



نقشه‌یابی ارتباطی صفات زراعی در توتون‌های شرقی (*Nicotiana tabacum* L.)

فرامرز هوشیار دل^۱، رضا درویش زاده^۲، اشکان بصیرنیا^۳ و حمید حاتمی ملکی^۴

۱ و ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد و کارشناس ارشد، دانشگاه ارومیه
۲- استاد، دانشگاه ارومیه (نویسنده مسوول: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)
۴- استادیار، دانشگاه مراغه
تاریخ دریافت: ۹۳/۴/۲۳ تاریخ پذیرش: ۹۳/۸/۴

چکیده

توتون (*Nicotiana tabacum* L.) یکی از محصولات با ارزش کشاورزی و صنعتی است. مطالعه اکثر صفات مهم در توتون، به دلیل ماهیت کمی، کنترل چندژنی و تاثیرپذیری از عوامل محیطی دشوار است. در میان روش‌های مختلف مطالعه صفات کمی، نقشه‌یابی ارتباطی به واسطه استفاده از اطلاعات فنوتیپی و نشانگرهای مولکولی DNA، از جمله کاراترین روش‌ها برای این منظور است. در این تحقیق، ارزیابی فنوتیپی ۱۰۰ ژنوتیپ توتون شرقی در قالب طرح لاتیس ساده ۱۰ × ۱۰ با دو تکرار در مزرعه تحقیقاتی مرکز تحقیقات توتون ارومیه انجام گرفت. صفات مختلف زراعی شامل ارتفاع بوته (PH)، قطر ساقه (SD)، تعداد روز تا خشک در کرت (D50F)، تعداد برگ (LN)، طول برگ (LL)، عرض برگ (LW)، عملکرد برگ (FLYP) و عملکرد برگ خشک در کرت (DLYP) اندازه‌گیری شدند. انگشت‌نگاری ۹۰ ژنوتیپ از ۱۰۰ ژنوتیپ با استفاده از ۲۶ جفت آغازگر ریزماهوره انجام گرفت. بررسی ساختار جمعیت ژرم‌پلاسم‌های مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزار Structure آن‌ها را به سه زیر مجموعه تقسیم کرد. فقدان تعادل پیوستگی ژنی و تجزیه ارتباط بین نشان‌گر و صفات مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 2.1 انجام شد. نتایج مربوط به شاخص‌های فقدان تعادل پیوستگی ژنی نشان داد که ارزش r^2 بین 0.00001 الی 0.267 با میانگین R^2 برابر با 0.27 و همچنین مقدار D' بین 0.065 الی 1 با میانگین 0.242 بوده است. با استفاده از مکان‌یابی ارتباطی براساس مدل GLM و MLM به ترتیب ۱۶ و ۱۰ نشان‌گر شناسایی گردید که ارتباط معنی‌دار با عوامل کنترل‌کننده صفات زراعی داشتند. در این مطالعه نشان‌گر PT30159 با صفات تعداد برگ، ارتفاع بوته و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و نشانگر PT30046 با صفات طول برگ و قطر ساقه و نشانگر PT30292 با صفات قطر ساقه و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی پیوستگی داشته و هم‌مکان بودند. وجود نشانگرهای هم‌مکان در به‌نژادی گیاهی موثر می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه ارتباط، توتون، فقدان تعادل لینکاژی، صفات زراعی، نشانگر ریزماهوره

مقدمه

جنس *Nicotiana* از خانواده Solanaceae شامل ۶۴ گونه است که بعضی از این گونه‌ها به صورت گیاه دارویی و زینتی کشت می‌شوند (۳۲). توتون (*Nicotiana tabacum* L.) یکی از محصولات با ارزش کشاورزی و صنعتی است که در شرایط مختلف آب و هوایی در بیش از صد کشور دنیا کشت می‌شود (۲). در ایران توتون جز مهم‌ترین گیاهان صنعتی بوده و سطح زیر کشت آن بیش از شش هزار هکتار و تولید سالانه آن نزدیک به ده هزار تن می‌باشد (مکاتبات شخصی با مرکز تحقیقات توتون ارومیه). توتون‌های شرقی یک گروه از واریته‌های آفتاب خشک می‌باشند که از نظر صفاتی از قبیل داشتن برگ‌های کوچک، بافت ظریف، دود ملایم و عطر نافذ از دیگر گروه‌ها جدا بوده و از اجزای اصلی سازنده خرمن سیگارها می‌باشند (۱۰). اغلب صفات مهم زراعی به صورت کمی هستند. به دلیل پلی‌ژنیک بودن و تاثیرپذیری زیاد این گونه صفات از عوامل محیطی، تجزیه صفات کمی همواره با چالش روبه رو بوده است (۲۲). با توسعه نشان‌گرهای مولکولی DNA تحول بزرگی در روش‌های کلاسیک اصلاح نباتات به وجود آمده است. در اصلاح نباتات مدرن می‌توان با استفاده از روش‌های

ژنتیکی و آماری مناسب، نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات کمی را شناسایی نموده و در پروژه‌های به‌نژادی، گزینش افراد در جمعیت‌های در حال تفرق را با کمک نشانگرها انجام داد. از بین انواع مختلف نشانگرهای DNA، نشانگرهای ریزماهوره یا SSR (توالی تکراری ساده) به دلیل میزان بالای چندشکلی، توزیع تصادفی در ژنوم و توارث همباز، از برترین و قابل اعتمادترین نشانگرها برای مطالعات ژنتیکی می‌باشند (۱۸).

از روش‌های شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات کمی می‌توان به نقشه‌یابی QTL (QTL mapping) اشاره کرد که نیازمند توسعه جمعیت نقشه از قبیل F_2 ، بک‌کراس و یا لاین‌های اینبرد نوترکیب (RILs) می‌باشد. روش دیگر برای مطالعه صفات کمی روش نقشه‌یابی ارتباطی (Association mapping) است که در سال‌های اخیر به طور گسترده در جمعیت‌های گیاهی استفاده می‌شود (۳). از این روش برای اولین بار در مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده بیماری‌ها در انسان استفاده شده است. در این روش مجموعه بزرگی از افراد یک جمعیت به طور تصادفی جمع‌آوری شده و براساس نبود تعادل پیوستگی نقشه‌یابی انجام می‌گیرد (۳). از جمله مزایای این روش استفاده از تنوع موجود در جمعیت

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و داده‌های فنوتیپی

در این مطالعه، ۱۰۰ ژنوتیپ توتون شرقی (جدول ۱) در قالب طرح لاتیس ساده ۱۰ × ۱۰ با دو تکرار در مزرعه تحقیقاتی مرکز تحقیقات توتون ارومیه مورد ارزیابی قرار گرفتند. هر کرت زراعی شامل پنج خط به طول پنج متر بود. فاصله خطوط ۶۵ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها در روی ردیف ۲۰ سانتی‌متر (تراکم حدوداً هشت هزار بوته در هکتار) در نظر گرفته شد. کلیه عملیات زراعی مطابق با توصیه‌های مرکز تحقیقات توتون ارومیه در رابطه با کشت و عمل‌آوری توتون‌های شرقی انجام گرفت. صفات مختلف زراعی شامل ارتفاع بوته (PH)، قطر ساقه (SD)، تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (C50F)، تعداد برگ (NL)، طول برگ (LL) و عرض برگ (LW) از طریق انتخاب پنج بوته تصادفی از گیاهان رقابت‌کننده در هر کرت و بعد از مرحله گلدهی اندازه‌گیری شدند. عملکرد برگ تر (FLYP) و برگ خشک (DLYP) در هر واحد آزمایشی با حذف اثر حاشیه اندازه‌گیری شدند.

طبیعی می‌باشد و در مقایسه با جمعیت‌های حاصل از تلاقی دو والدی تنوع ژنتیکی گسترده‌تری مورد بررسی قرار می‌گیرد (۲۶،۳). نقشه‌یابی ارتباطی در مقایسه با نقشه‌یابی پیوستگی به مراتب دقیق‌تر است زیرا از تمام رویدادهای میوزی انباشته شده در طول تاریخچه تکاملی گیاه استفاده می‌نماید (۲۶). تعیین نشانگرهای مرتبط با صفات مهم با استفاده از تجزیه ارتباط در چندین گونه گیاهی از جمله پنبه (۱)، سورگم (۲۷،۲۱)، آفتابگردان (۱۵)، ذرت (۲۸)، جو (۲۶،۱۹،۳)، گندم هگزاپلوئید (۷)، نخود (۲۵) و توتون (۹،۴) انجام گرفته است. در توتون، بصیرنیا و همکاران (۴) با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی یک نشانگر SSR پیوسته با صفت تجمع کلر در برگ را شناسایی نمودند که در گروه پیوستگی ۱۳ نقشه مرجع قرار داشت. همچنین دادرس و همکاران (۹) نه نشانگر AFLP مرتبط با هفت صفت مهم زراعی در توتون‌های هواخشک را شناسایی نمودند. در مطالعه حاضر ابتدا ساختار جمعیت توتون‌های شرقی با استفاده از نشانگرهای SSR بررسی و سپس از طریق نقشه‌یابی ارتباطی، نشانگرهای مرتبط با نواحی ژنومی کنترل‌کننده صفات زراعی شناسایی گردید.

جدول ۱- ژنوتیپ‌های توتون شرقی مورد مطالعه

| Genotype name | Code | Genotype name | Code | Genotype name | Code |
|---------------|------|------------------------|------|----------------------|------|
| SPT 403 | G63 | Pobeda 1 | G31 | Kharmanli 163 | G01 |
| SPT 405 | G64 | Pobeda 2 | G32 | Nevrokop | G02 |
| SPT 406 | G65 | Rustica | G33 | Trabozan | G03 |
| SPT 408 | G66 | Samsun 959 | G35 | Krumovgraid | G04 |
| SPT 409 | G67 | Samsun dere | G36 | Basma S. 31 | G05 |
| SPT 410 | G68 | OR-205 | G38 | Triumph | G06 |
| SPT 412 | G69 | OR-345 | G39 | Xanthi | G07 |
| Esfahani5 | G70 | OR-379 | G40 | Matianus | G08 |
| SPT 420 | G71 | C.H.T.209.12e | G41 | Immni 3000 | G09 |
| SPT 430 | G72 | C.H.T.209.12e*F.K.40-1 | G42 | Melkin 261 | G10 |
| SPT 432 | G73 | C.H.T.266-6 | G43 | Tyk-Kula | G11 |
| SPT 433 | G74 | C.H.T.283-8 | G44 | Ss-289-2 | G12 |
| SPT 434 | G75 | C.H.T.273-38 | G45 | Ohdaruma | G13 |
| SPT 436 | G76 | Basma 12-2 | G46 | Ploudive 58 | G14 |
| SPT 439 | G77 | Basma 16-10 | G47 | Line 20 | G15 |
| SPT 441 | G78 | Basma 104-1 | G48 | T-B-22 | G16 |
| Esfahani2 | G79 | Basma 181-8 | G49 | Ts 8 | G17 |
| SPT 413 | G80 | Zichna | G50 | Alborz23 | G18 |
| Esfahani | G81 | Izmir | G51 | F.K.40-1 | G19 |
| Jahrom14 | G82 | P.D.324 | G52 | Pz17 | G20 |
| Borazjan | G83 | P.D.325 | G53 | K.P.Ha | G21 |
| L 16 | G84 | P.D.406 | G54 | K.B | G22 |
| Balouch | G85 | P.D.328 | G55 | G.D.165 | G23 |
| Lengeh | G86 | P.D.329 | G56 | H.T.I | G24 |
| Saderati | G87 | P.D.336 | G57 | Kramograd N.H.H. 659 | G25 |
| Eraghi | G88 | P.D.345 | G58 | T.K.23 | G26 |
| Shahroudi | G89 | P.D.364 | G59 | Samsun katerini | G27 |
| T.K.L | G90 | P.D.365 | G60 | Izmir 7 | G28 |
| L 17 | G91 | P.D.371 | G61 | Mutant 3 | G29 |
| C.H.T.269-12e | G92 | P.D.381 | G62 | Mutant 4 | G30 |

وضوح بالا، دارای پوشش ژنومی مناسب از ژنوم توتون (۶) بودند. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر حاوی ۰/۵ میکرولیتر dNTP (۵۰mM) (BioFluxbiotech: http://biofluxbiotech.com) ۰/۷ میکرولیتر MgCl₂ (۱۰mM) (CinnaGen, Tehran, Iran)، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (۱۰×)، ۱ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرها، ۰/۳ واحد آنزیم Taq DNA Polymerase (CinnaGen Inc., Tehran, Iran)، ۱۴ میکرولیتر آب دوبرار تقطیر شده و ۲۵ نانوگرم DNA پایه با استفاده از دستگاه ترمال سایکلر ۹۶ پایه، Master cycler gradient Eppendorf (Type 5331، Eppendorf AG, Hamburg, Germany) انجام گرفت.

داده‌های ژنتیکی

استخراج DNA از نمونه برگ ۹۰ ژنوتیپ از ۱۰۰ ژنوتیپ توتون مورد مطالعه، با استفاده از روش Doyle و Doyle (۱۲) انجام گرفت. میزان خلوص و غلظت DNA استخراجی با استفاده از دستگاه اسپکتروفوتومتر در طول موج ۲۶۰ نانومتر تعیین شد (BioPhotometer 6131; Eppendorf, Hamburg, Germany). کیفیت DNA با استفاده از الکتروفورز با ژل آگارز ۱٪ بررسی شد. از مجموعه ریزماهورهای موجود در پایگاه داده توتون (۶،۵)، ۲۶ جفت آغازگر برای انگشت‌نگاری توتون انتخاب شدند (جدول ۲). نشانگرهای انتخابی علاوه بر تولید باندهای چندشکل با

حاصل از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز و جداسازی محصولات PCR از ژل آگارز سه درصد در بافر TBE 0.5X استفاده شد. رنگ‌آمیزی قطعات حاصل از تکثیر با استفاده از محلول اتیدیوم بروماید یک میکروگرم بر میلی‌لیتر صورت گرفت و تصویربرداری از قطعات با استفاده از دستگاه ژل داکيومنتیشن (Gel Logic 212 PRO, USA) زیر نور فرابنفش انجام شد.

الگوی دمایی مورد استفاده در واکنش PCR عبارت بود از یک چرخه 94°C به مدت ۴ دقیقه برای شروع و اسرشت سازی DNA، ۳۶ چرخه شامل ۹۴°C به مدت ۱ دقیقه، دمای اتصال ۵۵°C به مدت ۹۰ ثانیه و دمای گسترش ۷۲°C به مدت ۹۰ ثانیه و در انتها یک چرخه ۷۲°C به مدت ۱۰ دقیقه برای بسط نهایی. برای الکتروفورز محصولات

جدول ۲- مشخصات نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده برای انگشت نگاری ژنوتیپ‌های توتون
Table 2. Characteristics of microsatellite markers used for DNA fingerprinting of oriental-type tobacco genotypes

| Repeated motif | Reverse (5'→3') | Forward (5'→3') | Primer | Repeated motif | Reverse (5'→3') | Forward (5'→3') | Primer name |
|----------------|------------------|-------------------|--------|----------------|---------------------|------------------|-------------|
| TA | AGCACATTGGACAGGC | AAGACAGATTGGTGCG | PT3029 | TA | AGGATTCCTAACGTGTAT | TGCCGTGTAATTTTC | PT30014 |
| | GAATA | GAAC | 2 | | TATGTTCT | ATTGG | |
| TA | TCATGTGTGCCAAGCT | ACAACAACCTACGTTAG | PT3031 | GAA | ACGCATGAAATTGTAAGG | AAACAACGTGGAAGC | PT30172 |
| | CTTC | TGTGAGAAA | 9 | | GC | ATTGG | |
| TAA | CGACGAGAGAAGATT | TGCTCTGCGTTAGAACA | PT3032 | GA | TATCCAAATCTCCAAAGC | TCGAAACCTCGAGGA | PT30202 |
| | AGTGAAAGA | GGA | 4 | | CC | CAGTT | |
| TA | GGTGCTAGCAACATCA | GATAGGTAGATTATCT | PT3004 | TAG | ATAAGTCCCTTTAATTTA | GAACACACGTTTCGTC | PT30250 |
| | TCAAA | CTGCAACA | 6 | | ATTGCG | ATTGG | |
| TA | CATAAATAGTTGCTCA | TCGTCCATTCTTTCTC | PT3006 | TAA | CCTCTACTTCAACAGGGT | ACCTCTGTGCGCGTA | PT30165 |
| | TTCAATCG | TCTCA | 1 | | AAGAAA | AGCTT | |
| TA | ATTCGCACCACTAAT | AAGCCTGGTCAGTTATC | PT3006 | GA | AAAGGGCAATGTGTCTAG | AAGTCTCGTGTGGTT | PT30241 |
| | CCA | CCA | 7 | | CTC | GCTT | |
| TA | CCCATCAGGTGTTGG | CGATCGGGTCGTTACA | PT3007 | TA | AGGGTCTACGCAAGAGA | CGGAGAGTTGCATTT | PT30027 |
| | GTTA | CAAT | 5 | | TTG | GAATTT | |
| TA | GGGTCATGGTTCGAA | ACAAGAACGACGGTT | PT3009 | TA | CTCAACTCTCGTCTCTT | CATTTGAACATGGTT | PT30021 |
| | TTAT | ACGC | 4 | | G | GGCTG | |
| TA | GGCCGACAATAAAGT | TTGTACGTTCTCGCTG | PT3011 | TA | TGGAACAACAAGCCATTAC | GACGAAACTGAGGAT | PT30034 |
| | GGCT | ATG | 0 | | CC | ATTCAAA | |
| TA | GATGGACAAGATGG | CCTAACAGCATTGCTA | PT3013 | AC/AG/AT | GGAGCTCAGGTTCCAATG | GGAACACCACCACCA | PT20343 |
| | CTTT | CCA | 2 | | TAA | TAA | |
| TA | TTTGACATCTACT | GCATGCATATGAACAT | PT3015 | TA | TGCTGGAAATTAGCGAGG | CATCATGGCAAGTCA | PT30285 |
| | TTCCGTTT | GGGA | 9 | | TT | CCATC | |
| TA | GCACTGCTCCTTTGT | GGTCGATCCACAATTTA | PT3020 | TA | TTCGAAATAAGTACCTAG | GTGATTCCAGCGGAA | PT30126 |
| | ACCC | AACG | 5 | | AGTCGG | GACAT | |
| TA | AATATGGTCTATGCC | GGTAGGGTGGAAACAAA | PT3026 | TA | GGTTGATCCGACACTATT | CGTTGCTTAGTCTCGC | PT30008 |
| | GCAA | TTTATCA | 0 | | ACGA | ACTG | |

این رویکرد از مدل خطی عمومی (General linear model; GLM) و مدل خطی مخلوط (Mixed linear model; MLM) استفاده شد. در رویکرد GLM از ماتریس Q یا ساختار جمعیت به صورت کواریت در مدل استفاده شد. ماتریس روابط خویشاوندی (ماتریس K) براساس داده‌های ریزماهواره و با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 2.1 محاسبه شد. ضرایب ساختار جمعیت و روابط خویشاوندی به صورت مدل Q + K در رویکرد MLM که کواریت محسوب می‌شود، مورد استفاده قرار گرفتند. میزان نبود تعادل لینکاژی (LD) با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 2.1 محاسبه شد. تجزیه کلاستر براساس داده‌های ریزماهواره و روش UPGMA با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 2.1 انجام گردید (۸).

نتایج و بحث

تنوع ژنتیکی توتون‌های شرقی

مقادیر حداقل، حداکثر، میانگین حسابی، انحراف معیار و ضریب تغییرات فنوتیپی صفات در ۹۰ ژنوتیپ مشترک در آزمایشات مزرعه‌ای و مولکولی در جدول ۳ ارائه شده است. بالاترین ضرایب تغییرات فنوتیپی به ترتیب مربوط به عملکرد برگ در کرت (۴۱/۲ درصد)، عملکرد برگ خشک در کرت (۳۵/۲ درصد) و تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی (۳۱/۹۹ درصد) بوده است (جدول ۳). با توجه به این که برگ خشک عملکرد گیاه توتون محسوب می‌شود، وجود تنوع برای این صفت حایز اهمیت بوده و می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد. انگشت‌نگاری ژنوم ۹۰ ژنوتیپ توتون شرقی با

تجزیه و تحلیل داده‌ها

داده‌های ریزماهواره به صورت نشانگر همباز (شماره آل تولیدی) امتیازدهی شدند. به منظور تجزیه مؤثر ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق ژنوتیپ‌ها به زیر جمعیت‌های مناسب و تشخیص ژنوتیپ‌های مختلط، ارزیابی ساختار جمعیت با استفاده از روش Bayesian در نرم‌افزار Structure 2.3.4 انجام گرفت (۳۰). در این روش، هر یک از ژنوتیپ‌ها با یک احتمال و طوری به زیرجمعیت‌های فرضی منتسب می‌گردند که در هر زیرجمعیت میزان نبود تعادل پیوستگی حداقل و تعادل مرحله گامتی حداکثر باشد (۲۴). در این مطالعه، بین یک تا ده زیرجمعیت فرضی اولیه در نظر گرفته شد و برای افزایش دقت برای هر کدام از زیرجمعیت‌ها پنج تکرار منظور گردید. برای این منظور از مدل ترکیبی Admixture و استقلال فراوانی آلی با ۱۰۰۰۰۰ تکرار آزمایش (burn-in) و ۱۰۰۰۰۰ تکرار MCMC (Markov Chain Monte Carlo) استفاده گردید تا منحنی حداکثر درست‌نمایی حاصل شود. نرم‌افزار Structure برای هر مقدار K (تعداد واقعی زیر جمعیت) ماتریس Q را به دست می‌دهد که در این ماتریس، برآورد ضرایب احتمال عضویت هر ژنوتیپ در هر یک از زیرجمعیت‌ها آورده شده است. تعداد واقعی زیرجمعیت‌ها براساس روش اوانو و همکاران (۱۳) تعیین شد. این روش بر پایه آماره K است که شیب تابع احتمالی را در نقطه‌ای می‌شکند که تعداد K فرضی در آن نقطه دارای حداکثر احتمال باشد.

تجزیه ارتباط برای آنالیز ارتباط نشانگرها با صفات فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 2.1 انجام شد. در

استفاده از ۲۶ جفت آغازگر ریزماهواره انجام شد و در مجموع ۶۶ آلل با میانگین ۲/۵۳ آلل برای هر نشانگر مشاهده شد. در تجزیه کلاستر براساس داده‌های SSR به روش UPGMA

جدول ۳- آماره‌های توصیفی صفات فنوتیپی در ۹۰ ژنوتیپ توتون شرقی مورد مطالعه
Table 3. Descriptive statistics on the phenotypic traits of 90 studied oriental-type tobacco genotypes

| Item | NL | LW | FLYP | DLYP | PH | SD | D50F |
|--------------------------|-------|-------|-------|-------|--------|-------|--------|
| Minimum | ۱۰/۰۰ | ۲۲/۲۵ | ۱۱/۶۷ | ۱/۵۷ | ۷۲/۸۳ | ۴/۷۸ | ۲۵/۰۰ |
| Maximum | ۴۸/۱۷ | ۴۷/۹۲ | ۲۵/۹۲ | ۴/۴۶ | ۱۸۹/۰۰ | ۹/۵۲ | ۱۱۷/۰۰ |
| Mean | ۲۸/۸۵ | ۳۱/۴۷ | ۱۶/۳۴ | ۱/۸۰ | ۱۳۴/۲۰ | ۶/۳۴ | ۵۶/۸۷ |
| Standard deviation | ۸/۷۱ | ۵/۴۰ | ۳/۲۰ | -/۶۳ | ۲۸/۹۵ | ۰/۹۷ | ۱۸/۱۹ |
| Coefficient of variation | ۳۰/۱۹ | ۱۷/۱۷ | ۱۹/۶۳ | ۳۵/۲۵ | ۲۱/۵۷ | ۱۵/۴۲ | ۳۲/۰۰ |

نکته: NL: تعداد برگ، LL: طول برگ، LW: عرض برگ، FLYP: عملکرد برگ تر در کرت، DLYP: عملکرد برگ خشک در کرت، PH: ارتفاع گیاه، SD: قطر ساقه، D50F: روز تا ۵۰ درصد گلدهی.

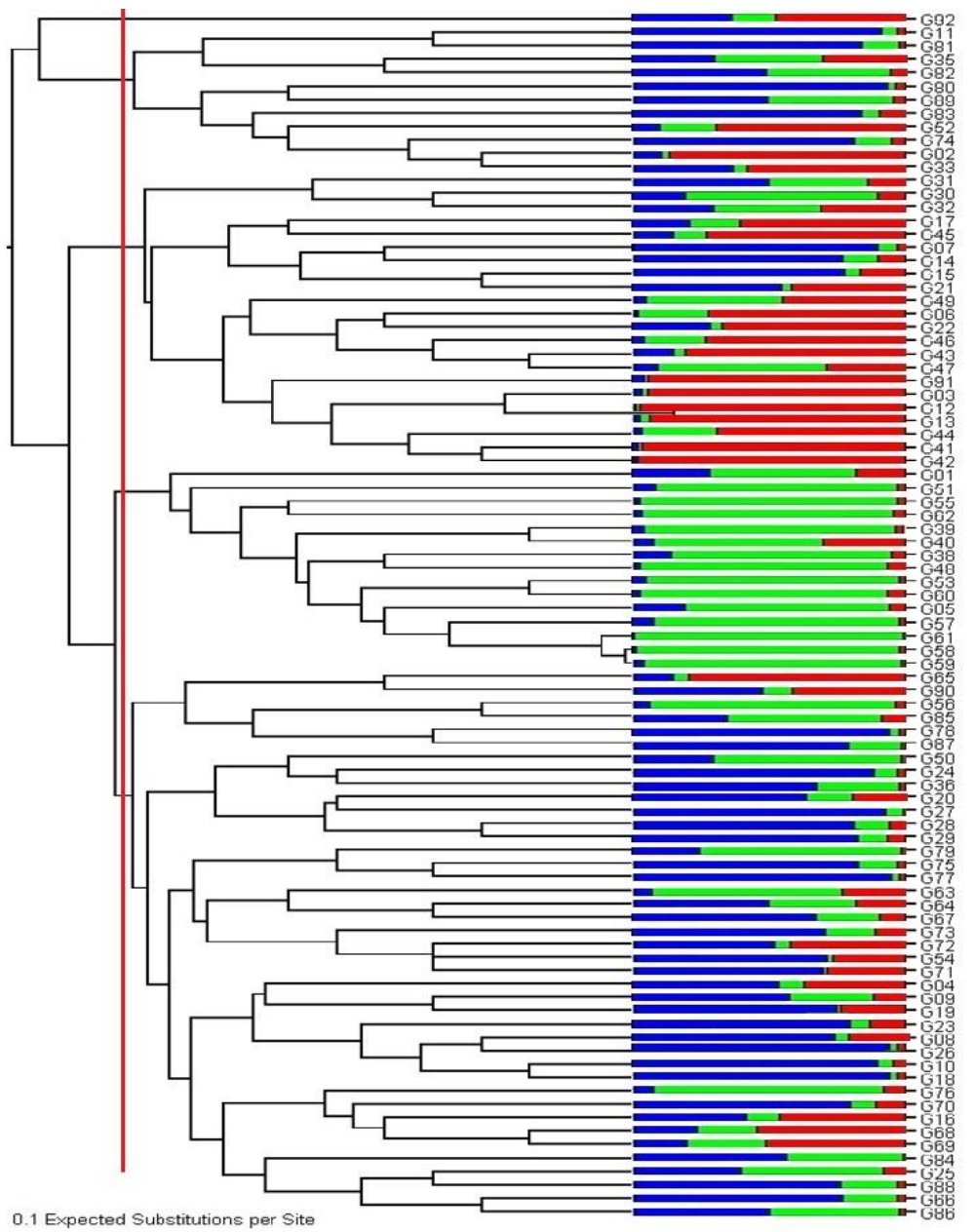
نبود تعادل لینکاژی (Linkage disequilibrium; LD)

در مجموعه ژنوتیپی مورد مطالعه ارزش r^2 (شاخصی برای سنجش نبود تعادل لینکاژی) بین ۰/۰۰۰۰۱ الی ۰/۲۶۷ و مقدار میانگین r^2 برابر با ۰/۰۲۷ بود. از ۳۲۵ جفت نشانگر ریزماهواره ۷/۳۸٪ دارای r^2 بزرگ‌تر از ۰/۱ و معنی‌دار بودند ($P < 0.01$, $r^2 > 0.1$). مقدار D' (شاخص دیگر سنجش نبود تعادل لینکاژی) بین ۰/۰۰۶۵ الی یک و مقدار میانگین برابر با ۰/۲۴۲ بود. ۸۴/۶٪ از مقادیر D' بزرگ‌تر از ۰/۱ بود ($P < 0.01$, $D' > 0.1$). نتایج مشابهی از سوی جون و همکاران (۱۷) و ژانگ و همکاران (۳۵) به‌ترتیب در سویا و ذرت مشاهده شده است. در تحقیقات دادرس و همکاران (۹) مقدار r^2 در توتون‌های هواخشک بین ۰/۱۵۰ و ۰/۳۶۱ متغیر بود. نبود تعادل لینکاژی (LD) ارتباط غیر تصادفی مکان‌های متفاوت روی یک کروموزوم است و اخیراً از آن در مطالعات نقشه‌یابی ارتباطی و مکان‌یابی صفات کمی و ژن‌های مهم استفاده می‌شود (۳۵،۲۳). وجود LD یک پیش‌نیاز برای مکان‌یابی ارتباطی می‌باشد. میزان دقت مکان‌یابی ارتباطی به ساختار LD روی ژنوم بستگی دارد. میزان وسعت LD در ژنوم گیاهان، بین گونه‌های مختلف متغیر می‌باشد. عواملی از قبیل اندازه جمعیت، اینبردینگ، ایزولاسیون ژنتیکی بین اجداد، میزان کم نوترکیبی، هم‌ترکیبی جمعیت‌ها، رانش ژنتیکی و اپیستازی موجب افزایش LD می‌شوند در حالی که عواملی از قبیل دگرگشتی، میزان نوترکیبی بالا، میزان جهش بالا و تغییر ژنی منجر به کاهش مقدار LD می‌شود. همچنین فاصله ژنتیکی بالا به دلیل احتمال بیشتر نوترکیبی باعث کاهش مقدار نبود تعادل لینکاژی خواهد شد.

تجزیه مؤثر ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق افراد به زیر جمعیت‌های مناسب با استفاده از نرم‌افزار Structure انجام گرفت. با توجه به این که مقادیر حداکثر $K = 3$ به‌دست آمده، بنابراین ژنوتیپ‌های توتون مورد مطالعه به احتمال قوی دارای سه زیرجمعیت می‌باشند.

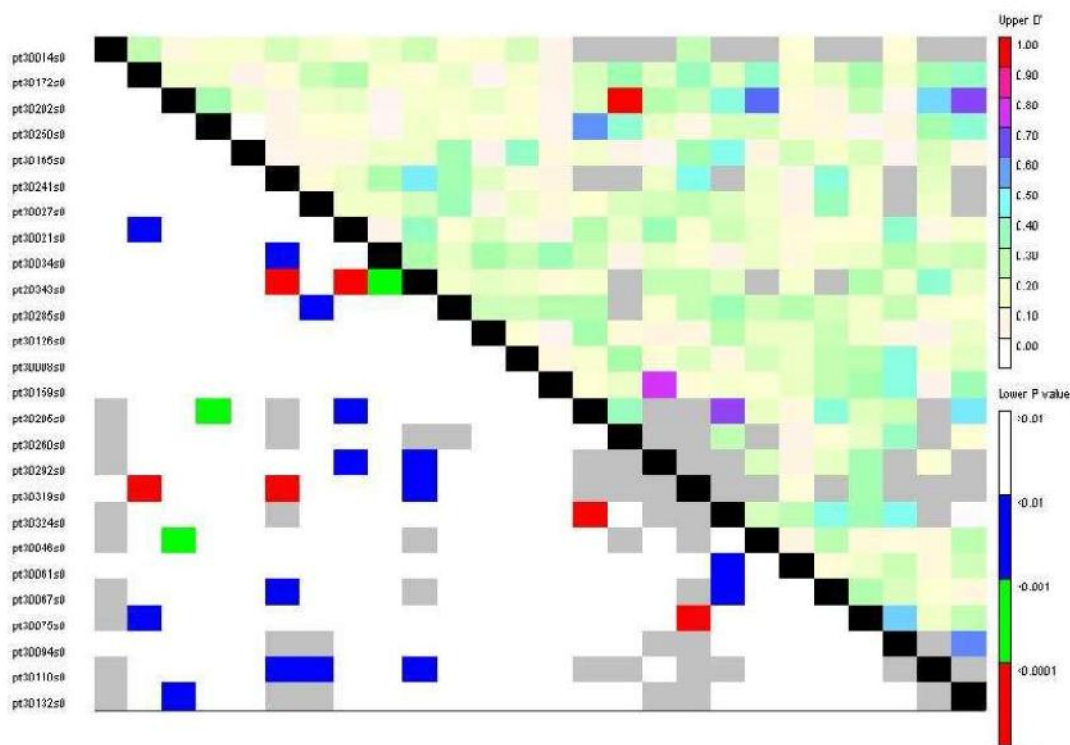
این سه زیرجمعیت با سه گروه ژرم پلاسما: چپق (SPTs)، لاین‌های اینبرد نوترکیب (PDS) و تیکلاک (CHTs) مطابقت داشتند. در مجموع ۸۱٪ از لاین‌های PD و ۷۰/۵۸٪ از لاین‌های SPT و ۷۰٪ از لاین‌های تیکلاک در زیرگروه مربوط به خود قرار گرفتند. لاین‌های باقی مانده بسته به میزان ارزش Q به گروه خاصی منتسب نشده و مخلوط در نظر گرفته شدند. در کل گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با تجزیه کلاستر، در تطابق با نتایج حاصل از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها توسط نرم‌افزار Structure بوده است. در تحقیقات انجام شده از سوی دادرس و همکاران (۹) در تجزیه کلاستر و ساختار، ۵۰ ژنوتیپ توتون هواخشک مورد مطالعه در هشت گروه و سه زیر جمعیت طبقه‌بندی شدند (۹). نتایج مشابهی در مطالعه فریکانو و همکاران (۱۴) که روی ۳۱۲ ژنوتیپ توتون انجام دادند گزارش شده است.

تاریخ پیچیده اصلاحی بسیاری از گیاهان مهم و جریان ژنی محدود شده در بیشتر گیاهان وحشی، ساختارهای پیچیده‌ای در ژرم‌پلاسما به وجود آورده است که باید در مطالعات تجزیه ارتباط در نظر گرفته شود. روش‌هایی که ساختار جمعیت (Q) را در تجزیه ارتباط در نظر می‌گیرند نتایج مثبت دروغین یعنی کشف ارتباط کاذب بین نشانگر و عوامل کنترل‌کننده صفت را کاهش می‌دهند (۳۷،۳۳).



شکل ۱- نتایج تجزیه ساختار جمعیت توتون با استفاده از نرم‌افزار Structure و گروه بندی ژنوتیپ‌های با تجزیه کلاستر بر اساس روش UPGMA در نرم‌افزار TASSEL

Figure 1. Results of analyzed population structure of oriental-type tobacco by the Structure program and un-weighted pair-group method using arithmetic average (UPGMA) dendrogram of genotypes in TASSEL software.



شکل ۲- پلات نبود تعادل لینکاژی (LD plot). قسمت بالا قطری نشان‌دهنده میزان نبود تعادل لینکاژی با استفاده از آماره D' و قسمت پایین قطری P-value برای جفت نشانگرها را نشان می‌دهد.

Figure 2. LD plot generated by SSR marker pairs. The upper diagonal shows D' among each pair of markers. The lower diagonal shows the levels of significance between each pair of markers.

ارتباط نشانگر با صفات

از نرم‌افزار TASSEL 2.1 برای استنباط احتمال وجود ارتباط واقعی میان نشانگرهای ریزماهواره با عوامل کنترل‌کننده صفات زراعی استفاده گردید. بدین منظور تجزیه ارتباط براساس مدل خطی عمومی (GLM) با لحاظ کردن Q که کواریت به شمار می‌آید و همچنین بر اساس مدل خطی مخلوط (MLM) با لحاظ کردن Q + K انجام شد. در مطالعات تجزیه ارتباط الزاماً از جمعیت‌های طبیعی استفاده می‌شود و در حالت ایده‌آل نباید ساختاری در جمعیت مورد مطالعه وجود داشته باشد زیرا وجود ساختار در جمعیت مورد مطالعه عامل بازدارنده در جهت دستیابی به نتایج قابل اعتماد می‌باشد و در صورتی که اثر عوامل ساختار جمعیت و روابط خویشاوندی در تجزیه ارتباط در یک جمعیت لحاظ نشوند نتایج مثبت دروغین به‌وجود خواهد آمد (۷). مدل‌های مختلفی برای کاهش نتایج مثبت کاذب در تجزیه‌های ارتباط مورد استفاده قرار می‌گیرد که از آن جمله می‌توان به ماتریس K در داخل مدل K و ماتریس Q در داخل مدل Q اشاره نمود. مدل دیگر Q + K می‌باشد که ترکیبی از دو مدل قبلی است و تأثیر آن در کاهش نتایج مثبت کاذب بیشتر از دو مدل Q و K است (۳۶، ۳۱، ۳۰). نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که استفاده از مدل ترکیب شده (Q + K) در ذرت بهبود معنی‌داری در کاهش نتایج مثبت کاذب در بررسی صفاتی

مانند زمان گل‌دهی، وزن خوشه و قطر خوشه در مقایسه با مدل‌های خطی منفرد K یا Q ایجاد نموده است (۳۷). در این تحقیق، نتایج به‌دست آمده براساس مدل GLM نشان داد که ۱۶ مکان ریزماهواره ارتباط بسیار معنی‌داری با عوامل کنترل‌کننده صفات مورد بررسی دارند (P 0.01). از این تعداد پنج مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت تعداد برگ (NL)، یک مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت طول برگ (LL)، دو مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت ارتفاع بوته (PH)، چهار مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت قطر ساقه (SD) و چهار مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی (D50F) ارتباط بسیار معنی‌دار داشتند (جدول ۴). در تجزیه ارتباط براساس مدل MLM در مجموع ده مکان ریزماهواره ارتباط بسیار معنی‌داری با ژن‌های کنترل‌کننده صفات نشان دادند (P 0.01). ده مکان شناسایی شده برای صفات همان ده مکان از ۱۶ مکانی بودند که براساس مدل GLM نیز شناسایی شده بودند. بر اساس مدل MLM، یک مکان با صفت تعداد برگ (NL)، یک مکان با طول برگ (LL)، دو مکان با ارتفاع بوته (PH)، چهار مکان با قطر ساقه (SD) و دو مکان با تعداد روز تا ۵۰٪ گل‌دهی (D50F) پیوستگی نشان دادند (جدول ۴). براساس نتایج این مطالعه برخی از ریزماهواره‌ها میان صفات مختلف مشترک بودند از جمله می‌توان به نشانگر PT30159- که با صفات

تعداد برگ (NL)، ارتفاع بوته (PH) و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (D50F) مرتبط بود- اشاره نمود. همچنین نشانگر PT30046 با صفات طول برگ (LL) و قطر ساقه (SD) و نشانگر PT30292 با صفات قطر ساقه (SD) و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (D50F) پیوستگی نشان دادند (جدول ۴).

وجود نشانگر مشترک بین چندین صفت ممکن است به دلیل پلیوتروپی و یا پیوستگی شدید ژن‌ها باشد. وجود چنین حالتی کارایی گزینش براساس نشانگر را بالا برده و موجب می‌شود به دنبال اصلاح یک صفت در یک گیاه، افزایش یا کاهش ارزش صفات همبسته دیگر را شاهد باشیم.

جدول ۴- نشانگرهای SSR شناسایی شده برای صفات زراعی- موفولوژیکی در ژنوتیپ‌های توتون شرقی با استفاده از مدل‌های GLM و MLM

Table 4. SSR loci identified for agro-morphological traits in oriental-type tobacco genotypes using association mapping by GLM and MLM procedures

| MLM P-Marker | R ² Marker | GLM | | Locus | Trait |
|--------------|-----------------------|----------------------|--------------|---------|-------|
| | | R ² Model | P-Adj-Marker | | |
| ./۰.۳۳۵ | ./۱۷۷۶ | ./۲۵۷۴ | ./۲۳۴۸ | PT30014 | LN |
| - | ./۰.۹۹۵ | ./۱۸۳۰ | ./۰.۶۵۹ | PT30250 | |
| - | ./۱۷۸۲ | ./۲۲۶۱ | ./۰.۰۰۶ | PT30134 | |
| ./۰.۰۹۲ | ./۲۴۶۷ | ./۲۵۸۶ | ./۰.۰۰۰۹۹۹ | PT30159 | |
| - | ./۱۳۲۰ | ./۱۸۰۲ | ./۰.۱۷۰ | PT30205 | |
| ./۰.۳۲۸ | ./۱۹۲۶ | ./۲۵۴۸ | ./۰.۰۴۰ | PT30075 | LL |
| ./۰.۲۴۸ | ./۰.۸۹۵ | ./۲۸۱۴ | ./۰.۳۷۷۶ | PT30241 | |
| ./۰.۳۶۰ | ./۱۲۶۱ | ./۲۶۴۲ | ./۵۸۱۴ | PT30027 | |
| ./۰.۳۹۹ | ./۱۱۶۷ | ./۲۸۹۴ | ./۶۹۱۳ | PT30008 | |
| ./۰.۲۸۳ | ./۱۰۰.۸ | ./۲۵۸۱ | ./۴۵۸۰ | PT30292 | |
| ./۰.۰۸۵ | ./۱۶۴۲ | ./۳۲۱۳ | ./۱۱۸۹ | PT30046 | LW |
| ./۰.۲۴۱ | ./۰.۹۰۸ | ./۲۳۸۴ | ./۷۳۰۳ | PT30110 | |
| ./۰.۴۵۱ | - | - | - | PT30008 | |
| ./۰.۳۰۹ | - | - | - | PT30205 | |
| - | ./۰.۷۶۴ | ./۲۸۹۴ | ./۷۱۴۳ | PT30241 | |
| - | ./۰.۸۵۵ | ./۲۳۴۵ | ./۸۰۰۲ | PT30134 | DLYP |
| - | ./۰.۸۹۷ | ./۲۷۳۶ | ./۶۴۱۴ | PT30292 | |
| - | ./۰.۶۳۰ | ./۲۲۳۶ | ./۷۶۰۲ | PT30324 | |
| - | ./۰.۱۰۹ | ./۲۹۱۶ | ./۶۸۸۳ | PT30046 | |
| - | ./۰.۸۷۵ | ./۲۴۹۳ | ./۶۱۱۴ | PT30110 | |
| ./۰.۳۵۳ | ./۰.۷۲۱ | ./۰.۷۲۶ | ./۵۵۰۴ | PT30205 | PH |
| ./۰.۰۹۸ | ./۰.۷۷۸ | ./۱۲۱۸ | ./۲۵۹۷ | PT30250 | |
| - | ./۱۲۹۰ | ./۱۶۵۳ | ./۱۴۳۹ | PT30134 | SD |
| ./۰.۰۸۰ | ./۱۳۲۳ | ./۱۸۴۲ | ./۰.۵۰۹ | PT30159 | |
| ./۰.۰۸۷ | ./۱۵۵۲ | ./۱۷۷۷ | ./۰.۸۸۹ | PT30075 | |
| ./۰.۰۳۰ | ./۱۵۷۱ | ./۲۲۲۶ | ./۰.۴۳۰ | PT30241 | |
| ./۰.۰۲۲ | ./۱۸۸۵ | ./۲۳۰۸ | ./۰.۱۵۰ | PT30292 | |
| ./۰.۲۵۹ | ./۱۶۲۰ | ./۲۲۹۲ | ./۶۷۲۳ | PT30319 | D50F |
| ./۰.۰۱۶ | ./۲۵۵۴ | ./۳۴۰۶ | ./۰.۰۰۰۹۹۹ | PT30046 | |
| ./۰.۰۵۲ | ./۱۵۰۵ | ./۲۱۶۲ | ./۰.۸۶۹ | PT30110 | |
| ./۰.۴۷۱ | ./۱۱۳۵ | ./۱۳۹۰ | ./۶۲۹۴ | PT30241 | |
| ./۰.۰۹۸ | ./۲۰۲۲ | ./۲۵۰۲ | ./۰.۰۰۰۹۹۹ | PT30159 | |
| ./۰.۰۵۷ | ./۲۱۶۳ | ./۲۳۰۸ | ./۰.۰۰۰۹۹۹ | PT30292 | D50F |
| ./۰.۱۴۶ | ./۲۰۸۱ | ./۲۵۱۴ | ./۰.۳۷۰ | PT30046 | |
| - | ./۱۲۰۳ | ./۲۰۰۰ | ./۳۲۴۷ | PT30075 | |
| ./۰.۱۸۳ | ./۱۴۸۱ | ./۱۷۷۵ | ./۱۵۴۸ | PT30110 | |

نکته: NL: تعداد برگ، LL: طول برگ، LW: عرض برگ، FLYP: عملکرد برگ تر در کرت، DLYP: عملکرد برگ خشک در کرت، PH: ارتفاع گیاه، SD: قطر ساقه، D50F: روز تا ۵۰ درصد گلدهی.

شکر، نیکوتین و پتاسیم موجود در برگ‌های توتون شناسایی کردند. در مطالعه دیگر لی و همکاران (۲۰) با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی مبتنی بر خانواده، دو QTL برای مقدار نیکوتین، دو QTL برای مقدار کلر، یک QTL برای مقادیر پتاسیم، چهار QTL برای طول برگ و یک QTL برای مقاومت به سفیدک سطحی شناسایی کردند. اخیراً دادرس و همکاران (۹) با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی مبتنی بر نبود تعادل لینکاژی (Linkage disequilibrium based association mapping) در ۵۰ ژنوتیپ توتون هوا خشک، نه نشانگر AFLP مرتبط با صفات سطح برگ، ارتفاع گیاه،

در مطالعات متعددی از نقشه‌یابی ارتباطی مبتنی بر خانواده (Family-based linkage (FBL) mapping) برای یافتن QTL‌های کنترل‌کننده صفات در ژنوم توتون استفاده شده است، برای مثال جولیبو و همکاران (۱۶) با استفاده از نقشه ژنتیکی تهیه شده با نشانگرهای SSAP، SCAR، AFLP و ISSR در یک جمعیت لینه‌های خالص نوترکیب توتون، ۷۵ QTL را در ۱۲ گروه لینکاژی برای صفاتی مانند کیفیت برگ، ترکیبات شیمیایی و خواص دود شناسایی کردند. ژیاو و همکاران (۲۹) با استفاده از خانواده‌های دابل هاپلوئید تعداد هفت QTL برای مقادیر

نتایج نشان داد که بین ژنوتیپ‌های توتون شرقی مورد مطالعه از نظر صفات مورفولوژیکی و نیز مکان‌های ریزماهواره مورد بررسی، تنوع ژنتیکی بالایی وجود داشت. مطالعه ساختار جمعیت حاضر با استفاده از نرم‌افزار Structure صورت گرفت و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه زیرجمعیت قرار گرفتند. مکان‌یابی ارتباطی براساس مدل GLM و MLM انجام گرفت و به ترتیب ۱۶ و ده مکان ژنی مرتبط با صفات مورد بررسی شناسایی شدند. نتایج نشان می‌دهد که برخی از نشانگرها با چندین صفت مرتبط هستند که وجود چنین حالتی در به‌زادگی گیاهی از نظر اصلاح هم‌زمان چندین صفت بسیار حایز اهمیت می‌باشد.

تعداد برگ، طول و عرض برگ را شناسایی کردند. تجزیه ارتباط مبتنی بر نبود تعادل لینکاژی می‌تواند به دو صورت انجام گیرد: رویکرد اول پویش کل ژنوم با تعداد زیادی از نشانگرها و رویکرد دوم مکان‌یابی ارتباطی ژن‌های کاندیدا می‌باشد که در این رویکرد ژن‌های خاص براساس روش تجزیه ارتباط انتخاب می‌شوند (۲۷). تجزیه ارتباط با روش ژن‌های کاندیدا در گیاهان زراعی از جمله تلخه (۳۴) و مطالعات تجزیه ارتباط مبتنی بر پویش کل ژنوم (GWAS) در گیاهانی مانند گندم نان (۲۰)، سیب‌زمینی (۱۱) و توتون (۱۴،۹،۴) انجام شده است.

منابع

1. Abdurakhmonov, I.Y., R.J. Kohel, J.Z. Yu, A.E. Pepper, A.A. Abdullaev, F.N. Kushanov, I.B. Salakhutdinov, Z.T. Buriev, S. Saha, B.E. Scheffler, J.N. Jenkins and A. Abdukarimov. 2008. Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germplasm. *Genomics*, 92: 478-487.
2. <http://ftp.fao.org/docrep/fao/006/y4956e/y4956e00.pdf> (Projections of tobacco production, consumption and trade to the year 2010, Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome, 2003). 107 pp.
3. Ataie, R., V. Mohammadi, A.R. Taleai and M.R. Nagavi. 2013. Association mapping of root traits in barley. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 44: 347-357.
4. Basirnia, A., H. Hatami Maleki, R. Darvishzadeh and F. Ghavami. 2014. Mixed linear model association mapping for low chloride accumulation rate in oriental-type tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) germplasm. *Journal of Plant Interactions*, 9: 666-672.
5. Bindler, G., J. Plieske, N. Bakaher, I. Gunduz, N. Ivanov, R. Van der Hoeven, M. Ganal and P. Donini. 2011. A high density genetic map of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) obtained from large scale microsatellite marker development. *Theoretical and Applied Genetics*, 123: 219-230.
6. Bindler, G., R. Van der Hoeven, I. Gunduz, J. Plieske, M. Ganal, L. Rossi, F. Gadani and P. Donini. 2007. A microsatellite marker based linkage map of tobacco. *Theoretical and Applied Genetics*, 114: 341-349.
7. Breseghello, F. and M. Sorrells. 2006. Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Genetics*, 172: 1165-1177.
8. Buckler, E., T. Casstevens, P. Bradbury and Z. Zhang. 2009. Trait Analysis by Association, Evolution and Linkage (TASSEL) Version 2.1, User Manual, Cornell University, Ithaca, NY, USA. 96 pp.
9. Dadras, A.R., H. Sabouri, G. Mohammadi Nejad, A. Sabouri and M. Shohai-Deylami. 2014. Association analysis, genetic diversity and structure analysis of tobacco based on AFLP markers. *Molecular Biology Report*, 41: 3317-29.
10. Darvishzadeh, R., S.R. Alavi and A. Sarrafi. 2009. Genetic variability for chlorine concentration in oriental tobacco genotypes. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 57: 167-177.
11. D'hoop, B.B., M.J. Paulo, K. Kowitwanich, M. Sengers, R.G.F. Visser, H.J. Van Eck and F.A. Van Eeuwijk. 2010. Population structure and linkage disequilibrium unraveled in tetraploid potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 121: 1151-1170.
12. Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry*, 19: 11-15.
13. Evanno, G., S. Regnaut and J. Goudet. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14: 2611-2620.
14. Fricano, A., N. Bakaher, M. Del Corvo, P. Piffanelli, P. Donini, A. Stella, V. Nikolai, N.V. Ivanov and C. Pozz. 2012. Molecular diversity, population structure and linkage disequilibrium in a worldwide collection of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) germplasm. *BMC Genetics*, 13: 18 pp.
15. Fusari, C.M., J.A.D. Rienzo, C. Troglia, V. Nishinakamasu, M.V. Moreno, C. Maringolo, F. Quiroz, D. Alvarez, A. Escande, E. Hopp, R. Heinz, V.V. Lia and N.B. Paniego. 2012. Association mapping in sunflower for Sclerotinia head rot resistance. *BMC Plant Biology*, 12: 1-13.
16. Julio, E., B. Denoyes-Rothan, J.L. Verrier and F. Dorchac de Borne. 2006. Detection of QTLs linked to leaf and smoke properties in *Nicotiana tabacum* based on a study of 114 recombinant inbred lines. *Molecular Breeding*, 18: 69-91.
17. Jun, T.H., K. Van, M.Y. Kim, H.S. Lee and D.R. Walker. 2007. Association analysis using SSR markers to find QTL for seed protein content in soybean. *Euphytica*, 162: 179-191.
18. Kalia, R.K., M.K. Rai, S. Kalia, R. Singh and A.K. Dhawan. 2011. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*, 177: 309-334.
19. Kraakman, A.T.W., F. Martínez, B. Mussiraliyev, F.A. Van Eeuwijk and R.E. Niks. 2006. Linkage disequilibrium mapping of morphological, resistance and other agronomically relevant traits in modern spring barley cultivars. *Molecular Breeding*, 17: 41-58.

20. Li-Hua, L., C. Mei-Xia, Z. Dong-Xin, C. Shun-Hui, T. Ai-Fen, L. Yan-Kun, M.A. Hong-Bo, Q.A. Jian-Min and G. Yu-Chun. 2011. QTL Analysis of six important traits in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Acta Agronomica Sinica*, 37: 1577-1584.
21. Mannai, Y.E., T. Shehzad and K. Okuno. 2011. Variation in flowering time in sorghum core collection and mapping of QTLs controlling flowering time by association analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 58: 983-989.
22. Movafegh, S., B. Rabiee, A. Zare-Feizabadi and G. Taheri. 2009. Mapping QTLs controlling yield in two Iranian rice cultivars-F2 populations. *Iranian Journal of Agricultural Research*, 7: 673-683.
23. Rafalski, A. and M. Morgante. 2004. Corn and humans: recombination and linkage disequilibrium in two genomes of similar size. *Trends Genetics*, 20: 103-111.
24. Rezaeizad, A., B. Wittkop, R. Snowdon, M. Hasan, V. Mohammadi, A. Zali and W. Friedt. 2011. Identification of QTLs for phenolic compounds in oilseed rape (*Brassica napus* L.) by association mapping using SSR markers. *Euphytica*, 177: 335-342.
25. Saeed, A., R. Darvishzadeh and A. Basirnia. 2013. Simple sequence repeat markers associated with agro-morphological traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Zemdirbyste-Agriculture*, 100: 433-440.
26. Shaaf, S., M.R. Bihanta, A.R. Taleai, V. Mohammadi and B. Kaliliyan. 2012. Association analysis of single nucleotide variation in flowering time genes PpdH1, HvCO1 and HvGI in the barley. *Modern Genetics*, 7: 179-191.
27. Shehzad, T., H. Iwata and K. Okuno. 2009. Genome-Wide association mapping of quantitative traits in sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) by using multiple models. *Breeding Science*, 59: 217-227.
28. Thornsberry, J.M., M.M. Goodman, J. Doebley, S. Kresovich, D. Nielsen and E.S. Buckler. 2001. Dwarf8 polymorphisms associate with variation in flowering time. *Nature Genetics*, 28: 286-289.
29. Xiao, B.G., Z.L. Xu, X.J. Chen, A.R. Shen, Y.P. Li and J. Zhu. 2006. Genetic linkage map constructed by using a HD population for the flue-cured tobacco. *Acta Tabacaria Sinica*, 12: 35-40.
30. Xu, W., P.K. Subudhi, O.R. Crasta, D.T. Rosenow, J.E. Mullet and H.T. Nguyen. 2000. Molecular mapping of QTLs conferring stay-green in grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). *Genome*, 43: 461-469.
31. Yan, J., T. Shan, M. Warburton, E. Buckler, M. McMullen and J. Crouch. 2009. Genetic characterization and linkage disequilibrium estimation of a global maize collection using SNP markers. *Plos One*, 4: e8451.
32. Yang, B.C., B.G. Xiao, X.J. Chen and C.H. Shi. 2007. Assessing the genetic diversity of tobacco germplasm using inter simple sequence repeat and inter-retrotransposon amplification polymorphism markers. *Annals of Applied Biology*, 150: 393-401.
33. Yu, J., G. Pressoir, W.H. Briggs, B.I. Vroh and M. Yamasaki. 2006. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nature Genetics*, 38: 203-208.
34. Yu, X. and Y. Jiang. 2013. Association of candidate genes with drought tolerance traits in diverse perennial Ryegrass accessions. 2012 Annu. Rep. Purdue University, Turf grass Science, 1-6.
35. Zhang, Q., C. Wu, F. Ren, Y. Li and C. Zhang. 2012. Association analysis of important agronomical traits of maize inbred lines with SSRs. *Australian Journal of Crop Science*, 6: 1131-1138.
36. Zhao, J., M.J. Paulo, D. Jamer, P. Lou, F.V. Eeuwijk, G. Bonnema, D. Vreugdenhil and M. Koornneef. 2007. Association mapping of leaf traits, flowering time and phytate content in *Brassica rapa*. *Genome*, 50: 963-973.
37. Zhu, C.M., E. Gore, S. Buckler and J. Yu. 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *The Plant Genome*, 1: 5-20.

Association Mapping of Agronomic Traits in Oriental Tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) Genotypes

Faramarz Hoshiyardeh¹, Reza Darvishzadeh², Ashkan Basirnia³ and
Hamid Hatami Maleki⁴

1 and 3- M.Sc. Student and M.Sc., Urmia University

2- Professor, Urmia University

(Corresponding author: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)

4- Assistant Professor, University of Maragheh

Received: July 14, 2014

Accepted: October 26, 2014

Abstract

Tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) is one of valuable agricultural and industrial crops. Studying most important traits of tobacco is difficult because of quantitative nature that are controlled by multiple genes and affected by environmental factors. Among various methods for the study of quantitative traits, association mapping which utilize phenotypic and DNA markers information is one of the effective methods for this purpose. In this study, the phenotypic variability of 100 oriental type of tobacco genotypes were evaluated using 10 × 10 simple lattice design with two replications at Urmia Tobacco Research Center. Several agronomic traits including plant height (PH), stem diameter (SD), number of days to 50% flowering (D50F), number of leaves (NL), leaf length (LL), leaf width (LW), fresh leaf yield per plot (FLYP), and dry leaf yield per plot (DLYP) were measured. Also, fingerprinting of 90 out of 100 genotypes was done by using 26 SSR primer pairs. Analysis of population structure of studied germplasm using Structure software classified the association panel into 3 sub-populations. Linkage disequilibrium and analysis of association between markers and traits were performed using TASSEL 2.1 software. The results related to linkage disequilibrium revealed that r^2 values ranged from 0.00001 to 0.267 with mean r^2 value of 0.027 and also, value of D' ranged from 0.0065 to 1 with mean D' value of 0.242. Using association mapping based on GLM and MLM models, 16 and 10 loci were identified which possessed significant relationship with factors controlling agronomical traits. In this study, marker PT30159 was common for number of leaves, plant height and days to 50% flowering traits, marker PT30046 was common for leaf length and stem diameter and marker PT30292 was common for stem diameter and days to 50% flowering traits. Common markers are important and effective in plant breeding activities.

Keywords: Association analysis, Agronomic traits, Linkage disequilibrium, SSR marker, Tobacco