerance in Wheat Using Chromosome Substitution Lines

Aminian*, R.

Abstract

In order to identify the chromosomes involved in salt tolerance in growth characteristics of wheat and classification of chromosomes in terms of salt tolerance, a complete chromosome substitution line series in which chromosomes of Chinese Spring variety (recipient) have substituted with their related homologous chromosomes from Timstein (donor) were used. Plant genetic materials were evaluated through a randomized complete block design with three replications under two salinity conditions of 5 and 10 ds/m in the Imam Khomeini International University. Analysis of variance showed that there was significant difference among genotypes for height, spike length, width and weight, leaf width and length and dry weight. The results revealed Chinese Spring variety was sensitive while Timstein variety was resistant to salinity stress. The results of cluster analysis showed that in 5 ds/m salinity CS(5D), CS(3A), CS(6B) and Timstein variety and in 10 ds/m salinity CS(2D), CS(3A), CS(4A) and Timstein variety were assigned to resistant group. Therefore, in 5 ds/m salinity chromosomes 5D, 3A as well as 6B and in 10ds/m salinity chromosomes 2D, 3A and 4A from Timstein were carrying the salinity tolerance genes with more probability than other chromosomes. Plant breeders by focusing on these chromosomes can identify the exact place of salt tolerance genes and by transferring these genes into high performance but sensitive plants, can improve salt stress tolerance in wheat.

Keywords: Timstein, Cluster analysis, Chromosomal localization, Chinese Spring

*: Assistant Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resource, Imam Khomeini International University, Qazvin (Email: roghayehaminian@yahoo.com)