

مکان‌یابی دو ژن مستقل کنترل‌کننده مقاومت به زنگ سیاه گندم (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از روش تجزیه هاپلوتایپی و مدل‌سازی ژنتیکی
Mapping chromosome locations of two genes independently controlling stem rust resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.) using haplotype analysis and genetic modeling

حبیب اله قزوینی^۱

چکیده

قزوینی، ح. ۱۳۹۶. مکان‌یابی دو ژن مستقل کنترل‌کننده مقاومت به زنگ سیاه گندم (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از روش تجزیه هاپلوتایپی و مدل‌سازی ژنتیکی. مجله علوم زراعی ایران. ۱۹(۴): ۳۴۸-۳۳۴.

با وجود روش‌های متعدد برای مکان‌یابی ژن‌ها/QTL‌های کنترل‌کننده صفات کمی، تا کنون روش جامعی جهت ترسیم نقشه ژنتیکی دو ژن کنترل‌کننده یک صفت کیفی که بطور مستقل روی فنوتیپ گیاه اثر می‌گذارد، ارائه نشده است. در این تحقیق جمعیت پایه F2 گندم حاصل از تلاقی دو لاین RL6071 (حساس) و Tr129 (مقاوم) با اسپور قارچ عامل بیماری زنگ سیاه (*Puccinia graminis* Pers.) تلقیح و جمعیت به دو گروه مقاوم و حساس تفکیک شد. نتایج ارزیابی فنوتیپی جمعیت‌های F2 و F2:3 نشان‌دهنده تفرق ۱۵:۱ جمعیت برای مقاومت به زنگ سیاه و وجود دو ژن غالب و مستقل بود. با استفاده از ۴۲۲ نشانگر مولکولی ریزماهواره که پوشش خوبی برای تمامی نواحی کروموزومی ۲۱ کروموزوم گندم نان داشتند، مشابهت بین آلل‌های بالک‌های DNA لاین‌های حساس و والدین حساس و مقاوم مورد ارزیابی قرار گرفت. از نشانگرهایی که تطابق آللی مناسبی بین بالک‌های حساس و والد حساس نشان دادند، برای بررسی تطابق آللی لاین حساس RL6071 با لاین F2 استفاده شد. با استفاده از تفرق نشانگرهای ریزماهواره در جمعیت F2 و مدل‌سازی ژنتیکی، حضور دو ژن غالب و مستقل برای کنترل مقاومت به زنگ سیاه در لاین Tr129 مورد تایید قرار گرفت. بر مبنای نتایج حاصل از تجزیه ژنتیکی و تجزیه هاپلوتایپی، نشانگرهای مولکولی پیوسته با دو ژن، مکان قرار گرفتن این ژن‌ها روی کروموزوم‌های 6A و 2B گندم لاین Tr129 ترسیم شد.

واژه‌های کلیدی: تطابق آللی، زنگ سیاه گندم، نشانگرهای ریزماهواره و نقشه‌های کروموزومی.

مقدمه

تحقیقات انجام شده در اوایل قرن بیستم نشان داد که روی هر کروموزوم تعداد زیادی ژن (لینکاژ ژنی) قرار دارند که این موضوع با فرضیات مندلی مبنی بر وجود فقط یک عامل ارثی روی هر واحد وراثتی مغایر بود (Sturtevant, 1913). در سال‌های اولیه کشف پیوستگی ژن‌ها، برای حل روابط ساده‌ای مانند بررسی ترتیب و یا اندازه‌گیری فاصله دو و یا سه ژن پیوسته، با استفاده از فراوانی‌های فنوتیپی نتایج ترکیب در مقایسه با نتایج با فنوتیپ والدینی در جمعیت‌های ژنتیکی مانند نسل دوم، نسل سوم و تلاقی‌های برگشتی و محاسبه درصد کیاسما و کراسینگ اوور، فاصله ژنتیکی دو ژن بر حسب واحد سانتی‌مورگان محاسبه می‌شد. با کشف ژن‌های بیشتر روی هر کروموزوم و نیز کشف اثراتی مانند تداخل (Interference) و تطابق (Coincidence)، محاسبه ترتیب ژن‌ها و یا فاصله دقیق ژن‌ها از یکدیگر مشکل‌تر شد. با گذشت زمان استفاده از نرم افزارهای کامپیوتری در محاسبه فواصل ژن‌ها و ترسیم نقشه‌های لینکاژی متداول گردید (Griffiths et al., 2000).

امروزه با کشف و توسعه نشانگرهای مولکولی نقشه‌های ژنتیکی گیاهان و جانوران کامل‌تر و بصورت اشباع تهیه و موقعیت ژن‌های کنترل‌کننده صفات روی کروموزوم‌ها با استفاده از این نشانگرها بطور دقیق مشخص گردیده است (Agarwal et al., 2008; Doveri et al., 2008; Kumar et al., 2009). مهم‌ترین موضوع در مکان‌یابی یک ژن جدید و ترسیم نقشه پیوستگی آن، پیدا کردن کروموزوم محل استقرار آن ژن است. وقتی که محل کروموزومی ژن مشخص شد، نقشه ژنتیکی ژن‌ها به آسانی و با استفاده از نشانگرهای مولکولی قابل رسم است. چندین روش مختلف سیتولوژیکی شامل تجزیه مونسومیکی (Sears, 1944; Singh, 1967)، تجزیه تلوسنتریکی (Sears, 1966) و مکان‌یابی ژنتیکی با استفاده از کمبودهای هاپلوئیدی (Hiebert et al., 2005)،

برای شناسایی محل ژن‌ها استفاده شده‌اند. همچنین از روش‌های ژنتیکی نظیر ارزیابی کل ژنوم (Whole-genome mapping, WGM) (Miller, 2013) و تجزیه تفرقی بالک‌ها (Bulked segregant analysis, BSA) (Michelmore et al., 1991) برای تشخیص محل ژن‌ها استفاده می‌شود که اولی دارای دقت بسیار بالا، ولی بسیار وقت‌گیر و پرهزینه بوده و دومی سریع، ولی با دقت پایین بوده و تنها قادر به شناسایی ژن‌هایی است که فاصله نزدیکی با نشانگرهای مولکولی دارند (Ghazvini et al., 2012a). روش ژنتیکی لاین‌های نسبتاً ایزوژن (Near isogenic lines, NILs) نیز روش دقیقی برای شناسایی محل ژن‌ها می‌باشد، ولی تهیه لاین‌های نسبتاً ایزوژن وقت‌گیر بوده و نشانگرهای مورد استفاده برای غربالگری این لاین‌ها باید پوشش کروموزومی خوبی برای کل ژنوم داشته باشند تا قادر به شناسایی قطعه‌ای از ژنوم (و ژن موجود) که در لاین‌های مختلف متفاوت است، باشند. در مجموع هر یک از روش‌های یاد شده معایب و محاسنی داشته و شناسایی روشی که بتواند با صرف وقت و هزینه کمتر نسبت به WGM و NILs و دقتی بیشتر از آنچه در روش BSA دیده می‌شود و قادر به شناسایی محل کروموزومی ژن‌های صفات کیفی باشد، برای محققان علم ژنتیک بسیار مطلوب خواهد بود (Ghazvini et al., 2012a).

اگر یک صفت خاص تنها توسط یک ژن کنترل شود، نرم افزارهای ژنتیکی موجود توانایی رسم نقشه ژنتیکی آن ژن (یا صفت فنوتیپی) را در ارتباط با ژن‌های دیگر و یا با نشانگرهای مولکولی دارند. در مواردی که دو ژن مستقل بطور هم‌زمان روی یک صفت فنوتیپی اثر می‌گذارند، رسم نقشه ژنتیکی و مکان‌یابی محل این ژن‌ها توسط نرم‌افزارهای موجود امکان‌پذیر نمی‌باشد. تعداد زیادی از محققان روش‌های مختلفی را بکار برده‌اند تا در مواقعی که دو ژن بطور مستقل یک صفت کیفی را کنترل می‌کنند، ب

روی کروموزوم‌ها و فاصله آنها با نشانگرهای مجاور خواهد شد. وو و همکاران (Wu *et al.*, 2007) با استفاده از داده‌های فنوتیپی حاصل از سه سال ارزیابی مزرعه‌ای والدین، نسل F_1 ، جمعیت F_2 و جمعیت‌های تلاقی برگشتی برای ارزیابی مقاومت به ویروس موزائیک نیشکر در ذرت و طراحی برنامه نرم‌افزاری خاص، موفق شدند محل دو ژن غالب تکمیل‌کننده که مقاومت به ویروس را کنترل می‌کنند، روی کروموزوم‌های ۳ و ۶ ذرت تعیین کنند.

در این تحقیق، مراحل غربالگری اولیه نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با ژن‌های مقاومت، استفاده از تفرق نشانگرهای مولکولی در جمعیت F_2 ، تجزیه هاپلوتایپی و مدل‌سازی ژنتیکی برای مکان‌یابی کروموزومی دو ژن غالب که بطور مستقل از یکدیگر مقاومت به زنگ سیاه در لاین گندم Tr129 را کنترل می‌کنند، انجام شد. هدف اصلی این تحقیق، ارزیابی مراحل مختلف تجزیه‌های ژنتیکی و تجزیه هاپلوتایپی نشانگرهای مولکولی پیوسته با ژن‌های مقاومت بود که بر مبنای آن می‌توان کروموزوم‌های محل قرار گرفتن و نقشه کروموزومی ژن‌های مستقل کنترل‌کننده یک صفت کیفی را تعیین نمود.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در سال ۲۰۱۲ میلادی در مرکز تحقیقات غلات، وزارت کشاورزی کانادا، وینیپگ، کانادا و با استفاده از جمعیت ژنتیکی نسل‌های F_2 و F_3 حاصل از تلاقی لاین RL6071 (بعنوان لاین حساس) با لاین Tr129 (لاین مقاوم به بیماری زنگ سیاه در اثر قارچ پوکسینیا گرامینیس زیر گونه تریسیسی (*Puccinia graminis* Pers.:Pers. f. sp. *tritici* Eriks. & E. Henn.)) انجام شد. نتایج ارزیابی‌های اولیه نشان داد که پس از تلقیح جمعیت‌های مذکور با نژاد MCCC قارچ، یک تفرق ۱۵:۱ در جمعیت از نظر مقاومت نسبت به نژاد قارچ مزبور وجود داشت ($\chi^2_{15:1} = 1.48, P = 0.22$) که

توانند نقشه ژنتیکی ژن‌ها را ترسیم کنند. یو و همکاران (Yue *et al.*, 2008) در ارزیابی عامل ژنتیکی رنگ گل‌های لیمویی نسل F_2 در گیاه آفتابگردان، یک نسبت تفرق ۱۵:۱ را مشاهده کردند که نشان می‌داد دو ژن مغلوب بطور مستقل رنگ گل آفتابگردان را کنترل می‌کنند. این محققان با استفاده از خانواده‌های $F_{2:3}$ که بطور تصادفی انتخاب شده و تفرق ۳:۱ داشتند فقط توانستند نقشه ژنتیکی یکی از ژن‌های مذکور را رسم کنند. بدیهی است که بدست آوردن داده‌های فنوتیپی صفت مذکور در خانواده‌های $F_{2:3}$ آفتابگردان نیازمند سطح وسیعی زمین و مستلزم کار عملی بسیار زیادی بوده و بعلاوه جمع‌آوری نمونه‌های گیاهی و استخراج DNA و تحقیقات ژنتیکی روی آنها، کار را غیرممکن جلوه می‌دهد.

یائو و همکاران (Yao *et al.*, 1997) گزارش کردند که دو ژن بازگرداننده باروری در برنج نقش اساسی در بازگرداندن باروری در برنج‌های هیبرید با شیوه نرعقیمی سیتوپلاسمی را دارند. این محققان با استفاده از غربال نمودن دو بالک گیاهان کاملاً عقیم و گیاهان کاملاً بارور با استفاده از نشانگر مولکولی آر اف ال پی و روش‌های تجزیه واریانس، مکان‌یابی مکان‌های کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) و تجزیه حداکثر احتمال (Maximum likelihood) موفق شدند که محل تقریبی ژن‌های بازگرداننده باروری روی کروموزوم‌های شماره ۱ و ۱۰ برنج را شناسایی کنند. محققان دیگری (Guo *et al.*, 2006) اقدام به رسم نقشه ژنتیکی دو ژن کنترل‌کننده نرعقیمی گندم در روش حساسیت حرارتی-فتوپریودیکی نمودند، ولی آنها برای پیدا کردن نقشه ژنتیکی هریک از این ژن‌ها، تنها از ژنوتیپ‌های کاملاً عقیم و کاملاً بارور استفاده کردند و کلیه ژنوتیپ‌های حد وسط که باروری ناقص داشتند، از تجزیه‌های ژنتیکی حذف شدند. حذف‌گزینشی ژنوتیپ‌های خاص از میان جمعیت ژنتیکی، خواه ناخواه باعث پیدایش اریب معنی‌داری در محاسبه محل ژن‌ها

ردیف یک تا چهارده صفحه PCR به همراه دی ان آی والدین که در چاهک‌های ۱۵ و ۱۶ قرار داده شدند، مورد مقایسه قرار گرفتند.

۵. استفاده از صفحه‌های PCR حاوی پرایمرهای نشانگر برای غربال سریع بالک‌های دی ان آی لاین‌های حساس و مقایسه آنها با دی ان آی والدین. برای سهولت در انجام PCR در مجموع ۱۶ مخلوط PCR برای هر مینی‌بالک و یا والدین تهیه شد که هر کدام شامل ۶۰ نانوگرم دی ان آی (۳۰ نانوگرم برای هر لاین حساس در مینی‌بالک‌های حساس)، بافر PCR با غلظت 1x، ۰/۸ میلی‌مول dNTPs، ۱/۵ میلی‌مول $MgCl_2$ ، ۱/۹ پیکومول از پرایمر M13 (Schuelke, 2000) با دنباله‌های فلورسنت با رنگ‌های مختلف (Fam, Vic, Ned, Pet) و یک واحد آنزیم تک پلیمرز بود. ۱۰ میکرولیتر از هر یک مخلوط‌های PCR شامل دی ان آی‌های مختلف در چاهک‌های هر یک از ستون‌های هر صفحه PCR اضافه شد. پرایمر M13 استفاده شده در هر صفحه PCR تنها با یک نوع از دنباله‌های فلورسنت رنگی نشاندار شده بود. ۶. پرایمرهای ریزماهواره بر مبنای دمای اتصال مختص هر پرایمر در صفحه‌های PCR مختلف قرار گرفته بودند و بر همین مبنای واکنش زنجیره‌ای پلیمرز هر صفحه PCR بطور اختصاصی (عموماً صفحه‌های PCR با دمای اتصال ۶۱ درجه سانتیگراد و یا ۵۱ درجه سانتیگراد) با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (PTC-100 MJ Research thermal cycler, Waltham, MA) انجام شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، چرخه‌های حرارتی مورد استفاده در PCR و تجزیه باندهای دی ان آی با استفاده از دستگاه تجزیه ژنتیکی ای بی آی ۳۱۰۰ (Applied Biosystems, Streetsville, ON, Canada) همکاران (Somers *et al.*, 2004) و سوردیل و همکاران (Sourdille *et al.*, 2004) انجام شد.

برای شناسایی مکان‌های احتمالی حضور هر یک از ژن‌های مقاومت، مقایسه شباهت‌های آللی بین

نشان‌دهنده وجود دو ژن غالب و مستقل برای القای مقاومت به زنگ سیاه در لاین Tr129 بود (Ghazvini *et al.* 2012b). دی ان آی ژنومی گیاهان F₂ مورد بررسی بر اساس روش پالوتا و همکاران (Pallotta *et al.*, 2003) استخراج شد. برای تخمین مکان‌های کروموزومی دو ژن یک روش گام به گام ابداعی بکار گرفته شد. در اولین مرحله از یک روش تغییر یافته تجزیه تفرقی بالکی استفاده شد (Ghazvini *et al.*, 2012a) تا محل احتمالی ژن‌های مقاومت روی کروموزوم‌های لاین Tr129 تعیین شوند. مراحل مختلف این روش بطور خلاصه شامل قسمت‌های زیر بود:

۱. انتخاب ۴۲۲ نشانگر مولکولی ریزماهواره که پوشش خوبی برای تمامی نواحی کروموزومی ۲۱ کروموزوم گندم داشتند (بطور تقریبی یک نشانگر برای هر پنج سانتی مورگان) (Röder *et al.*, 1998; Somers *et al.*, 2004; Sourdille *et al.*, 2004).

۲. اضافه کردن پرایمرهای نشانگرهای مزبور به میزان لازم برای یک واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در هر چاهک (۰/۲ پیکومول از پرایمر مستقیم و ۲ پیکومول از پرایمر معکوس). در مجموع ۱۶ چاهک در یک صفحه PCR ۳۸۴ چاهکی (۱۶ ردیف × ۲۴ ستون) بارگذاری شدند، بطوری که در چاهک‌های هر ستون یک پرایمر و در مجموع ۲۴ پرایمر در هر صفحه PCR قرار داده شدند.

۳. قرار دادن صفحه‌های PCR حاوی پرایمرهای نشانگر در یک دستگاه خشک کننده برودتی (یا در زیر هود) به منظور تبخیر آب موجود و باقی ماندن پرایمر در ته هر چاهک.

۴. تهیه بالک‌های دی ان آی چندگانه فقط از دی ان آی‌های حساس که فاقد هر دو ژن مقاومت بودند. برای تهیه هر بالک، دی ان آی دو لاین حساس مخلوط شده و در مجموع ۱۴ بالک دی ان آی (مینی‌بالک) لاین‌های حساس (۲۸ ژنوتیپ حساس) که در چاهک‌های

با نسبت آلل‌های مورد انتظار در گروه‌های ژنوتیپی مشاهده شده برای نشانگرهای همباز، انجام گرفت. در این مورد هم نشانگرهای بارز قابل گروه بندی به کلاس‌های حساس و هتروزیگوت نبوده و در نتیجه نسبت‌های آللی ارائه شده قابل ارزیابی توسط آزمون کای دو نبود. از میان نه نشانگر بارز امیدبخش مورد بررسی در این تحقیق، تنها یک نشانگر بارز بر اساس نسبت بالای شباهت آللی لاین‌های مقاوم هموزیگوت و لاین‌های مقاوم در حال تفرق به والدین مقاوم یا حساس و همچنین پیوستگی با یک نشانگر همباز برای تجزیه هاپلوتایپی انتخاب شد.

بر اساس روش قدم به قدم غربالگری، در انتها فقط نشانگرهای مولکولی مستقر در روی دو کروموزوم مستقل بیشترین همبستگی را با ژن‌های مقاومت داشتند. در این مرحله از داده‌های هاپلوتایپی بدست آمده از ۱۶۱ گیاه F₂، شامل ۱۵ لاین حساس و ۱۴۶ لاین مقاوم که توسط نشانگرهای ریزماهواره در کروموزوم‌های هدف بدست آمده بود، برای ایجاد یک مدل فرضی تلاقی دی هیبریدی (دو ژنی) استفاده شد. بر اساس داده‌های فنوتیپی و هاپلوتایپی موجود برای هر یک از دو کروموزوم، نتایج F₂ به نه گروه ژنوتیپی مطابق با یک تلاقی دو ژنی تقسیم شدند. آزمون تطابق نسبت‌های تفرقی گروه‌های ژنوتیپی مشاهده شده با استفاده از آزمون کای دو (χ^2) با نسبت‌های مورد انتظار (۱، ۲، ۱، ۲، ۴، ۲، ۱، ۲، ۱، ۲) انجام شد. بر مبنای تجزیه هاپلوتایپی، نزدیک‌ترین مکان نشانگرها به هر یک از ژن‌های مقاومت به زنگ سیاه تخمین زده شد. با فرض حضور فقط یک ژن و عدم حضور ژن دیگر بر مبنای استفاده از نزدیک‌ترین نشانگر مولکولی مرتبط با هر ژن، جمعیت یک بار برای ژن اول و یک بار برای ژن دوم مورد تجزیه ژنتیکی قرار گرفت.

بر مبنای نتایج حاصل از تجزیه ژنتیکی و تجزیه هاپلوتایپی، نشانگرهای مولکولی پیوسته با هر دو ژن مقاومت به زنگ سیاه، دو خانواده F₂₃ که به ترتیب

بالک‌های حساس با والد حساس و عدم تشابهات آللی بالک‌های حساس با والد مقاوم، انجام گرفت. ژنوتیپ‌های حساس مورد استفاده برای تهیه بالک‌های حساس در این آزمایش، از میان ۲۳ ژنوتیپ کاملاً حساس با تیپ آلودگی ۳ یا بیشتر و پنج ژنوتیپ حساس با تیپ آلودگی ۲۲⁺ تا ۲۳⁺ پس از ارزیابی فنوتیپی جمعیت اولیه که شامل ۲۸۸ ژنوتیپ F₂ بود، انتخاب شدند (Ghazvini *et al.*, 2012b). از نشانگرهایی که تشابهات آللی خوبی بین بالک‌ها و والد حساس نشان دادند، برای بررسی تطابق آللی لاین حساس RL6071 با ۱۵ لاین حساس F₂ بطور جداگانه استفاده شد. در مورد نشانگرهای همباز آزمون تطابق نسبت آللی مشاهده شده در ۱۵ لاین حساس به والد حساس، والد مقاوم یا هیبرید نسل F₁ با نسبت آلل‌های مورد انتظار در گروه-های ژنوتیپی مشاهده شده با استفاده از آزمون کای دو (χ^2) انجام شد. نشانگرهایی که برای آنها تطابق آللی معنی‌داری بین والد حساس و ۱۵ لاین F₂ حساس وجود داشت، به عنوان نشانگرهای امیدبخش شناخته شده و نشانگرهایی که برای آنها تطابق آللی بالایی در بین نتایج حساس و والد حساس وجود نداشت، حذف شدند. نشانگرهای بارز قابل گروه بندی به کلاس‌های حساس و هتروزیگوت نبوده و در نتیجه نسبت‌های آللی ارائه شده قابل ارزیابی توسط آزمون کای دو نبود و در این مورد انتخاب نشانگر تنها بر اساس نسبت بالای شباهت آللی لاین‌ها به والدین حساس و مقاوم انجام گرفت. در این مرحله از ۱۲ نشانگر امیدبخش انتخابی برای غربال کردن دی ان آی ۱۴۶ گیاه F₂ با فنوتیپ‌های مقاوم استفاده شد. سپس تطابق آللی نتایج هموزیگوت و هتروزیگوت مقاوم با آلل‌های هر دو والد یا هیبرید نسل F₁ با استفاده از این نشانگرهای امیدبخش مورد بررسی قرار گرفتند. در این مرحله، با استفاده از آزمون کای دو، تطابق نسبت شباهت آللی مشاهده شده در ۶۹ لاین مقاوم هموزیگوت و همچنین ۷۷ لاین مقاوم در حال تفرق به والد حساس، والد مقاوم یا هیبرید نسل F₁

فقط برای ژن اول و یا فقط برای ژن دوم تفرق نشان دادند انتخاب شده و پس از تلقیح جمعیت‌های مذکور با نژاد MCCF قارچ زنگ سیاه، ارزیابی فنوتیپی این جمعیت بطور جداگانه انجام گرفت. بر مبنای نتایج حاصل از تجزیه ژنتیکی و تجزیه هاپلوتایپی، جمعیت بر اساس تفرق یک ژن گروه‌بندی شده و نقشه‌های ژنتیکی گروه‌های لینکاژی با استفاده از برنامه جوینمپ (JOINMAP) ترسیم و فاصله‌های ژنتیکی بر اساس تابع کوسامبی (Kosambi, 1944) محاسبه شدند.

نتایج و بحث

از ۴۲۲ نشانگر ریزماهواره استفاده شده در آزمایش تجزیه تفرقی بالک‌ها، ۲۰ نشانگر واقع در کروموزوم‌های 1A، 2B، 2D، 3A، 3D، 4A و 6A گندم شباهت بالایی بین آلل‌های والد حساس و بالک‌های حساس نشان دادند (جدول ۱). با توجه به این که بعضی از این نشانگرها توانایی تکثیر بیش از یک مکان ژنی را در کروموزوم‌های مختلف دارند، در جدول یک، مکان کروموزومی احتمالی برخی از نشانگرهای مورد استفاده در بیش از یک کروموزوم نشان داده شده است. مراحل غربالگری مورد استفاده در روش تغییر یافته تجزیه تفرقی بالک‌ها (MBSA) و استفاده از این روش برای مکان‌یابی سریع ژن جدید مقاومت به زنگ سیاه *Sr54* توسط قزوینی و همکاران (Ghazvini et al., 2012a) توضیح داده شده است.

با استفاده از روش تغییر یافته تجزیه تفرقی بالک‌ها، در این تحقیق نیز غربال اولیه نشانگرهای با احتمال پیوستگی ژنی با ژن‌های مقاومت روی کروموزوم‌های مختلف گندم انجام گرفت. با توجه به این که لاین گندم مقاوم Tr129 در قسمت‌هایی از ژنوم خود دارای ریخته ارثی از خویشاوند وحشی گندم، جنس آزیلوپس گونه تریانسالیس (*Aegilops triuncialis*) می‌باشد (Aung and Kerber, 1994)، تعدادی از نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این تحقیق برخلاف طبیعت

همبارز بودن، به علت عدم تشابه کروموزومی در برخی مکان‌های ژنی و تخصصی بودن نشانگرهای ریز ماهواره گندم، قادر به تکثیر آلل‌های موجود روی هر دو کروموزوم ژنوتیپ‌های مورد بررسی نبودند و تکثیر آلل مورد بررسی تنها از روی نسخه کروموزوم به ارث رسیده از والد گندم انجام گرفت و این نشانگرها بصورت بارز ظاهر شدند (جدول ۱). با توجه به تظاهر بارز برخی از نشانگرها، نمره‌دهی باندهای مربوط به این نشانگرها بر اساس حضور یا عدم حضور (آلل نول) باند دی ان آی تکثیر شده انجام گرفت. بر این اساس، در جدول‌های ۱ و ۲ برای نشانگرهای بارز تنها دو آلل (حضور یا عدم حضور باند) و برای نشانگرهای همبارز آلل‌های مرتبط با هر سه وضعیت مقاوم هموزیگوت، هتروزیگوت و حساس هموزیگوت قابل نمره‌دهی بودند.

از نشانگرهای مولکولی همبارز و بارز ریزماهواره که شباهت بالایی بین بالک‌های حساس و والد حساس داشتند، برای غربال نمودن دی ان آی ۱۶۱ گیاه F_2 با فنوتیپ مشخص مقاوم و یا حساس استفاده شد. در این مرحله، در گام اول شباهت آللی لاین حساس RL6071 با ۱۵ لاین حساس F_2 مورد مقایسه قرار گرفت. تمایز لاین‌های F_2 مقاوم هموزیگوت با لاین‌های F_2 مقاوم هتروزیگوت بر اساس واکنش خانواده‌های $F_{2:3}$ مشتق شده از لاین‌های F_2 به نژاد MCCF زنگ سیاه انجام شد. شباهت آللی ۱۵ لاین حساس F_2 نسبت به والد حساس، والد مقاوم و هیبرید نسل F_1 حاصل از تلاقی والدین مورد مقایسه قرار گرفت (جدول ۱). از میان ۱۱ نشانگر ریزماهواره همبارز مورد استفاده در این مرحله، تنها سه نشانگر *gwm388*، *barc101*، *cf73* روی کروموزوم 2BL و یک نشانگر همبارز (*gwm334*) روی کروموزوم 6AS تطابق معنی‌داری را در بین آلل‌های والد حساس و ۱۵ لاین F_2 حساس نشان دادند. از میان نه نشانگر بارز مورد بررسی، تشابه آللی بالایی (بیش از ۸۰ درصد) در بین والد حساس و ۱۵ لاین F_2

نشانه‌های gpw7395 و gwm135 روی کروموزوم 1A، با وجود تطابق آلی خوبی که بین لاین‌های حساس و والد حساس RL6071 وجود داشت (۱۴ ژنوتیپ از ۱۵ ژنوتیپ حساس) (جدول ۱)، مقایسه آل‌های لاین‌های مقاوم و یا لاین‌های مقاوم هتروزیگوت با والد مقاوم Tr129 نشان داد که تطابق مشاهده شده بین لاین‌های حساس و والد حساس در مرحله اول غربالگری صرفاً تصادفی بوده است (جدول ۲). در این مرحله تنها در پنج نشانگر ریزماهواره همباز روی کروموزوم 2BL (gwm7506، cfd73، barc101، gwm388 و barc129) و دو نشانگر ریزماهواره روی کروموزوم 6AS (gpw3041 و gwm334) تطابق آلی معنی‌داری در بین لاین‌های مقاوم هموزیگوت و یا لاین‌های مقاوم هتروزیگوت با والد مقاوم Tr129 مشاهده شد (جدول ۲). با توجه به این که نشانگر wmc445 روی کروموزوم 2BL در ناحیه تلومر بازوی بلند کروموزوم شماره ۲ گندم قرار دارد (Somers *et al.*, 2004)، این نشانگر فاصله قابل توجهی از سایر نشانگرهای مستقر در ناحیه وسط بازوی بلند کروموزوم شماره ۲ داشت و بر اساس نتایج جدول ۲ نیز همبستگی بالایی با ژن احتمالی روی کروموزوم 2BL نشان نداد. نتایج نشان داد که در نشانگرهای barc122 و cfa2076 نیز تطابق قابل قبولی از نظر آل‌های به ارث رسیده از والد مقاوم Tr129 در لاین‌های مقاوم هموزیگوت یا هتروزیگوت وجود نداشت. بر اساس مقایسه فنوتیپ‌های ۱۶۱ گیاه F₂ با هاپلوتایپ آل‌های پیوسته با هر ژن، نشانگر cfd73 روی کروموزوم 2BL و نشانگر gpw3041 روی کروموزوم 6AS با داشتن بیشترین آل‌های مشابه بین لاین‌های حساس با والد حساس و یا بین لاین‌های مقاوم با والد مقاوم، به عنوان نزدیک‌ترین نشانگرها به دو ژن مقاومت به زنگ سیاه شناسایی شدند (جدول‌های ۱ و ۲).

در مرحله بعد از داده‌های هاپلوتایپی بدست آمده از ۱۶۱ گیاه F₂ برای ایجاد یک مدل فرضی تلاقی

حساس در دو نشانگر روی کروموزوم 1A (gpw7395 و gwm135)، یک نشانگر روی کروموزوم 2BL (wmc445)، یک نشانگر روی کروموزوم 2D (barc122)، یک نشانگر روی کروموزوم 6AS (gpw3041) و یک نشانگر روی کروموزوم 3A (cfa2076) مشاهده شد و این نشانگرها نیز به عنوان نشانگرهای امید بخش شناخته شدند (جدول ۱). با توجه به معنی دار بودن تطابق آل‌های والد حساس و لاین‌های حساس F₂ در چهار نشانگر واقع روی کروموزوم 2BL، دو نشانگر دیگر مستقر روی این کروموزوم (gpw7506 و barc129) نیز که دارای تطابق غیر معنی‌دار آلی بین والد حساس و لاین‌های حساس بودند، جهت بررسی در مرحله بعد انتخاب شدند. نشانگرهای انتخابی اولیه از طریق روش تجزیه تفرقی بالک‌ها روی کروموزوم‌های 3D، 4A و 6AL که برای آنها تطابق آلی قابل قبولی در بین نتاج F₂ حساس و والد حساس RL6071 وجود نداشت، حذف شدند (جدول ۱).

در مرحله بعد مقایسه روابط آلی نتاج هموزیگوت مقاوم با آل‌های والد مقاوم Tr129 و نتاج هتروزیگوت مقاوم با آل‌های والد حساس RL6071 و والد مقاوم Tr129، با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره واقع در کروموزوم‌های 1A، 2BL، 2D، 6AS و 3A انجام گرفت (جدول ۲). در این مورد هم برای تمایز لاین‌های F₂ مقاوم هموزیگوت از لاین‌های F₂ مقاوم هتروزیگوت، از واکنش خانواده‌های F_{2,3} نسبت به نژاد MCCF زنگ سیاه استفاده شد. در این مرحله فرض شد که اگر نشانگر امیدبخش مورد بررسی پیوستگی بالایی با ژن مقاومت به زنگ سیاه داشته باشد، تعداد زیادی از لاین‌های مقاوم هموزیگوت و هتروزیگوت باید آل‌های خود را از والد مقاوم Tr129 به ارث برده باشند و تعداد ژنوتیپ‌های مقاومی که آل‌های خود را از والد حساس به ارث برده بودند، دلیل عدم پیوستگی نشانگر با صفت مقاومت در نظر گرفته شد. به عنوان مثال، در مورد

که در بین این ژن و نشانگر مزبور کراسینگ اور انجام گرفته است.

تجزیه ژنتیکی جمعیت‌های تمایز یافته که بر اساس تجزیه هاپلوتایپی نشانگرهای پیوسته با دو ژن و ژنوتیپ نزدیک‌ترین نشانگر مولکولی و با فرض حضور فقط یک ژن و عدم حضور ژن دیگر از جمعیت اصلی مشتق شده بودند، نشان داد که به ترتیب هر پنج نشانگر ریزماهواره امیدبخش در کروموزوم 2BL و دو نشانگر در کروموزوم 6AS پیوستگی نزدیکی با ژن‌های روی هر یک از این کروموزوم‌ها داشته و نقشه ژنتیکی هر یک از این ژن‌ها در کروموزوم‌های مذکور ترسیم شد (شکل ۱).

در یک آزمایش تکمیلی بر مبنای ژنوتیپ نزدیک‌ترین نشانگرها به دو ژن مستقر روی دو کروموزوم 2BL و 6AS در جمعیت F_2 ، دو خانواده $F_{2:3}$ که هر یک فقط برای ژن اول و یا فقط برای ژن دوم تفرق نشان دادند، انتخاب شدند. این انتخاب به گونه‌ای انجام شد که خانواده اول برای ژن 2B تفرق نشان داده (دارای ژنوتیپ $R_B R_B$) و فاقد ژن 6A (دارای ژنوتیپ $r_A r_A$) در گیاه والدی F_2 بود و خانواده دوم برای ژن 6A تفرق نشان داده (دارای ژنوتیپ $R_A r_A$) و فاقد ژن 2B (دارای ژنوتیپ $r_B r_B$) در گیاه والدی F_2 بود. بررسی فنوتیپی جمعیت‌های جدید احتمال معنی‌داری تفرق ۳:۱ را در هر دو جمعیت تأیید نمود. وو و همکاران (Wu et al., 2007) برای ارزیابی مقاومت به ویروس موزائیک نیشکر در ذرت،

بعد از تولید دو خانواده $F_{2:3}$ از جمعیت اولیه F_2 که با توجه به داده‌های مولکولی به ترتیب فقط برای ژن اول و یا فقط برای ژن دوم تفرق نشان دادند و ارزیابی‌های فنوتیپی و آزمون تطابق کای دو (χ^2)، احتمال معنی‌داری تفرق ۳:۱ در هر دو خانواده $F_{2:3}$ را تأیید نمودند.

اگرچه روش‌های متعددی برای مکان‌یابی ژن‌ها/ QTL‌های کنترل‌کننده صفات کمی ارائه شده است،

دی‌هیبریدی استفاده شد و تطابق گروه‌های ژنوتیپی مشاهده شده در مدل مفروض با گروه‌های ژنوتیپی مورد انتظار با آزمون کای دو ارزیابی شد (جدول ۳). نتایج این آزمون نشان داد که مدل مفروض با مدل تلاقی دی‌هیبریدی مطابقت داشت ($\chi^2_{1:1:2:2:4:2:2:1:1} = 10.58, p = 0.24$). وو و همکاران (Wu et al., 2007) برای تأیید مکان مفروض دو ژن دارای اثر متقابل تکمیل‌کننده که مقاومت به ویروس موزائیک نیشکر در ذرت را کنترل می‌کنند، از آزمون تطابق کای دو در دو خانواده $F_{2:3}$ ذرت که به ترتیب فقط برای ژن اول و یا فقط برای ژن دوم تفرق نشان دادند، استفاده کردند.

بر اساس داده‌های هاپلوتایپی نتایج، بهترین حالت تطابق فنوتیپی و ژنوتیپی جمعیت در این مدل وقتی بدست آمد که فرض بر قرار داشتن ژن مقاومت در کروموزوم 6A ($R_A R_A$) در ناحیه انتهایی بازوی کوتاه کروموزوم و در موقعیتی دورتر از سنترومر نسبت به دو نشانگر gpw3041 و gwm334 و همچنین قرار داشتن ژن مقاومت در کروموزوم 2B ($R_B R_B$) در ناحیه میانی بازوی بلند کروموزوم و مابین دو نشانگر cfd73 و gpw7506 بود. همانطور که انتظار می‌رفت، تطابق ژنوتیپ فرضی گیاهان F_2 با ژنوتیپ نزدیک‌ترین نشانگر به ژن مکان‌یابی شده به صورت صد در صد نبوده و در چند مورد معدود (۲ درصد از ژنوتیپ‌ها) در این مدل فرضی، ژنوتیپ فرضی گیاهان F_2 مورد بررسی با ژنوتیپ نزدیک‌ترین نشانگر به ژن مقاومت، مطابقت نداشت. در مورد ژن مقاومت مکان‌یابی شده در کروموزوم 2B، ژنوتیپ این نتایج F_2 با ژنوتیپ نشانگر موجود در طرف دیگر ژن (gpw7506) مطابقت داشته و فرض شد که احتمالاً کراسینگ اور در ناحیه بین ژن مقاومت و نشانگر cfd73 انجام گرفته باشد. در مورد عدم تطابق ژنوتیپی ژن مقاومت مکان‌یابی شده در ناحیه تلومری بازوی کوتاه کروموزوم 6A با نزدیک‌ترین نشانگر ریزماهواره (gpw3041)، فرض شد

" مکان‌یابی دو ژن مستقل کنترل‌کننده..."

جدول ۱- فهرست نشانگرهای ریزماهوره دارای تطابق بالا بین آلل‌های والد حساس و بالک لاین‌های حساس، مکان‌های کروموزومی و وراثت هر نشانگر و احتمال تطابق نسبت‌های آللی ۱۵ لاین F₂ حساس در مقایسه با والد حساس به زنگ سیاه گندم

Table 1. List of SSR markers with high correspondence of alleles between susceptible parent and bulks of susceptible lines, their chromosome locations and modes of inheritance and comparison of alleles among 15 susceptible F₂ lines and susceptible parent to stem rust in wheat

نشانگرهای SSR انتخابی از آزمایش تجزیه تفرقی بالک‌ها Selected SSR markers based on bulked segregant analysis	کروموزوم Chromosome	وضعیت غالبیت نشانگر Modes of inheritance of marker	شباهت آللی لاین‌های حساس به والد حساس، والد مقاوم یا هیبرید نسل F ₁ Correspondence of alleles of susceptible homozygote lines to susceptible, resistant and F ₁ hybrids			احتمال تطابق P-value	سطح معنی‌داری Probability level	انتخاب نشانگرهای امیدبخش Selection of promising marker
			S ^{a, b}	Het ^{a, b}	R ^a			
gpw7395	1A	Dominant		14/15	1/15.	NA	-	Selected
gwm135	1A	Dominant		14/15	1/15.	NA	-	Selected
wmc445	2B, 5A	Dominant		12/15.	3/15.	NA	-	Selected
gpw7506	2B	Co-dominant	9/15.	4/15.	2/15.	0.007	ns	Selected
cfid73	2B	Co-dominant	15/15	0/15	0/15	1.00	**	Selected
barc101	2B	Co-dominant	14/15	1/15.	0/15	0.76	**	Selected
gwm388	2B	Co-dominant	14/15	1/15.	0/15	0.76	**	Selected
barc129	2B, 2D	Co-dominant	6/15.	7/15.	2/15.	0.0002	ns	Selected
barc122	2D, 2A, 5A	Dominant		12/15.	3/15.	NA	-	Selected
barc159	2B, 2D	Co-dominant	5/12.	5/12.	2/12.	0.0000	ns	Deleted
cfa2076	3A	Dominant		13/15.	2/15.	NA	-	Selected
cfid035	3D	Dominant		10/15.	5/15.	NA	-	Deleted
wmc219	4A	Dominant		11/15.	4/15.	NA	-	Deleted
wmc232	4A	Co-dominant	3/15.	6/15.	6/15.	0.0000	ns	Deleted
wmc313	4A	Co-dominant	2/12.	8/12.	2/12.	0.0000	ns	Deleted
gpw2083	4A	Co-dominant	6/15.	8/15.	1/15.	0.0000	ns	Deleted
gwm494	4A	Co-dominant	2/15.	10/15.	3/15.	0.0000	ns	Deleted
cfa2114	6A	Dominant		11/15.	4/15.	NA	-	Deleted
gpw3041	6A	Dominant		15/15.	0/15	NA	-	Selected
gwm334	6A	Co-dominant	15/15	0/15.	0/15	1.00	**	Selected

^a S, R و Het: به ترتیب آلل‌های ریزماهوره مشابه با آلل‌های والد هموزیگوت حساس، هیبرید نسل F₁ و والد هموزیگوت مقاوم

^a S, R, and Het: SSR marker's allele identical to those of susceptible, resistant and F₁ hybrids, respectively

^b نسبت‌های آلل‌های نشانگرهای ریزماهوره همباز که بر مبنای مشاهدات ژنوتیپی سه گروه حساس، هتروزیگوت و مقاوم گروه بندی شده‌اند. آلل‌های نشانگرهای بارز قابل گروه‌بندی به حساس و هتروزیگوت نبوده و در نتیجه نسبت‌های آللی ارائه شده در جدول بر اساس مشاهدات برای هر دو گروه حساس و هتروزیگوت می‌باشند.

^b Codominant SSR markers were scored based on observed alleles four susceptible, heterozygote and resistant genotypes. Dominant SSR markers could not be differentiated into susceptible and heterozygote classes and therefore alleles ratios in table are shown for both susceptible and heterozygote genotypes

جدول ۲- مقایسه نشانگرهای ریزماهواره امیدبخش از نظر احتمال تطابق نسبت‌های آللی بین والد مقاوم و لاین‌های F₂ مقاوم هموزیگوت یا هتروزیگوت به زنگ سیاه گندم

Table 2. Comparison of correspondence of alleles in promising SSR markers between resistant parent and homozygote and heterozygote resistant F₂ lines to stem rust in wheat

نشانگر SSR SSR marker	کروموزوم Chromosome	شباهت آللی لاین‌های مقاوم هموزیگوت به والد حساس، والد مقاوم یا هیبرید نسل F ₁			شباهت آللی لاین‌های مقاوم در حال تفرق ^a به والد حساس، والد مقاوم یا هیبرید نسل F ₁			احتمال تطابق P-value	سطح معنی داری level Probability	انتخاب نشانگرهای پیوسته با ژن Selection of linked markers to genes
		Correspondence of alleles of resistant ,homozygote lines to susceptible resistant and F ₁ hybrids			Correspondence of alleles of segregating resistant lines to susceptible, resistant and F ₁ hybrids					
		S ^{b, c}	Het ^{b, c}	R ^b	S ^{b, c}	Het ^{b, c}	R ^b			
gpw7395	1A		56/69	13/69		67/77	10/77.	-	-	Deleted
gwm135	1A		48/69	21/69		59/77	18/77	-	-	Deleted
wmc445	2B, 5A		46/69	23/69		58/77	19/77	-	-	Deleted
gpw7506	2B	12/68.	25/68	31/68	20/77	50/77	7/77.	0.15	**	Selected
cf73	2B	13/69.	25/69	31/69	15/77	59/77	3/77.	0.11	**	Selected
barc101	2B	12/69.	29/69	28/69	14/76	57/76	5/76.	0.04	*	Selected
gwm388	2B	12/65.	27/65	26/65	17/73	50/73	6/73.	0.06	**	Selected
barc129	2B, 2D	10/67.	35/67	22/67.	19/71.	41/71	11/71.	0.01	*	Selected
barc122	2D, 2A, 5A		49/69	20/69		56/77	21/77	-	-	Deleted
cfa2076	3A		52/69	17/69		56/77	21/77	-	-	Deleted
gpw3041	6A		21/69	48/69		77/77	0/77	-	-	Selected
gwm334	6A	7/69.	18/69	44/69	19/77	55/77	3/77.	0.21	**	Selected

^a تمایز لاین‌های F₂ مقاوم هموزیگوت با لاین‌های مقاوم هتروزیگوت بر اساس واکنش خانواده‌های F_{2:3} لاین‌های مزبور به نژاد MCCC فارچ *Puccinia graminis* انجام شد

^a Differentiation between homozygous and heterozygote resistant F₂ lines was based on reaction of F_{2:3} families of those lines to *Puccinia graminis* race MCCC

^b S, Het, R: به ترتیب آلل‌های ریزماهواره مشابه با آلل‌های والد هموزیگوت حساس، هیبرید نسل F₁ و والد هموزیگوت مقاوم

^b S, Het, and R: SSR marker's allele identical to those of susceptible, resistant and F₁ hybrids, respectively

^c نسبت‌های آلل‌های نشانگرهای ریزماهواره همباز بر مبنای مشاهدات ژنوتیپی سه گروه حساس، هتروزیگوت و مقاوم بندی شده‌اند. آلل‌های نشانگرهای بارز قابل گروه‌بندی به حساس و هتروزیگوت نبوده و در نتیجه نسبت‌های آللی ارائه شده در جدول بر اساس مشاهدات موجود برای هر دو گروه حساس و هتروزیگوت می باشند

^c Codominant SSR markers were scored based on observed alleles four susceptible, heterozygote and resistant genotypes. Dominant SSR markers could not be differentiated into susceptible and heterozygote classes and therefore alleles ratios in table are shown for both susceptible and heterozygote genotypes

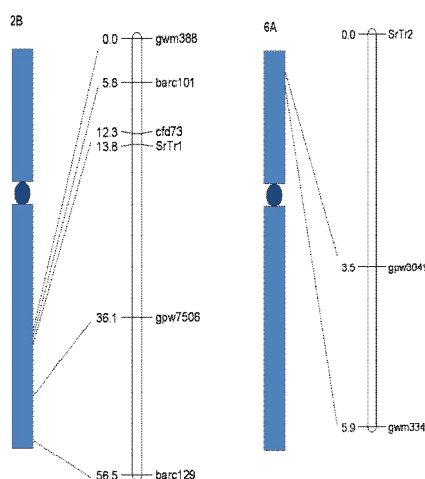
جدول ۳- تطابق گروه‌های ژنوتیپی مشاهده شده در مدل فرضی تلاقی دی هیبریدی با گروه‌های ژنوتیپی مورد انتظار با استفاده از آزمون کای دو (χ^2) برای زنگ سیاه گندم

Table 3. Chi-square test of goodness-of-fit between the observed and expected numbers of genotypes in the hypothetical dihybrid model to stem rust in wheat

تعداد گیاهان مورد انتظار Number of expected plants	تعداد گیاهان مشاهده شده Number of observed plants	نسبت‌های دی هیبریدی Dihybrid ratios	ژنوتیپ Genotype
10.06	15	1	rrr'r'
10.06	11	1	RRR'R'
20.13	25	2	RRR'r'
20.13	13	2	RrR'R'
10.06	7	1	rrR'R'
10.06	13	1	RRr'r'
20.13	17	2	rrR'r'
40.25	45	4	RrR'r
20.13	15	2	Rrr'r'
$\chi^2=89.25$		P value= 0.241	

یائو و همکاران (Yao *et al.*, 1997) و گیونو و همکاران (Guo *et al.*, 2006)، این محققین نیز با استفاده از غربال نمودن دو بالک گیاهان بسیار عقیم و گیاهان بسیار بارور با استفاده از نشانگرهای مولکولی ریزماهواره موفق شدند که محل تقریبی ژن‌های کنترل‌کننده نرعقیمی را در برنج شناسایی کنند. در کلیه تحقیقات

ولی در مورد مکان‌یابی کروموزومی دو ژن مستقل کنترل‌کننده یک صفت کیفی، تحقیقات محدودی انجام شده است. پنگ و همکاران (Peng *et al.*, 2008) گزارش کردند که دو ژن مغلوب کنترل نرعقیمی ژنتیکی در اثر حساسیت معکوس فتوپریودیکی در برنج را به عهده دارند. همانند بررسی‌های انجام شده توسط



شکل ۱- نقشه پیوستگی ژنتیکی ژن‌های مقاومت به زنگ سیاه Sr_{Tr1} (سمت چپ) و Sr_{Tr2} (سمت راست) به ترتیب روی کروموزوم‌های 2BL و 6AS لاین گندم Tr129

Fig.1. Genetic linkage map of stem rusts resistance genes Sr_{Tr1} (left) and Sr_{Tr2} (right) on mapped on chromosomes 2BL and 6AS of wheat line Tr129, respectively.

استفاده از تجزیه هاپلوتایپی برای ردیابی دو QTL مرتبط با میزان آنزیم آلفا-آمیلاز ناشی از دیررسی در کروموزوم‌های 3B و 7B گندم نیز گزارش شده است (McNeil *et al.*, 2009).

با استفاده از تجزیه هاپلوتایپی و مدل‌سازی، در این تحقیق طبقه‌بندی ژنوتیپ‌های مشاهده شده در کلاس‌های مورد انتظار در یک جمعیت دی‌هیبریدی انجام شد، ولی روش استفاده شده حتی قادر به تفکیک گروه‌های ژنوتیپی در جمعیت‌های تری‌هیبریدی و بالاتر نیز خواهد بود. بدیهی است شرط اساسی در تهیه مدل دقیق ژنتیکی جمعیت، فاصله ژنتیکی بسیار اندک نشانگرهای پیوسته با ژن‌های کنترل‌کننده صفت در جمعیت پایه می‌باشد، بطوری که در تهیه مدل ژنتیکی بتوان از جایگزینی ژنوتیپ نزدیک‌ترین نشانگر پیوسته به هر ژن با ژنوتیپ خود ژن بهره برد. در صورت فاصله زیاد ژن‌ها با نشانگرهای پیوسته، احتمال کراسینگ‌اور در بین ژن‌ها و نشانگرهای پیوسته مجاور افزایش یافته و طبقه‌بندی کلاس‌های ژنوتیپی به کلاس‌های مورد انتظار مندلی در جمعیت پیچیده‌تر خواهد شد، بنابراین احتمال برآورد غلط مکان ژن و انتخاب نادرست جمعیت جدید دارای تفرق تک ژنی دور از انتظار نیست. غربال جمعیت پایه با نشانگرهایی که حداکثر پنج سانتی مورگان از یکدیگر فاصله داشته باشند و در طول کلیه کروموزوم‌های گیاه گسترده شده باشند، تضمینی برای شناسایی دقیق محل ژن‌ها در جمعیت پایه خواهد بود. استفاده از تجزیه هاپلوتایپی و مدل‌سازی ژنتیکی برای برآورد دقیق محل ژن‌های کنترل‌کننده صفات کیفی همچنین قابل تعمیم به سایر جمعیت‌های ژنتیکی از قبیل لاین‌های خالص نوترکیب و لاین‌های دابل‌هاپلوئید است.

کروموزومی، بطور ناخواسته باعث اریب معنی دار در محاسبه محل ژن‌ها شده و تنها برآورد تقریبی ذکر شده عدم توجه کافی به تفکیک کلاس‌های ژنوتیپی متفاوت ولی با فنوتیپ یکسان در تهیه نقشه‌های محل هر یک از دو ژن مستقل در روی کروموزوم‌ها امکان پذیر شده است. رفیعی بروجنی و همکاران (Rafiei Boroujeni *et al.*, 2011) در یک آزمایش روی یک جمعیت F₂ حاصل از رقم گندم مرودشت دو ژن مستقل مقاومت به نژاد 84-1 قارچ *Puccinia triticina* عامل زنگ قهوه‌ای گندم را شناسایی کردند. تحقیقات تکمیلی نشان داد که ژن‌های عامل مقاومت به زنگ قهوه‌ای در رقم مرودشت *Lr1* و *Lr17a* می‌باشند. با توجه به شناسایی نشانگر مولکولی اختصاصی برای ژن *Lr1* (RGA-567-5) این محققان با استفاده از این نشانگر اقدام به حذف کلیه نتاجی که حامل ژن مزبور بودند نموده و سپس نقشه ژنتیکی ژن *Lr17a* را در جمعیت باقیمانده که دارای تفرق تک ژنی برای ژن *Lr17a* بود رسم کردند.

در این تحقیق با استفاده از تجزیه هاپلوتایپی جمعیت پایه، در مرحله اول مکان‌یابی دو ژن کنترل‌کننده مقاومت به زنگ سیاه انجام شد و سپس با استفاده از هاپلوتایپ افراد F₂ و مدل‌سازی ژنتیکی محل قرار گرفتن این ژن‌ها روی کروموزوم‌های 6A و 2B گندم لاین Tr129 ترسیم شد. تحقیق بیشتر برای ترسیم نقشه پیوستگی اشباع شده هر ژن، ارزیابی جدید بودن این ژن‌ها با استفاده از آزمون قیاس ژنی (Gene postulation)، بررسی توارث احتمالی ژن‌ها از خویشاوند وحشی آریلوپس تریانسالیس (*Aegilops triuncialis*) و بررسی‌های دیگر روی جمعیت در حال انجام می‌باشد که در صورت تکمیل شدن در قالب گزارش دیگری منتشر خواهد شد.

References

Agarwal, M., N. Shrivastava and H. Padh. 2008. Advances in molecular marker techniques and their

منابع مورد استفاده

applications in plant sciences. *Plant Cell Rep.* 27: 617–631.

Aung, T. and E. R. Kerber. 1994. Incorporation of leaf rust resistance from wild tetraploid into cultivated hexaploid wheat. *Ann. Wheat Newslet.* 40: 83–84.

Doveri, S., D. Lee, M. Maheswaran and W. Powell. 2008. Molecular Markers: History, Features and Applications. *In:* C. Kole and A. G. Abbott (Eds.), *Principles and Practices of Plant Genomics*, 17–34. CRC Press. Boca Raton. Florida. USA.

Ghazvini, H., C. W. Hiebert, J. Thomas and T. Fetch. 2012a. Development of a multiple bulked segregant analysis (MBSA) method used to locate a new stem rust resistance gene (*Sr54*) in the winter wheat cultivar Norin 40. *Theor. Appl. Genet.* 126: 443–449.

Ghazvini, H., C. W. Hiebert, T. Zegeye and T. Fetch. 2012b. Inheritance of stem rust resistance derived from *Aegilops triuncialis* in wheat line Tr129. *Can. J. Plant Sci.* 92(6): 1037–1041.

Griffiths, A. J. F., J. H. Miller, D. T. Suzuki, R. C. Lewontin and W. M. Gelbart. 2000. *An Introduction to Genetic Analysis* (7th Ed.). W. H. Freeman & Company. New York, USA.

Guo, R. X., D. F. Sun, Z. B. Tan, D. F. Rong and C. D. Li. 2006. Two recessive genes controlling thermoperiod-sensitive male sterility in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 112: 1271–1276.

Hiebert, C., J. Thomas and B. McCallum. 2005. Locating the broad-spectrum wheat leaf rust resistance gene *Lr52 (LrW)* to chromosome 5B by a new cytogenetic method. *Theor. Appl. Genet.* 110: 1453–1457.

Kosambi, D. D. 1944. The estimation of map distances from recombination values. *Annals of Eugenics* 12: 172–175.

Kumar, P., V. K. Gupta, A. K. Misra, D. R. Modi and B. K. Pandey. 2009. Potential of molecular markers in plant biotechnology. *Plant Omics.* 2(4): 141–162.

McNeil, M. D., D. Diepeveen, R. Wilson, I. Barclay, R. McLean, B. Chalhouh and R. Appels. 2009. Haplotype analyses in wheat for complex traits: tracking the chromosome 3B and 7B regions associated with late maturity alpha amylase (LMA) in breeding programs. *Crop Pasture Sci.* 60: 463–471.

Miller, J. M. 2013. Whole-genome mapping: a new paradigm in strain-typing technology. *J. Clin. Microbiol.* 51(4): 1066–1070.

Michelmore, R. W., I. Paran and R. V. Kesseli. 1991. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 88: 9828–9832.

Pallotta, M. A., P. Warner, R. L. Fox, H. Kuchel, S. J. Jefferies and P. Langridge. 2003. Marker assisted wheat breeding in the southern region of Australia. *In:* Pogna, N. E., M. Romano, E. A. Pogna and G. Galerio (Eds.). *Proceedings of 10th International Wheat Genetics Symposium*, September 1–6, 2003. Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Rome, Italy.

Peng, H. F., Z. F. Zhang, B. Wu, X. H. Chen, G. Q. Zhang, Z. M. Zhang, B. H. Wan and Y. P. Lu. 2008.

Molecular mapping of two reverse photoperiod-sensitive genic male sterility genes (*rpms1* and *rpms2*) in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 118: 77–83.

Rafiei Boroujeni, F., A. Arzani, F. Afshari and M. Torabi. 2011. Identification and inheritance of leaf rust resistance genes in the wheat cultivar 'Marvdasht'. *Cereal Res. Commun.* 39: 67–76.

Röder, M. S., V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M. Tixier, P. Leroy and M. W. Ganal. 1998. A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 149: 2007–2023.

Schuelke, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments, a poor man's approach to genotyping for research and high-throughput diagnostics. *Nat. Biotechnol.* 18: 233–234.

Sears, E. R. 1944. Cytogenetic studies with polyploid species of wheat. II. Additional chromosomal aberrations in *Triticum vulgare*. *Genetics*, 29: 237–247.

Sears, E. R. 1966. Chromosome mapping with the aid of telocentrics, p.370-381. *In: J. MacKey (Ed.). Proc. 2nd International Wheat Genetic Symposium. Hereditas Supplementary. Vol. 2, August 18-24, 1963. Lund, Sweden.*

Singh, M. P. 1967. Monosomic analysis in wheat. *Heredity*, 22: 591–596.

Somers, D. J., P. Isaac and K. Edwards. 2004. A high density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 109: 1105–1114.

Sourdille, P., S. Singh, T. Cadalen, G. L. Brown-Guedira, G. Gay, L. Qi, B. S. Gill, P. Dufour, A. Murigneux and M. Bernard. 2004. Microsatellite-based deletion bin system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Func. Integr. Genomics*, 4: 12–25.

Sturtevant, A. H. 1913. The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. *J. Exp. Zoolog.* 14: 43–59.

Wu, J. Y., J. Q. Ding, Y. X. Du, Y. B. Xu and X. C. Zhang. 2007. Genetic analysis and molecular mapping of two dominant complementary genes determining resistance to sugarcane mosaic virus in maize. *Euphytica*, 156: 355-364.

Yao, F. Y., C. G. Xu, S. B. Yu, J. X. Li, Y. J. Gao, X. H. Li and Q. Zhang. 1997. Mapping and genetic analysis of two fertility restorer loci in the wild-abortive cytoplasmic male sterility system of rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 98: 183–187.

Yue, B., B. A. Vick, W. Yuan and J. Hu. 2008. Mapping one of the 2 genes controlling lemon ray flower color in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *J. Heredity*, 99: 564–567.

Mapping chromosome locations of two genes independently controlling stem rust resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.) using haplotype analysis and genetic modeling

Ghazvini, H.¹

ABSTRACT

Ghazvini, H. 2018. Mapping chromosome locations of two genes independently controlling stem rust resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.) using haplotype analysis and genetic modeling. **Iranian Journal of Crop Sciences. 19(4): 334-348. (In Persian).**

In spite of various methods which have been developed to identify and map quantitative trait loci (QTL) on genomes, mapping chromosome locations of two independent genes simultaneously controlling a qualitative trait in a genetic population have not been reported. In this study, F₂ population derived from a cross between RL6071 (susceptible) and Tr129 (resistant) was inoculated with spores of *Puccinia graminis* Pers. causal agents of stem rust in wheat and population was classified into resistance and susceptible groups. Phenotypic assessment of F₂ and F_{2,3} populations showed that there was a 15:1 segregation ratio for stem rust resistance indicating presence of two dominant resistance genes independently controlling this trait. Four hundred twenty two SSR markers which had a good coverage for all 21 chromosomes of wheat were used to evaluate the correspondences of alleles between bulked DNA from susceptible lines with those of both parents. Markers, showing good correspondence of alleles between bulked susceptible lines with susceptible parent, were used to compare alleles of susceptible parent RL6071 with those of 161 F₂ progenies. Using segregation of alleles for SSR markers in F₂ population and genetic modeling, the presence of two dominant resistance genes independently controlling rust resistance in Tr129 was confirmed. Based on genetic analysis of data and haplotype analysis of linked markers to each gene, the stem rust resistance genes in line Tr129 were mapped on chromosomes 6A and 2B of line Tr129.

Key words: Haplotype analysis, Genetic modeling, Stem rust of wheat, SSR markers and Genetic maps

Received: August, 2017 Accepted: January, 2018

1. Associate Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran (Corresponding author) (Email: Habib_ghaz@yahoo.com)