



# شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با مقاومت به نژادهای مختلف فوزاریوم در نخود با استفاده از آنالیز Meta-QTL



پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی

جهاد سورنی، زهراسادات شبر\*

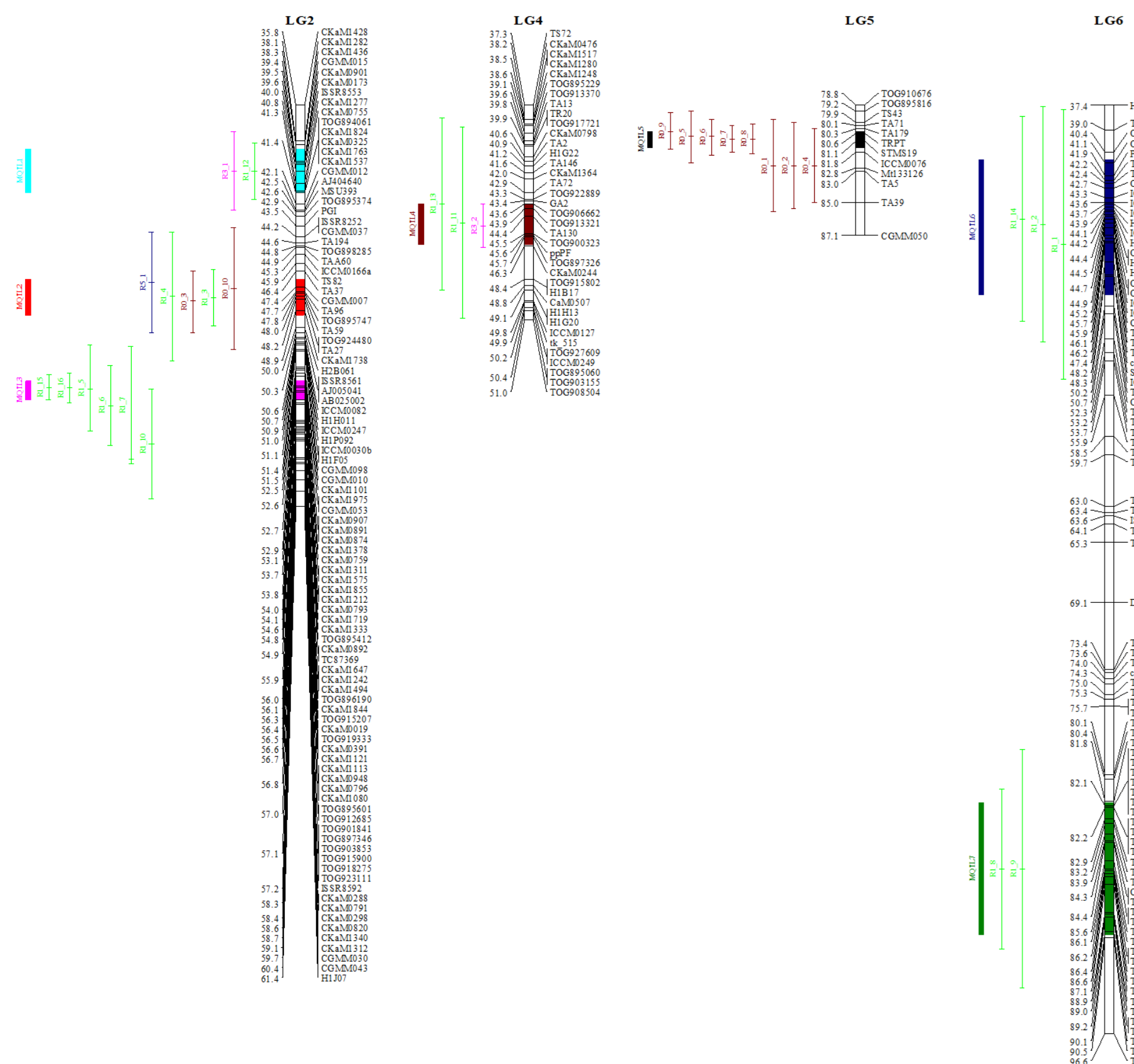
The 4th Iranian Conference on Systems Biology

بخش زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج.

\* shobbar@abrii.ac.ir

## نتایج

- تعداد QTL های اولیه نقشه‌یابی شده روی کروموزوم‌های نخود نشان داد که اکثر QTL ها (۱۳ QTL) روی کروموزوم ۲ قرار گرفتند. علاوه بر این، نژاد ۱ بیشترین QTL ها (۱۶ QTL) را دارا بود (جدول ۱).
- نقشه‌یابی ۲۹ QTL روی نقشه ژنتیکی مرجع و فراتحلیل آن‌ها، تعداد هفت متا QTL را روی چهار کروموزوم ۲، ۴، ۵ و ۶ نخود نشان داد (شکل ۱).
- MQTL های ۱ الی ۷ به ترتیب شامل دو، پنج، شش، سه، هشت، سه و دو QTL اولیه بودند. QTL های اولیه MQTL1 مربوط به نژاد ۱ و ۳ فوزاریوم بودند. QTL های اصلی در MQTL2 مربوط به نژادهای مقاومت ۰، ۱ و ۵ فوزاریوم بود. MQTL3، MQTL6، MQTL7 و MQTL8 فقط شامل QTL هایی بودند که کنترل نژاد ۱ بیماری را بر عهده داشتند. MQTL4 در گروه لینکاژی ۴ (LG4) نخود قرار داشت و شامل QTL هایی بود که مقاومت در برابر نژادهای ۱ و ۳ را کنترل می‌کنند.
- از طرفی، MQTL که در گروه لینکاژی ۵ (LG5) قرار داشت، شامل QTL هایی است که نژاد صفر را کنترل می‌کنند.
- کروموزوم شماره ۲ نخود (LG2) دارای سه MQTL (۱، ۲ و ۳) بود که به ترتیب در محل‌های ۰.۱/۴۰، ۰.۶/۴۸ و ۹.۹/۵۳ سانتی‌مورگان با طول ۸۷/۲، ۳۴/۲ و ۱۵/۱ سانتی مورگان قرار داشتند.
- در هر یک از LG4 و LG5 یک MQTL وجود داشت که طول آن روی نقشه ژنتیکی برابر با ۶۰/۲ و ۹۱/۰ سانتی مورگان بود. همچنین، دو MQTL بر روی LG6 در ژنوم نخود به نام MQTL6 و MQTL7 با طول ۲۶/۹ و ۴۶/۸ سانتی مورگان پیدا شد که مربوط به مقاومت نژاد ۱ فوزاریوم بودند. اندازه بزرگ این MQTL ها به دلیل نوع جمعیت یا میزان R<sup>2</sup> در QTL های اولیه بود.



شکل ۱. مختصات QTL ها و Meta-QTL های مرتبط با مقاومت به فوزاریوم در گیاه نخود

## بحث، نتیجه گیری و پیشنهادات

نواحی ژنومی کاندید در این مطالعه می‌تواند توسط نقشه‌یابی دقیق به منظور شناسایی ژن‌های کاندید خاص هر نژاد مورد استفاده قرار گیرد و همچنین منتج به معرفی نشانگرهای مولکولی مرتبط با ژن‌های مذکور جهت انتخاب مبتنی بر نشانگر و هرمی کردن ژن‌ها گردد.

## منابع

- Arcade, A., Aymeric L., Matthieu F., Brigitte M., Fabien C., Alain C., and J. Joets. "BioMercator: integrating genetic maps and QTL towards discovery of candidate genes." *Bioinformatics* 20, no. 14 (2004): 2324-2326.
- Arvayo-Ortiz, R.M., Esqueda, M., Acedo-Felix, E., Gonzalez-Rios, H. and Vargas-Rosales, G. "New lines of chickpea against *Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceris* wilt". *American Journal of Applied Sciences*, 9 no. 5 (2012): 686-693.
- Hiremath, P.J., Kumar, A., Penmetsa, R.V., Farmer, A., Schlueter, J.A., Chamathi, S.K., Whaley, A.M., Carrasquilla-Garcia, N., Gaur, P.M., Upadhyaya, H.D. and Kavi Kishor, P.B. "Large-scale development of cost-effective SNP marker assays for diversity assessment and genetic mapping in chickpea and comparative mapping in legumes." *Plant biotechnology journal* 10, no. 6 (2012): 716-732.
- Pouralibaba, H.R., Mahmoudi, F., Keshavarz, K., Nourallahi, K. "Identification of pathogenic diversity of *Ascochyta rabiei*, causal agent of chickpea blight's in different parts of Iran using trap nursery". *Iranian Journal of Plant Pathology*, 44 no. 2 (2008): 157-170. (In Persian).

## چکیده

- بیماری پژمردگی فوزاریوم (*Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceri*) یکی از محدودیت‌های اصلی تولید نخود است که سالانه خسارت زیادی را به محصول نخود وارد می‌نماید.
- در این پژوهش، QTL های گزارش شده در مورد مقاومت به فوزاریوم گردآوری و برای شناسایی نواحی متا QTL مربوطه استفاده شد.
- بر اساس نتایج این پژوهش، تعداد هفت ناحیه متا برای نژادهای مختلف بیماری فوزاریوم روی کروموزوم های ۲، ۴، ۵ و ۶ شناسایی شد.
- نواحی متا QTL مربوطه می‌تواند در شناسایی ژن‌های دخیل در مقاومت و معرفی نشانگرهای مولکولی مرتبط جهت انتخاب مبتنی بر نشانگر مفید واقع گردد.

کلیدواژه‌ها: نخود، مقاومت به بیماری، آنالیز متا

## مقدمه

- نخود زراعی (*Cicer arietinum* L.) گیاهی خودگشن و دیپلوئید ( $2n=2x=16$ ) از خانواده Fabaceae می‌باشد که دارای ژنوم نسبتاً کوچکی با اندازه ۷۴۰ مگاباز است.
- تاکنون تعداد هشت نژاد بیماری‌زا برای فوزاریوم در نخود شناسایی شده که نژادهای ۱ و ۳ در ایران بیشترین خسارت را نسبت به سایر نژادها وارد می‌کنند (Pouralibaba et al., 2008).
- از آنجایی که این بیماری خاک‌زاد است، لذا کنترل از طریق روش‌های زراعی کارایی چندانی ندارد و بنابراین مقاومت ژنتیکی به نژادهای خاص بیماری یکی از کارآمدترین راهکارهای مقابله با این بیماری است (Arvayo-Ortiz et al., 2012).
- در این پژوهش به کمک فراتحلیل مطالعات قبلی، مقاومت ژنتیکی به نژادهای مختلف این بیماری روی کروموزوم‌های ۲، ۴، ۵ و ۶ شناسایی شد.

## مواد و روش‌ها

- اطلاعات QTL از تعداد ۹ مقاله منتشر شده از سال ۲۰۰۵ تا ۲۰۱۸ انجام شده روی نقشه‌یابی QTL برای مقاومت در برابر فوزاریوم جمع‌آوری شد.
- از ۲۹ QTL اولیه برای شناسایی نواحی متا QTL استفاده گردید.
- ترسیم QTL ها روی نقشه مرجع (Hiremath et al., 2012) و فراتحلیل QTL ها با استفاده از نرم‌افزار BioMercator نسخه ۲/۴ انجام شد (Arcade et al. 2004).
- گروه‌های لینکاژی و QTL توسط نرم‌افزار MapChart نسخه ۲.۳۲ ترسیم شد.

جدول ۱- نتایج فراتحلیل QTL های کنترل کننده مقاومت به فوزاریوم در نخود

LG	MQTL	AIC Value	Map position (cM)	Confidence Interval (cM)	Genetic distance (cM)	Number of initial QTLs	Mean R <sup>2</sup> %
2	MQTL1		40.01	38.57-41.44	2.87	2	21.04
2	MQTL2	51.47	48.06	46.89-49.23	2.34	5	24.50
	MQTL3		53.99	53.41-54.56	1.15	6	36.02
4	MQTL4	11.36	44.91	43.61-46.21	2.60	3	16.31
5	MQTL5	18.60	80.99	80.54-81.45	0.91	8	58.90
6	MQTL6		45.17	40.90-49.45	9.26	3	11.94
6	MQTL7	29.81	86.11	81.88-90.34	8.46	2	10.69