دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

اعتبارسنجی نشانگرهای منتخب تحمل به تنش خشکی در ژنوتیپ‌های سویا در شرایط نرمال و تنش خشکی

احمدرضا دادرس[۱]، حبیب ا... سمیع‌زاده[۲] و حسین صبوری[۳]

۱- دانش‌آموخته مقطع دکتری دانشگاه گیلان و استادیار پژوهشی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان زنجان
۲- دانشیار، دانشگاه گیلان، (نویسنده مسوول: hsamizadeh@yahoo.com)
۳- دانشیار، دانشگاه گنبدکاووس

تاریخ دریافت: ۹۴/۶/۱ تاریخ پذیرش: ۹۴/۸/۹

چکیده

اعتبارسنجی نشانگرهای پیوسته به QTLهای شناسایی شده قبل از انجام انتخاب به کمک نشانگر به عنوان یک گام ضروری محسوب می‌شود. در تحقیق حاضر با استفاده از ۱۲۱ رقم و لاین پیشرفته سویا و کشت در دو محیط نرمال و تحت تنش خشکی در دو منطقه رشت و گنبد کاووس اقدام به اعتبار سنجی ۲۱ نشانگر ریزماهواره مرتبط با تحمل به تنش خشکی شد. در بررسی جمعیت از لحاظ میزان تنوع ژنتیکی، متوسط تعداد الل به ازای هر نشانگر، ۵/۵۳ الل و متوسط محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)، ضریب تنوع ژنتیکی نی (H) و شاخص شانون (I)، به‌ترتیب ۰/۷۳، ۰/۷۷ و ۱/۵۷ برآورد شد که مقدار بالای این آماره‌ها، نشان‌دهنده توانایی این نشانگرها در تفکیک ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. تجزیه ساختار و تجزیه‌خوشه‌ای بترتیب بر اساس روش بیزی و اتصال همسایگی افراد را به سه زیرجمعیت و سه گروه تقسیم نمودند. نتایج تجزیه ارتباطی بین نشانگرهای ریزماهواره و صفات مرتبط با عملکرد با استفاده از روش‌های GLM و MLM با سه مدل آماری نشان داد که نشانگرهای Satt454، Satt345، Satt210، Sat_292، Satt142، Satt339، Satt249 و Satt458 در این زمینه ژنتیکی به تایید رسیدند و به عنوان تأثیرگذارترین نشانگرها تعیین شدند. بالاترین درصد توجیه تغییرات صفات مربوط به نشانگرهای Sat_292 و Satt454 بود که بیش از ۱۸ درصد از تغییرات وزن دانه در کل غلاف‌های بوته را بترتیب در شرایط نرمال و تنش خشکی تبیین نمودند.

واژه‌های کلیدی: انتخاب به کمک نشانگر، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه ساختار، تنوع ژنتیکی، ریزماهواره

مقدمه

سویای زراعی (*Glycine max*) که قبل از سال ۱۹۴۰ به طور عمده برای علوفه کشت می‌شد، امروزه پس از ذرت و گندم مقام سوم را از نظر تولید دانه و از نظر ارزش غذایی پس از ذرت دومین رتبه را در کشور امریکا دارد و در کشورهایی مثل آمریکا گیاه دانه‌ای مهمی تلقی می‌شود (۲). بر اساس گزارش فائو سطح زیر کشت سویا در جهان در سال ۲۰۱۲ حدود ۱۰۴۹۹۷۲۵۳ هکتار با میانگین عملکرد ۲۳۰۳ کیلوگرم در هکتار و در ایران در سال ۲۰۱۲ حدود ۸۰۰۰۰ هکتار و با میانگین عملکرد حدود ۲۵۰۰ کیلوگرم در هکتار بوده است (۱۱).

بررسی تنوع ژنتیکی برای اهداف مختلف به‌نژادی از جمله حفظ و نگهداری ژرم‌پلاسم‌های موجود، انتخاب و گزینش آلل‌های مطلوب و در نهایت بهبود صفات به عنوان یک بستر پایه‌ای و اساسی محسوب می‌شود. در پژوهشی با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ارتباطی از یک جمعیت بزرگ سویا با ۱۵۹ ژنوتیپ انجام شد. ارزیابی تنوع ژنتیکی با استفاده از ۵۵ نشانگر ریزماهواره که در طول ژنوم پراکنده بودند نشان داد که تنوع ژنتیکی به میزان ۰/۸۰۶ و تعداد ۷۸۱ آلل با متوسط ۹/۴ الل برای هر نشانگر در این مجموعه وجود دارد که نشاندهنده اطلاعات و تنوع ژنتیکی بالا در آنها بود. تجزیه ساختار نیز کلیه ژنوتیپ‌ها را به چهار گروه تقسیم کرد. تجزیه ارتباطی نیز منجر به شناسایی ۲۱ نشانگر ریزماهواره شد که به طور معنی‌داری با صفات مختلف مرتبط بودند. گوپتا و همکاران (۱۳) اظهار داشتند نتایج بدست آمده در بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ارتباطی می‌تواند برای حفظ و کاربرد ژرم‌پلاسم سویا بسیار مفید باشد.

امروزه غلبه بر محدودیت‌های محیطی از جمله تنش خشکی در همه گیاهان از جمله سویا با توجه به اهمیت و ارزش غذایی آن، از جایگاه ویژه‌ای برخوردار است. تاکنون روش‌های متعددی برای انتخاب تحمل به خشکی در سویا بکار گرفته شده که می‌توان اندازه‌گیری عملکرد در شرایط تنش خشکی در طی فصل رشد (۳۰،۱۲) ارزیابی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های کنترل شده نظیر گلخانه و آزمایشگاه (۲۸،۲۷) و استفاده از آبیاری تکمیلی برای ایجاد محیط‌های رطوبتی مختلف برای مقایسه تظاهر ژنوتیپ‌ها (۲۸) و در دهه اخیر انتخاب به کمک نشانگر (۲۳،۲۰) را نام برد.

پیچیدگی کنترل ژنتیکی تحمل به تنش خشکی به‌نژادگران را به استفاده از روش‌های مولکولی در کنار روش‌های سنتی بهبود این صفت سوق می‌دهد. شناسایی QTLهای کنترل‌کننده صفات مرتبط با تحمل به تنش خشکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی از جمله روش‌های به‌نژادی مولکولی است که از نتایج آن پس از طی مراحل تایید می‌توان در برنامه‌های اصلاحی متعدد مثل انتخاب به کمک نشانگر استفاده نمود. تاکنون چندین پژوهش برای شناسایی QTLهای کنترل کننده صفات مرتبط با تحمل به تنش خشکی در سویا صورت گرفته است (۳۳،۸،۹،۶،۲۱،۳). در پژوهشی با استفاده از سه جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

و نشانگرهای مولکولی DArT شناسایی QTL برای سه صفت مرتبط با تحمل به خشکی یعنی میزان هدایت غشا، محتوای آب نسبی برگ در طول تنش و بهبود و برگشت گیاه پس از تنش انجام شد. نتایج نشان داد در سه جمعیت ۶ گروه لینکاژی به صورت مشترک با تحمل به خشکی مرتبط می‌باشند (۳۳).

علی رغم مکان‌یابی QTLهای متعدد، از آنجاییکه QTLها برای صفات مختلف با استفاده از زمینه‌های ژنتیکی مختلف شناسایی می‌شوند لذا مستقیماً برای به‌نژادگران قابل استفاده نیستند و هنوز یک شکاف بین اصول بنیادی و تحقیقات کاربردی در این زمینه وجود دارد (۵). در این راستا تعیین اعتبار QTLها و تأیید نشانگرهای پیوسته به این نواحی شناسایی شده یک گام اساسی و ضروری قبل از انجام برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر است (۲۲). لذا علاوه بر لزوم مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده صفات مرتبط با تحمل به تنش خشکی، باید این نواحی به همراه نشانگرهای پیوسته شناسایی شده تعیین اعتبار گردند. این تحقیق نیز در راستای اعتبار سنجی نشانگرهای کاندیدای تحمل به تنش خشکی در ژنوتیپ‌های سویا در دو منطقه رشت و گنبد کاووس طرح‌ریزی شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل ۱۰۰ لاین پیشرفته (نسل F7) به همراه ۲۱ رقم سویا (مجموعاً ۱۲۱ ژنوتیپ) بود که در دو محیط نرمال و تحت تنش خشکی در دو منطقه رشت و گنبد کاووس در سال زراعی ۱۳۹۳ کشت شد. اطلاعات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- اطلاعات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تحقیق حاضر

Table 1. Information of studied genotypes in present research

ردیف	مشخصات	ردیف	مشخصات	ردیف	مشخصات
۱	Nemaha × Savoy (1)*	۴۲	Sahar × Gorgan 3 (1)	۸۳	کاسپین
۲	Nemaha × Savoy (2)	۴۳	Sahar × Gorgan 3 (3)	۸۴	سحر
۳	Nemaha × Savoy (4)	۴۴	Hamilton × Katoul (3)	۸۵	کتول
۴	Nemaha×Savoy (5)	۴۵	Hamilton × Katoul (2)	۸۶	ویلیامز
۵	Kottman × Kitimisharo (1)	۴۶	Sahar × Katoul (3)	۸۷	SG20
۶	Kottman × Kitimisharo (2)	۴۷	Sahar × Katoul (4)	۸۸	صفی آبادی
۷	Kottman × Kitimisharo (3)	۴۸	Sahar × Katoul (5)	۸۹	L504
۸	Spry × Kitimisharo (1)	۴۹	Sahar × Katoul (7)	۹۰	سلکسیون۷
۹	Spry × Kitimisharo (2)	۵۰	Sahar × Katoul (8)	۹۱	سلکسیون۵۳
۱۰	Spry × Kitimisharo (4)	۵۱	Sahar × Katoul (9)	۹۲	سلکسیون۵۵
۱۱	Spry × Kitimisharo (5)	۵۲	Hamilton × Gorgan 3 (3)	۹۳	سلکسیون۸۱
۱۲	Charleston × Mustang (1)	۵۳	Williams × Katoul (9)	۹۴	سلکسیون۱۰۶
۱۳	Charleston × Mustang (2)	۵۴	Williams × Katoul (5)	۹۵	سلکسیون۱۷۰
۱۴	Charleston × Mustang (3)	۵۵	Williams × Katoul (4)	۹۶	Hamilton × Sepid (8)
۱۵۱	Spry × Savoy (3)	۵۶	Sahar × Williams (8)	۹۷	Sahar × Sepide (1)
۱۶	Spry × Savoy (4)	۵۷	Williams × Katoul (2)	۹۸	Sepide × T1SRF (5)
۱۷	Spry × Savoy (5)	۵۸	Sahar × Williams (10)	۹۹	Hamilton × Fora (3)
۱۸	Williams × K778 (3)	۵۹	Sahar × K778 (1)	۱۰۰	Hamilton × K778 (3)
۱۹	Williams × K778 (4)	۶۰	Sahar × K778 (3)	۱۰۱	Sahar × K779 (5)
۲۰	Williams × K778 (5)	۶۱	Sahar × K778 (7)	۱۰۲	Sepide × K778 (3)
۲۱	Williams × Hamilton (1)	۶۲	Clary × Nigeria (10)	۱۰۳	For a × Macon (3)
۲۲	Williams × Hamilton (2)	۶۳	Sahar × Hamilton (3)	۱۰۴	For a × LD 10 (1)
۲۳	Williams × Hamilton (3)	۶۴	Sahar × Hamilton (4)	۱۰۵	Williams × K778 (2)
۲۴	Williams × Hamilton (4)	۶۵	Sahar × Hamilton (8)	۱۰۶	Crawford × Lan (3)
۲۵	Hamilton × Katoul (12)	۶۶	Graham × Nigeria (9)	۱۰۷	Crawford × Vilana (4)
۲۶	Hamilton × Williams (2)	۶۷	Sahar × Hamilton (10)	۱۰۸	Williams × Vilana (4)
۲۷	Hamilton × Williams (3)	۶۸	Graham × Nigeria (2)	۱۰۹	Mustang × Delsoy 4210
۲۸	Gorgan3 × K778 (1)	۶۹	Clary × Nigeria (9)	۱۱۰	Spry × Savoy
۲۹	Gorgan3 × K778 (2)	۷۰	Graham × Nigeria (8)	۱۱۱	Pershing × Epps
۳۰	Gorgan3 × K778 (3)	۷۱	Graham × Nigeria (8)	۱۱۲	Williams × Diana (1)
۳۱	Gorgan3 × K778 (8)	۷۲	Graham × Nigeria (5)	۱۱۳	Sahar × Collombus (4)
۳۲	Gorgan 3 × K778 (9)	۷۳	Clary × Nigeria (5)	۱۱۴	Sahar × Collombus (13)
۳۳	Gorgan3×K778 (10)	۷۴	Clary × Nigeria (3)	۱۱۵	Sahar × Crawford (1)
۳۴	Gorgan3 × K778 (11)	۷۵	H7	۱۱۶	Black Williams × Lan (4)
۳۵	Gorgan3 × K778 (12)	۷۶	L17	۱۱۷	Black Williams × Epps (10)
۳۶	Gorgan3 × Williams (2)	۷۷	WEb	۱۱۸	Sahar × K188(5)
۳۷	Gorgan3 × Williams (4)	۷۸	PE	۱۱۹	Sahar × Hamilton (1)
۳۸	Gorgan3 × Williams (7)	۷۹	DW	۱۲۰	Sahar ×LBK (1)
۳۹	Hamilton × Katoul (8)	۸۰	M7	۱۲۱	DPK×Fora(1)
۴۰	Hamilton × Katoul (4)	۸۱	M9		
۴۱	Gorgan3 × Katoul (4)	۸۲	ساری		

*: برای هر لاین، تلاقی تشکیل دهنده آن به همراه شماره لاین مربوطه در نسل F7 در داخل پرانتز آورده شده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

طرح آزمایشی مورد استفاده بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار بود. هر کرت آزمایشی دارای سه ردیف به طول دو متر با فاصله خطوط کاشت ۳۵ و فاصله بوته‌ها روی ردیف، ۱۰ سانتی‌متر بود. در طی دوره رشد برای مبارزه با علف‌های هرز، وجین دستی و همچنین علف کش سوپرگالانت استفاده شد. عملیات کاشت برای هر دو محیط (تنش آبی و بدون تنش آبی) و هر دو منطقه یکسان و بصورت دستی انجام شد. اولین آبیاری بلافاصله پس از کاشت صورت گرفت. برای محیطی که آبیاری نرمال داشت، مقدار آب آبیاری و دوره تناوب با توجه به روابط موجود در منابع (۱) به گونه‌ای اعمال شد که رطوبت خاک در محدوده رطوبتی ظرفیت زراعی تا حداکثر تخلیه رطوبتی باقی بماند و آبیاری در محیط تنش تا استقرار گیاه در زمین (حدود ۵ تا ۶ برگی) مطابق محیط بدون تنش انجام شد و پس از آن، تنش آبی اعمال شد. زمان اعمال تنش برابر با شرایط رطوبتی ۲۵ درصد تخلیه از رطوبت ظرفیت زراعی در نظر گرفته شد. تعیین این زمان نیز با نمونه‌برداری از خاک از عمق ۳۰ سانتی‌متر برای تعیین میزان رطوبت انجام شد. به منظور جلوگیری از اثر بارندگی در مزرعه تحت تنش خشکی در منطقه رشت، از پوشش پلاستیکی استفاده شد. پس از رسیدگی صفات مختلف مربوط به عملکرد از جمله تعداد کل غلاف در بوته، تعداد دانه در هر غلاف، تعداد دانه در کل بوته، وزن کل بوته، وزن کل غلاف‌ها در بوته، وزن دانه در کل غلاف‌ها در بوته و وزن صد دانه اندازه‌گیری شد.

به منظور انجام آزمایشات مولکولی، ابتدا از برگ‌های جوان و سالم در مرحله انتهای رشد رویشی نمونه تهیه شد و استخراج DNA انجام گرفت (۲۶). کمیت و کیفیت DNA با استفاده از اسپکتروفوتومتر و ژل آگارز تعیین و سپس DNAها با نسبت‌های مناسب و مورد نیاز رقیق‌سازی شدند. انتخاب نشانگرهای SSR پیوسته به QTLهای کنترل‌کننده صفات مرتبط با تحمل به تنش خشکی بر اساس اطلاعات پایگاه اطلاعاتی http://soybase.org و مقالات معتبر به تعداد ۲۵ نشانگر انجام شد. از این تعداد ۲۱ نشانگر الگوی نواری قابل امتیازدهی تولید کردند که در تجزیه و تحلیل مورد استفاده قرار گرفت.

انجام PCR، براساس دمای اتصال هر آغازگر انجام شد (۱۷). در ادامه DNA حاصل از تکثیر نشانگرها توسط الکتروفورز عمودی با استفاده از ژل پلی اکریل‌آمید واسرشته‌ساز شش درصد تفکیک و با روش رنگ‌آمیزی نیترات نقره (۲۹) قابل رویت گردید. سرانجام داده‌های مولکولی نمونه‌ها از لحاظ نشانگرهای مورد استفاده به ثبت رسیدند.

پس از امتیازدهی نوارها، محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) با استفاده از نرم‌افزار Power Marker و سایر آماره‌های تنوع ژنتیکی شامل تعداد آلل‌های موثر، شاخص نی و شاخص شانون (۳۰) با استفاده از نرم افزار PopGene (۳۴) محاسبه شدند. در ادامه ماتریس ژنتیکی شباهت با ضرایب مختلف همانند جاکارد[1]، ضریب تطابق ساده[2] و نی[3]، تشکیل گردید و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، طبق الگوریتم‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای مانند ادغام بر حسب متوسط گروه‌ها[4]، اتصال همسایگی[5]، دورترین همسایگی[6] و نزدیکترین همسایگی[7] با استفاده از نرم‌افزارهای مختلف مثل، GGT2 و NTSYSpc انجام شد و مناسب‌ترین دندروگرام براساس معیارهای مختلف مثل ضریب همبستگی کوفنتیک[8] و ساختار مناسب دندروگرام با حداقل زنجیره‌ای شدن افراد تعیین گردید. تعداد گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از بیشترین فاصله محل ادغام شاخه‌ها در دندروگرام صورت گرفت و گروه‌های مختلف با رنگ متمایز نشان داده شد.

به منظور انجام تجزیه ارتباط ابتدا ماتریس ساختار ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE (۲۵) تشکیل گردید. در این نرم‌افزار با توجه به اینکه در مورد ساختار جمعیت اطلاعات قبلی در دست نبود بنابراین تعداد بهینه K با انجام شبیه‌سازی تعیین گردید. برای این منظور تعداد K از ۱ تا ۱۰ در نظر گرفته شد و انجام شبیه‌سازی با طول دوره Burnin ۱۰۰۰۰۰ و تعداد تکرار MCMC ۱۰۰۰۰۰[9] صورت پذیرفت. پس از انجام شبیه‌سازی برای تعیین تعداد بهینه K (تعداد گروه‌ها) از دو ستون خلاصه شده K و LnP(D) برای محاسبات استفاده گردید و برای هر K، میانگین L(K) و انحراف معیار (Stdev) تکرارها محاسبه گردید. بعد از آن تفاضل میانگین تکرارها برای گروه‌های مجاور به صورت گروه بالاتر منهای گروه پایین‌تر و به‌نام L'(K) تعیین و سپس تفاضل L'(K) برای گروه‌های مجاور و به‌نام L"(K) محاسبه گردید که در نهایت از این محاسبات ΔK تعیین شد. در صورتی که نمودار دو طرفه K و ΔK رسم گردد نقطه اوج منحنی همان تعداد بهینه K خواهد بود (۱۰). در نهایت ماتریس Q (نتایج حاصل از ساختار جمعیت) از نرم‌افزار STRUCTURE استخراج شد و برای انجام تجزیه ارتباط بین داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار TASSEL 4.1.2 (۴) استفاده شد. در نرم‌افزار TASSEL از سه مدل آماری با دو روش GLM و MLM استفاده شد که این مدل‌ها در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- سه مدل آماری استفاده شده برای انجام تجزیه ارتباطی نشانگرهای ریزماهواره و صفات فنوتیپی

Table 2. The used three models to Association analysis between SRR markers and phenotypic traits

مدل	مجموعه داده مورد استفاده
۱: MLM	Phenotype + SSR + K + Q
۲: MLMa	Phenotype + SSR + Kb
۳: GLMc	Phenotype + SSR + Qd

a: مدل خطی مخلوط. b: داده‌های خویشاوندی حاصل از مشابهت کلی افراد از لحاظ زمینه ژنتیکی ناشی از خویشاوندی، c: مدل خطی عمومی و d: داده‌های ساختار جمعیت یا اصل و نسب استنباط شده ازافراد

1- Jaccard 2- Simple matching coefficient 3- Nei 4- UPGMA
5- Neighbor Joining 6- Complete Linkage 7- Single Linkage
8- Cophentic 9- Markov Chain Monte Carlo

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

نتایج و بحث

بررسی آماره‌های تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار

آماره‌های تنوع ژنتیکی نشانگرهای ریزماهواره مورد بررسی در جدول ۳ نشان داده شده است. همانگونه که مشاهده می‌شود در کل ۱۱۶ آلل شناسایی شد که به طور متوسط به ازای هر نشانگر ۵/۵۳ الل برآورد می‌گردد. دقت در نتایج بیانگر این است که بالاترین محتوای اطلاعات چندشکلی یا PIC به نشانگرهای Satt454، Satt458 و Sat–418 با مقدار PIC برابر یا بیش از ۰/۸۰ اختصاص دارد. این نشانگرهای از شاخص شانون و ضریب تنوع ژنتیکی نی بالا هم برخوردار بودند. شاخص شانون برای این نشانگرها بالاتر از ۱/۷۶ و ضریب تنوع ژنتیکی بالاتر از ۰/۸۲ برآورد شد. بعد از این نشانگرها، Satt210 و Sat–292 در مرتبه بعدی اهمیت قرار داشتند. متوسط PIC، ۰/۳۷ برآورد شد. نشانگرهای Sat–343 و Satt471 نیز از لحاظ آماره‌های تنوع پایین‌ترین مقدار را نسبت به سایر نشانگرها بدست آوردند. در این نشانگرها سایر آماره‌ها از جمله شاخص شانون، ضریب تنوع ژنتیکی نی و تعداد آلل موثر نیز نسبت به دیگر نشانگرها پایین‌تر بود. میزان متوسط ضریب تنوع ژنتیکی نی و شاخص شانون به ترتیب ۰/۷۷ و ۱/۵۷ برآورد شد و در مجموع با توجه به حصول تعداد آلل متوسط و همچنین مقادیر PIC و سایر آماره‌های تنوع ژنتیکی قابل توجه برای نشانگرها، در مقایسه با سایر مطالعات مشابه (۱۵،۷،۱۶) می‌توان اظهار داشت نشانگرهای مورد استفاده قادر بودند ژنوتیپ‌های سویا در تحقیق حاضر را به طور مناسبی تفکیک نمایند. همچنین وجود تنوع آللی قابل توجه در این جمعیت بر اساس نشانگرهایی که پیوسته به نواحی کنترل‌کننده صفات مرتبط با خشکی هستند نشان‌دهنده این واقعیت است که می‌توان بر اساس اطلاعات مولکولی در تلفیق با اطلاعات فنوتیپی در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی امیدوار بود.

نتایج تجزیه ساختار با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE در شکل ۱ و ۲ و جدول ۴ ارائه شده است. جدول ۴ آماره‌های محاسبه شده برای تعیین مقدار K برای ژنوتیپ‌های سویا را نشان می‌دهد و شکل ۱ نمودار دو طرفه برای تعیین بهینه K را نشان می‌دهد. در این شکل مقدار K و ΔK از نتایج مربوط به شبیه سازی در نرم‌افزار STRUCTURE استخراج گردید. مقدار بهینه K نقطه اوج منحنی است که با توجه به نمودار، بهترین K در این مطالعه ۳ می‌باشد. در واقع تجزیه ساختار نشان داد که تعداد خوشه‌هایی که پارامتر ΔK را به حداکثر خود می‌رساند برابر ۳ می‌باشد و ۱۲۱ رقم و لاین سویا به سه گروه تقسیم‌بندی شدند. تعداد ۴۵، ۲۷ و ۳۹ ژنوتیپ به ترتیب به گروه‌های ۱ تا ۳ منتسب شدند و تعداد ۱۰ ژنوتیپ به صورت مخلوط شناسایی شدند. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها (به صورت نمایش تابشی) بر اساس اطلاعات نشانگرهای ریزماهواره در شکل ۳ ارائه شده است. گروهبندی ژنوتیپ‌ها بر اساس بیشترین فاصله محل ادغام خوشه‌ها در دندروگرام، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم نمود که با رنگ‌های متمایز نشان داده شده است. مقایسه نتایج تجزیه خوشه‌ای و تجزیه ساختار در پژوهش حاضر نیز بیانگر این حقیقت است که علی‌رغم مطابقت‌های قابل توجهی بین این دو تجزیه در زیرگروه‌های کوچک، اما نمی‌توان مطابقت کامل بین آنها مشاهده نمود. در مقایسه کلی این دو نوع تجزیه بر روی داده‌های حاصل از نشانگرهای مولکولی عنوان شد یک جمعیت مورد مطالعه می‌تواند از لحاظ ساختار ژنتیکی که ناشی از تفاوت فراوانی آللی و آماره F رایت[1] است به زیر گروه‌های مختلف تقسیم گردد. نتایج گروه‌بندی بر اساس ساختار ژنتیکی می‌تواند متفاوت یا مشابه با گروهبندی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای باشد. چون در تجزیه خوشه‌ای ابتدا ماتریس شباهت بین افراد تشکیل می‌گردد و سپس از الگوریتم خاصی برای گروهبندی استفاده می‌شود که می‌تواند به روش‌های مختلفی انجام گیرد. مدل پیشنهاد شده در نرم‌افزار STRUCTURE (۲۵)، خوشه هایی از افراد با استفاده از روش بیزی[2] و بر اساس ژنوتیپ آنها در چندین مکان ژنی تشکیل می‌شود. روش بیزی اطلاعات منشاء ژنوتیپ‌ها را بیش از روش‌های گروه‌بندی دیگر مثل تجزیه خوشه‌ای یا تجزیه به بردارهای اصلی مدنظر قرار می‌دهد (۲۴).

1- Wright's F-statistics

2- Bayesian approach

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

جدول ۳- آماره‌های تنوع ژنتیکی محاسبه شده برای نشانگرهای ریزماهواره مورد بررسی

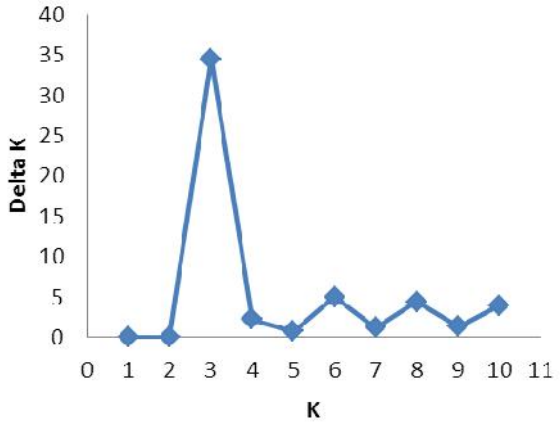
Table 3. Calculated genetic variation statistics for used SRR markers

نشانگر	فراوانی اللی	تعداد الل	تعداد الل مؤثر	PIC	ضریب Nei (H)	شاخص Shannon (I)
Sat_343	۰/۴۲	۳	۲/۸۸	۰/۵۸	۰/۶۵	۱/۰۸
Sat_345	۰/۳۸	۵	۳/۹۷	۰/۷۱	۰/۷۵	۱/۴۹
Satt339	۰/۳۳	۵	۳/۷۹	۰/۶۹	۰/۷۴	۱/۴۴
Sat_091	۰/۳۴	۶	۴/۳۳	۰/۷۳	۰/۷۷	۱/۵۹
Satt572	۰/۳۷	۴	۳/۵۸	۰/۶۷	۰/۷۲	۱/۳۳
Satt471	۰/۵۹	۳	۲/۰۵	۰/۴۲	۰/۵۲	۰/۸۲
Satt454	۰/۲۲	۶	۵/۶۴	۰/۸۰	۰/۸۲	۱/۷۶
Satt648	۰/۲۹	۶	۴/۷۷	۰/۷۶	۰/۷۹	۱/۶۶
Sat_171	۰/۳۶	۵	۴/۲۳	۰/۷۳	۰/۷۶	۱/۵۳
Sat_312	۰/۲۵	۵	۴/۷۴	۰/۷۵	۰/۷۹	۱/۵۸
Satt210	۰/۲۷	۷	۵/۵۱	۰/۷۹	۰/۸۲	۱/۸۱
Satt478	۰/۲۷	۶	۴/۸۴	۰/۷۶	۰/۷۹	۱/۶۷
Satt302	۰/۳۲	۵	۴/۰۱	۰/۷۱	۰/۷۵	۱/۴۵
Satt142	۰/۲۶	۶	۴/۴۱	۰/۷۸	۰/۸۲	۱/۷۴
Satt317	۰/۲۲	۶	۵/۳۴	۰/۷۸	۰/۸۱	۱/۷۲
Satt249	۰/۲۴	۶	۵/۰۱	۰/۷۷	۰/۸۰	۱/۶۷
Satt287	۰/۳۵	۵	۴/۰۱	۰/۷۱	۰/۷۵	۱/۴۸
Satt458	۰/۲۳	۷	۶/۲۱	۰/۸۲	۰/۸۴	۱/۸۸
Satt154	۰/۲۹	۶	۴/۹۳	۰/۷۷	۰/۸۰	۱/۶۸
Sat_292	۰/۲۷	۷	۵/۴۵	۰/۷۹	۰/۸۲	۱/۷۹
Sat_418	۰/۲۱	۷	۶/۲۰	۰/۸۲	۰/۸۴	۱/۸۷
جمع	۰/۴۸	۱۱۶	۹۶/۸۸	۱۵/۳۴	۱۶/۱۵	۳۳/۰۴
میانگین	۰/۳۱	۵/۵۳	۴/۶۲	۰/۷۳	۰/۷۷	۱/۵۷

جدول ۴- آماره‌های محاسبه شده برای مقادیر بهینه K با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE

Table 4. Estimated parameter for optimum K values by using STRUCTURE

K	L(k)	Stdev	L'(K)	L"(K)	[L"K]	Delta K
۱	-۷۷۲۲/۳	۱/۲۲	-	-	-	-
۲	-۷۱۷۷/۱	۶۱/۰۹	۵۴۵/۱۸	۰/۳۳	۰/۳۳	۰/۰۰
۳	-۶۶۳۱/۶	۴/۴۷	۵۴۵/۵۲	-۱۵۴/۳۳	۱۵۴/۳۳	۳۴/۵۱
۴	-۶۴۰/۴۲	۲۴/۶۸	۳۹۱/۱۸	-۵۵/۲۸	۵۵/۲۸	۲/۲۴
۵	-۵۹۰۴/۵۲	۵۸/۰۵	۳۳۵/۹۰	-۴۳/۹۸	۴۳/۹۸	۰/۷۶
۶	-۵۶۱۲/۶	۳۶/۱۴	۲۹۱/۹۲	-۱۸۲/۱۲	۱۸۲/۱۲	۵/۰۴
۷	-۵۵۰۲/۸	۱۵۱/۴۹	۱۰۹/۸۰	۱۸۱/۷۰	۱۸۱/۷۰	۱/۲۰
۸	-۵۲۱۱/۳	۳۵/۶۶	۲۹۱/۵۰	-۱۵۸/۲۵	۱۵۸/۲۵	۴/۴۴
۹	-۵۰۷۸/۰۵	۹۴/۵۷	۱۳۳/۲۵	۱۲۵/۶۵	۱۲۵/۶۵	۱/۳۳
۱۰	-۴۸۱۹/۱۵	۶۵/۵۲	۲۵۸/۹۰	-۲۵۸/۹۰	۲۵۸/۹۰	۳/۹۵

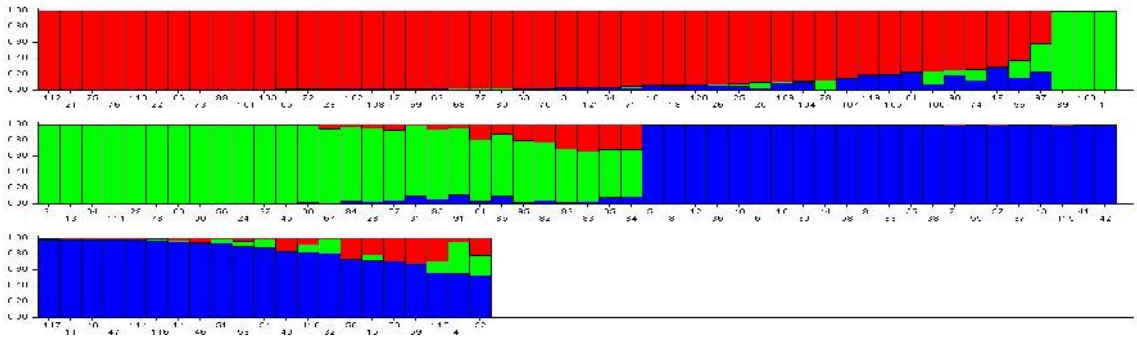


شکل ۱- نمودار دو طرفه برای تعیین مقدار بهینه K

Figure 1. Two-dimensional scatter for determine optimum value of K

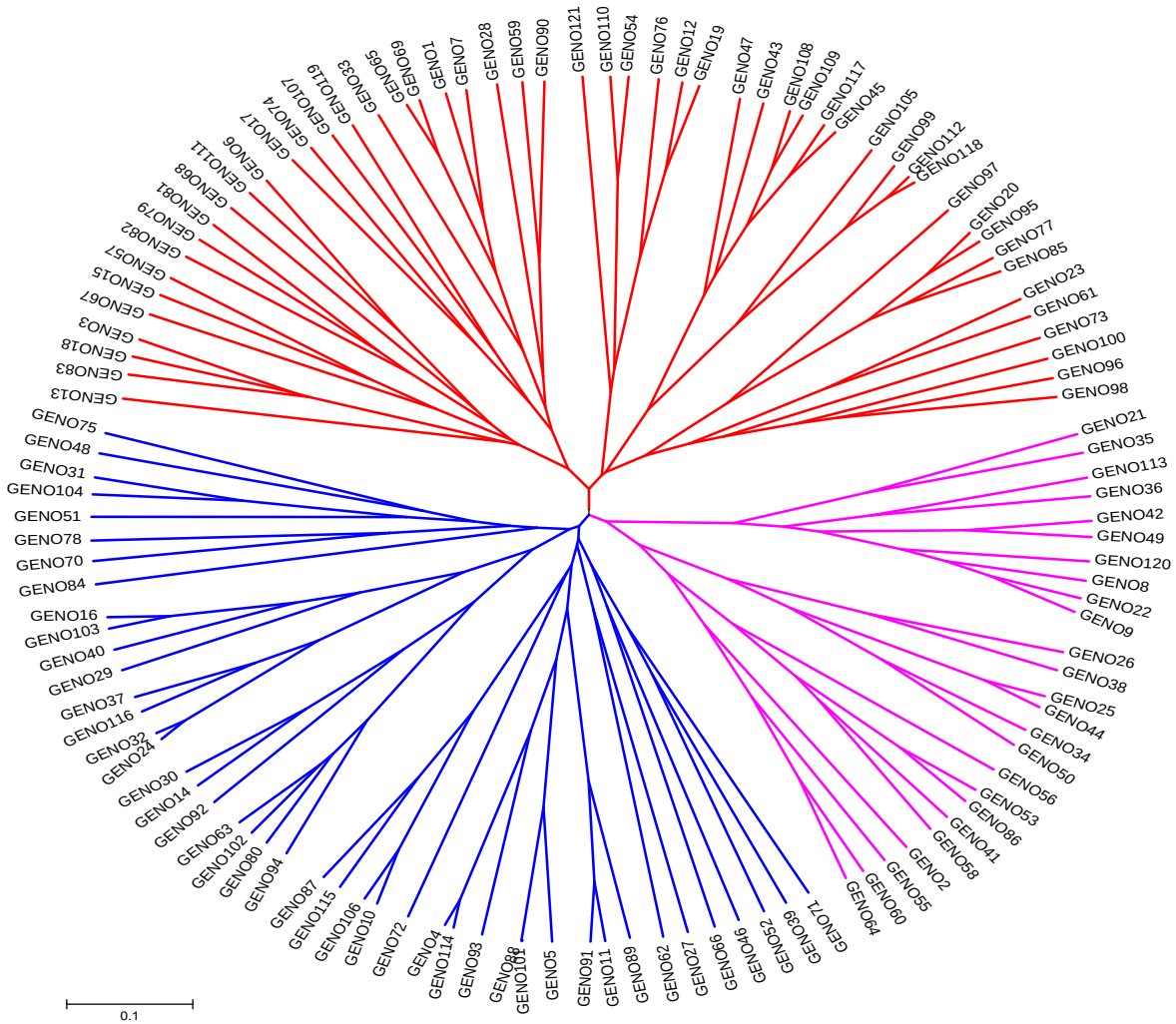
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]



شکل ۲- بار پلات ساختار جمعیت مستخرج از STRUCTURE و ۲۱ نشانگر ریزماهواره که در سه بخش رنگی تقسیم شده است . شماره و مشخصات ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آورده شده است

Figure 2. Extracted population structure bar plot from STRUCTURE and the 21 SRR markers distributed in three-color sections. Genotype information are indicated in Table 1



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های سویا (به شکل نمایش تابشی) به روش اتصال همسایگی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. شماره و مشخصات ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آورده شده است

Figure 3. Dendrogram of different soybean genotypes based on SSR markers using neighbor joining similarity matrix. Genotype information are indicated in Table 1

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

بررسی تنوع ژنتیکی به منظور حفاظت از منابع و ذخایر ژنتیکی موجود به ویژه در ژنوتیپ‌های وحشی یکی از اساسی‌ترین برنامه‌های به‌نژادی محسوب می‌گردد، در این راستا در مطالعه دیگری تنوع ژنتیکی ۹۰ ژنوتیپ سویا که از نواحی وسیع جغرافیایی از دو کشور چین و کره جمع‌آوری شده بودند، از لحاظ ۴۹ نشانگر SSR مورد بررسی قرار گرفت. آنها ضریب تنوع ژنتیکی نی برای ژنوتیپ‌های چین و کره را بترتیب مقادیر ۰/۷۶ و ۰/۷۲ برآورد نمودند و عنوان نمودند تنوع ژنتیکی بسیار بالایی در جمعیت‌های هر دو کشور وجود دارد که هر کدام به عنوان خزانه ژنتیکی واحد برای بهبود این گیاه قابل بهره‌برداری است (۱۶).

در پژوهشی (۷) ساختار و تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ سویا در چین را با استفاده از ۵۳ نشانگر ریزماهواره مورد بررسی قرار دادند. این محققین در کل ۲۹۶ آلل با متوسط ۵/۶ آلل برای هر نشانگر SSR و متوسط محتوای اطلاعات چندشکلی متغیر ۰/۵۷۳ برآورد نمودند. در مطالعه آنها تجزیه ساختار، کلیه ژنوتیپ‌ها را به ۸ زیرجمعیت و تجزیه خوشه‌ای با روش UPGMA به ۱۱ زیرگروه تقسیم نمود. آنها اظهار داشتند مقایسه دقیق‌تر تجزیه ساختار و تجزیه خوشه‌ای بیانگر مطابقت قابل توجه بین آنهاست. اکسش‌هایی که در یک خوشه قرار گرفتند از لحاظ منشاء، رنگ بذر یا شجره قرابت قابل توجهی داشتند.

در یک پرژوه گسترده در کره، تعداد ۶۴۴ ژنوتیپ سویا را از لحاظ ۷۵ نشانگر ریزماهواره مورد تجزیه ژنتیکی قرار دادند. در این مطالعه متوسط محتوای اطلاعات چند شکلی ۰/۶۱۶ برآورد شد و تعداد الل متوسط مربوط به جمعیت‌های متعلق به کره، چین، ژاپن و جنوب شرقی آسیا بترتیب برابر با ۱۳/۴، ۹، ۵/۴ و ۶/۵ بدست آمد. لی و همکاران (۱۵) بر اساس نتایج تجزیه ساختار، ژنوتیپ‌های کره را منفک از ژنوتیپ‌های چین گروهبندی کردند و آنها را به پنج زیرجمعیت تقسیم نمودند و اظهار داشتند ژنوتیپ‌های کشور کره با داشتن تنوع ژنتیکی بالا یک ذخیره آللی ارزشمند برای برنامه‌های اصلاحی سویا محسوب می‌گردند.

تجزیه ارتباطی

نتایج تجزیه ارتباطی بین نشانگرهای ریزماهواره و صفات مربوط به عملکرد برای محیط نرمال و تحت تنش بترتیب در جدول ۵ و ۶ ارائه شده است. در مقایسه بین دو منطقه از لحاظ نشانگرهای شناسایی شده تطابق قابل توجهی وجود دارد و غالباً نشانگرهای معنی‌دار برای هر دو منطقه ردیابی شدند. در مقایسه مدل‌های آماری نیز بر طبق انتظار تعداد نشانگرهای شناسایی شده در مدل‌های MLM کمتر از GLM بودند. اگر تجزیه ارتباطی، بدون شناسایی ساختار ژنتیکی جمعیت مورد بررسی انجام گیرد، منجر به شناسایی روابط کاذب بین نشانگر و QTL خواهد شد. لذا از اطلاعات حاصل از نتایج ساختار ژنتیکی می‌توان در انجام تجزیه ارتباط استفاده نمود تا از شناسایی بخشی از پیوستگی‌های کاذب که ممکن است به دلیل تفاوت در ساختار جمعیت باشد ممانعت به عمل آید (۱۳).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

جدول ۵- نتایج تجزیه ارتباطی شامل سطح معنی‌داری (P) و ضریب تبیین (R2) بین نشانگرهای ریزماهواره و صفات مختلف در شرایط نرمال در دو منطقه

Table 5. The result of association analysis including level of significance (P) and coefficient of determination (R2) between SSR markers and different traits in non-stress condition in two locations

صفت	نشانگر	گنبد						رشت			
		MLM مدل† ۱		MLM مدل ۲		GLM مدل ۳		MLM مدل ۱		MLM مدل ۲		GLM مدل ۳	
		R^2	P	R^2	P	R^2	P	R^2	P	R^2	P	R^2	P
تعداد کل غلاف در بوته	Satt471	-	-	-	-	۰/۱۰۹	۰/۰۰۳	-	-	-	-	۰/۶۶	۰/۰۴۵
	Sat_418	-	-	-	-	۰/۱۰۳	۰/۰۴۹	-	-	-	-	۰/۱۱۸	۰/۰۱۸
	Satt454	۰/۱۳۰	۰/۰۱۰	۰/۱۴۰	۰/۰۰۸	۰/۱۸۱	۰/۰۰۰	۰/۱۳۶	۰/۰۲۳	۰/۱۶۱	۰/۰۰۳	۰/۱۲۵	۰/۰۰۲
	Sat_292	-	-	-	-	۰/۱۷۵	۰/۰۰۲	-	-	-	-	۰/۱۱۹	۰/۰۳۳
	Sat_345	۰/۱۲۰	۰/۰۱۶	۰/۱۲۰	۰/۰۱۸	۰/۱۳۶	۰/۰۰۹	۰/۰۵۲	۰/۰۴۷	۰/۰۵۸	۰/۰۳۶	۰/۰۵۱	۰/۰۴۶
	Satt154			۰/۰۵۴	۰/۰۴۵	۰/۰۹۸	۰/۰۳۳	-	-	-	-	-	-
	Satt287					۰/۰۸۵	۰/۰۳۲	-	-	-	-	-	-
تعداد دانه در هر غلاف	Satt454	-	-	۰/۱۲۷	۰/۰۰۴	۰/۱۰۲	۰/۰۱۴	-	-	۰/۰۸۳	۰/۰۴۹	۰/۱۰۳	۰/۰۴۰
	Satt471	-	-	-	-	۰/۱۱۹	۰/۰۳۰	-	-	-	-	۰/۱۱۰	۰/۰۲۷
	Sat_345	-	-	۰/۰۸۵	۰/۰۳۲	۰/۰۷۹	۰/۰۲۴	-	-	۰/۰۹۰	۰/۰۱۶	۰/۰۹۴	۰/۰۱۶
	Satt287	-	-	-	-	۰/۱۱۰	۰/۰۲۷	-	-	-	-	۰/۰۹۱	۰/۰۳۷
تعداد دانه در کل بوته	Satt454	-	-	۰/۱۲۰	۰/۰۱۶	۰/۱۰۲	۰/۰۰۶	-	-	۰/۱۱۰	۰/۰۱۴	۰/۰۹۲	۰/۰۱۰
	Satt471	-	-	-	-	۰/۱۳۳	۰/۰۰۵	-	-	-	-	۰/۱۰۶	۰/۰۲۲
	Satt572	-	-	-	-	۰/۰۷۹	۰/۰۴۸	-	-	-	-	-	-
	Satt210	۰/۱۶۶	۰/۰۰۱	۰/۱۶۹	۰/۰۰۱	۰/۱۷۷	۰/۰۰۰	۰/۱۰۲	۰/۰۳۴	۰/۱۸۲	۰/۰۰۶	۰/۱۶۲	۰/۰۱۰
وزن کل بوته	Sat_091	۰/۰۶۲	۰/۰۳۴	۰/۰۹۵	۰/۰۲۲	۰/۱۰۶	۰/۰۱۷	۰/۰۵۲	۰/۰۴۴	۰/۰۹۰	۰/۰۲۱	۰/۱۱۶	۰/۰۱۳
	Satt142	-	-	-	-	۰/۱۳۰	۰/۰۲۳	-	-	۰/۱۱۳	۰/۰۱۲	۰/۰۹۸	۰/۰۴۸
	Satt471	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۰۸۶	۰/۰۴۲	۰/۰۶۷	۰/۰۴۶
	Satt418	-	-			۰/۱۷۵	۰/۰۰۷	-	-	-	-	۰/۱۰۲	۰/۰۰۶
	Satt312	-	-	۰/۱۱۷	۰/۰۱۳	۰/۱۶۳	۰/۰۱۱	-	-	۰/۰۷۹	۰/۰۲۶	۰/۱۰۶	۰/۰۲۲
وزن کل غلاف‌ها در بوته	Satt471	-	-	۰/۱۰۶	۰/۰۱۸	۰/۱۱۷	۰/۰۱۳	-	-	۰/۱۱۳	۰/۰۱۲	۰/۰۸۳	۰/۰۴۸
	Satt454	۰/۱۲۲	۰/۰۱۹	۰/۱۰۷	۰/۰۳۲	۰/۱۵۴	۰/۰۰۲	۰/۱۴۵	۰/۰۲۴	۰/۱۳۳	۰/۰۳۵	۰/۱۰۷	۰/۰۳۲
	Satt142	۰/۱۲۰	۰/۰۳۸	۰/۱۲۷	۰/۰۲۶	۰/۱۵۸	۰/۰۰۷	-	-	۰/۱۰۲	۰/۰۰۷	۰/۱۸۲	۰/۰۰۶
	Sat_091	-	-	-	-	۰/۱۲۵	۰/۰۰۱	-	-	-	-	۰/۱۱۷	۰/۰۱۳
	Sat_292	-	-	-	-	۰/۱۱۳	۰/۰۱۰	-	-	-	-	۰/۰۹۴	۰/۰۱۶
	Sat_345	-	-	۰/۱۰۰	۰/۰۱۸	۰/۰۹۵	۰/۰۲۲	-	-	۰/۱۰۶	۰/۰۱۷	۰/۱۲۵	۰/۰۰۶
وزن دانه در کل غلاف‌ها در بوته	Satt471	-	-	-	-	۰/۰۶۷	۰/۰۴۶	-	-	-	-	۰/۰۶۸	۰/۰۴۳
	Satt454	۰/۱۰۷	۰/۰۰۸	۰/۰۹۶	۰/۰۱۲	۰/۱۱۳	۰/۰۱۲	۰/۱۱۵	۰/۰۳۱	۰/۱۴۸	۰/۰۰۵	۰/۰۹۹	۰/۰۳۵
	Satt572					۰/۱۱۱	۰/۰۰۹	-	-	-	-	۰/۱۰۱	۰/۰۲۱
	Satt142	-	-	-	-	۰/۱۳۳	۰/۰۰۶	-	-	-	-	۰/۱۴۵	۰/۰۱۲
	Satt210	-	-	-	-	۰/۲۲۱	۰/۰۰۰	-	-	-	-	۰/۰۹۸	۰/۰۴۲
	Sat_345	-	-	-	-	۰/۱۳۶	۰/۰۱۱	-	-	-	-	۰/۰۹۰	۰/۰۲۱
	Sat_292	-	-	۰/۰۹۰	۰/۰۳۳	۰/۰۸۶	۰/۰۲۰	۰/۱۸۹	۰/۰۰۴	۰/۱۴۵	۰/۰۱۲	۰/۱۱۵	۰/۰۴۸
وزن ۱۰۰ دانه	Sat_292	۰/۰۸۴	۰/۰۰۸	۰/۰۸۶	۰/۰۰۷	۰/۰۹۶	۰/۰۰۲	۰/۰۶۵	۰/۰۲۳	۰/۰۷۶	۰/۰۱۳	۰/۰۷۶	۰/۰۱۰
	Satt454	-	-	-	-	۰/۱۰۳	۰/۰۲۰	-	-	-	-	۰/۰۸۱	۰/۰۳۸
	Satt142	-	-	-	-	۰/۱۷۶	۰/۰۰۳	-	-	-	-	۰/۱۷۶	۰/۰۰۱
	Sat_345	-	-	-	-	۰/۱۴۸	۰/۰۱۱	-	-	-	-	۰/۱۱۰	۰/۰۲۷

† توضیح مدل‌های ۱ تا ۳ در جدول ۲ ارائه شده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

جدول ۶- نتایج تجزیه ارتباطی شامل سطح معنی‌داری (P) و ضریب تبیین (R^2) بین نشانگرهای ریزماهواره و صفات مختلف در شرایط تنش خشکی در دو منطقه

Table 6. The result of association analysis including level of significance (P) and coefficient of determination (R2) between SSR markers and different traits in stress condition in two locations

صفت	نشانگر	گنبد کاووس						رشت			
		MLM مدل† ۱		MLM مدل ۲		GLM مدل ۳		MLM مدل ۱		MLM مدل ۲		GLM مدل ۳	
		R2	P	R2	P	R2	P	R2	P	R2	P	R2	P
تعداد کل غلاف در بوته	Sat_345	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۱۰۵	۰/۰۱۴	۰/۱۲۶	۰/۰۰۶
	Satt339	۰/۰۹۷	۰/۰۱۲	۰/۰۸۱	۰/۰۲۶	۰/۰۷۹	۰/۰۴۹	۰/۰۷۱	۰/۰۳۵	۰/۰۹۴	۰/۰۱۴	۰/۰۷۹	۰/۰۳۸
	Satt249	-	-	-	-	۰/۱۳۱	۰/۰۱۳	۰/۱۰۷	۰/۰۲۵	۰/۱۵۲	۰/۰۰۵	۰/۱۱۵	۰/۰۱۱
	Satt478	-	-	-	-	۰/۱۲۵	۰/۰۱۹	-	-	۰/۱۳۶	۰/۰۲۳	۰/۱۱۷	۰/۰۳۶
	Satt458	۰/۰۷۱	۰/۰۳۲	۰/۰۹۱	۰/۰۲۸	۰/۱۴۱	۰/۰۱۴	۰/۰۷۵	۰/۰۳۸	۰/۱۲۳	۰/۰۱۶	۰/۰۹۷	۰/۰۴۹
تعداد دانه در هر غلاف	Satt339	۰/۱۰۲	۰/۰۳۴	۰/۱۳۱	۰/۰۲۲	۰/۰۸۴	۰/۰۲۲	۰/۰۷۹	۰/۰۲۴	۰/۰۹۰	۰/۰۱۶	۰/۰۹۴	۰/۰۱۶
	Satt249	-	-	۰/۱۰۶	۰/۰۳۵	۰/۱۴۲	۰/۰۱۴	-	-	-	-	۰/۱۱۰	۰/۰۲۷
	Sat_343	-	-	-	-	۰/۱۴۵	۰/۰۱۲	-	-	-	-	۰/۱۱۹	۰/۰۳۰
	Satt458	-	-	-	-	۰/۱۲۹	۰/۰۲۴	۰/۰۸۸	۰/۰۵۰	۰/۰۹۲	۰/۰۴۱	۰/۰۹۱	۰/۰۳۷
تعداد دانه در کل بوته	Sat_343	-	-	-	-	۰/۰۹۸	۰/۰۵۰	-	-	-	-	۰/۰۸۸	۰/۰۳۸
	Sat_345	-	-	-	-	۰/۱۱۹	۰/۰۱۹	-	-	۰/۱۰۵	۰/۰۱۵	۰/۱۴۹	۰/۰۰۲
	Satt339	۰/۰۹۸	۰/۰۵۰	۰/۱۰۲	۰/۰۳۹	۰/۱۵۲	۰/۰۰۲	۰/۰۹۷	۰/۰۲۲	۰/۱۰۶	۰/۰۱۷	۰/۱۱۲	۰/۰۱۵
	Sat_091	-	-	-	-	۰/۱۰۹	۰/۰۲۹	-	-	-	-	۰/۱۱۲	۰/۰۲۹
	Satt249	-	-	-	-	۰/۱۴۳	۰/۰۰۷	-	-	۰/۱۱۷	۰/۰۲۱	۰/۰۹۵	۰/۰۳۸
	Satt454	-	-	۰/۱۰۲	۰/۰۳۴	۰/۱۳۵	۰/۰۱۰	-	-	-	-	۰/۱۲۷	۰/۰۰۷
	Satt458	-	-	-	-	۰/۱۱۱	۰/۰۴۸	-	-	۰/۱۰۴	۰/۰۱۹	۰/۱۲۵	۰/۰۱۵
وزن کل بوته	Sat_345	-	-	۰/۰۹۵	۰/۰۴۹	۰/۱۰۱	۰/۰۴۱	۰/۱۰۵	۰/۰۱۶	۰/۰۹۸	۰/۰۲۴	۰/۱۳۴	۰/۰۰۵
	Satt339	-	-	۰/۱۱۲	۰/۰۴۵	۰/۰۶۴	۰/۰۲۵	۰/۱۲۳	۰/۰۰۷	۰/۱۱۸	۰/۰۱۰	۰/۱۴۱	۰/۰۰۳
	Sat_091	-	-	۰/۱۲۱	۰/۰۰۸	۰/۱۴۱	۰/۰۰۷	۰/۰۹۵	۰/۰۴۸	۰/۱۲۶	۰/۰۱۴	۰/۱۰۶	۰/۰۴۰
	Satt454	-	-	۰/۱۲۱	۰/۰۰۸	۰/۱۱۳	۰/۰۳۴	-	-	۰/۰۷۲	۰/۰۳۷	۰/۰۸۳	۰/۰۳۶
	Satt648	-	-	-	-	۰/۱۳۱	۰/۰۲۲	-	-	۰/۱۱۴	۰/۰۴۳	۰/۱۲۵	۰/۰۰۴
وزن کل غلاف‌ها در بوته	Sat_345	-	-	-	-	۰/۰۹۰	۰/۰۳۶	-	-	۰/۱۱۲	۰/۰۱۰	۰/۱۲۱	۰/۰۱۰
	Satt339	-	-	-	-	۰/۱۴۱	۰/۰۱۴	-	-	۰/۱۰۵	۰/۰۱۴	۰/۱۳۲	۰/۰۰۵
	Satt648	-	-	-	-	۰/۱۰۳	۰/۰۴۲	-	-	۰/۱۲۳	۰/۰۰۲	۰/۱۲۸	۰/۰۰۳
	Satt454	-	-	۰/۱۴۲	۰/۰۰۷	۰/۱۶۶	۰/۰۰۱	-	-	۰/۱۱۲	۰/۰۱۰	۰/۱۳۶	۰/۰۱۲
	Sat_091	-	-	-	-	۰/۱۰۶	۰/۰۳۵	-	-	-	-	۰/۱۰۷	۰/۰۲۱
	Satt142	-	-	-	-	۰/۱۲۳	۰/۰۳۱	-	-	-	-	۰/۱۲۸	۰/۰۰۷
وزن دانه در کل غلاف‌ها در بوته	Sat_345	-	-	۰/۱۴۱	۰/۰۰۷	۰/۰۶۴	۰/۰۲۵	-	-	۰/۱۱۷	۰/۰۰۸	۰/۱۱۷	۰/۰۱۰
	Satt339	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۱۷۲	۰/۰۰۱	۰/۱۵۰	۰/۰۰۱
	Satt142	-	-	-	-	۰/۱۲۸	۰/۰۰۷	-	-	۰/۱۱۸	۰/۰۲۰	۰/۱۲۷	۰/۰۲۵
	Satt454	۰/۱۸۳	۰/۰۰۱	۰/۱۴۸	۰/۰۰۵	۰/۱۸۳	۰/۰۰۰	۰/۱۵۴	۰/۰۰۱	۰/۱۱۷	۰/۰۴۴	۰/۰۹۰	۰/۰۳۶
	Satt317	۰/۱۰۱	۰/۰۴۳	۰/۱۱۵	۰/۰۲۳	۰/۱۵۱	۰/۰۰۴	-	-	۰/۱۱۴	۰/۰۴۳	۰/۱۱۰	۰/۰۲۰
	Sat_292	-	-	-	-	۰/۱۲۱	۰/۰۰۸	-	-	۰/۱۳۳	۰/۰۰۵	۰/۱۰۹	۰/۰۱۹
	Satt648	-	-	-	-	۰/۱۱۸	۰/۰۴۱	-	-	-	-	۰/۱۶۵	۰/۰۰۱
وزن ۱۰۰ دانه	Sat_345	۰/۱۱۰	۰/۰۵۰	۰/۰۹۳	۰/۰۴۸	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۶۳	۰/۰۲۷	۰/۰۶۹	۰/۰۱۹	۰/۰۷۲	۰/۰۱۲
	Satt454	-	-	۰/۰۶۴	۰/۰۲۶	۰/۱۳۴	۰/۰۰۵	۰/۱۴۴	۰/۰۰۱	۰/۱۰۷	۰/۰۳۴	۰/۱۲۸	۰/۰۰۹
	Satt458	-	-	-	-	۰/۱۱۶	۰/۰۱۰	-	-	-	-	۰/۱۳۳	۰/۰۱۳
	Sat_292	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۱۰۴	۰/۰۱۹
	Satt339	-	-	-	-	۰/۱۱۶	۰/۰۲۲			-	-	۰/۰۹۷	۰/۰۲۷

† توضیح مدل‌های ۱ تا ۳ در جدول ۲ ارائه شده است.

از بین نشانگرهای معنی‌دار برای صفات تعداد غلاف و تعداد دانه در غلاف و کل بوته در محیط نرمال، نشانگرهای Satt454، Satt345 و Satt210 تاثیرگذارتر از سایر نشانگرها بودند و غالباً در هر سه مدل معنی‌دار شناسایی شدند. از بین نشانگرهای معنی‌دار برای صفات مرتبط با وزن بوته، غلاف و دانه در غلاف در این محیط نشانگرهای Sat_292، Satt454، Satt142 و Satt345 برای اکثر صفات معنی‌دار برآورد شدند که می‌تواند نشانه‌ای بر وجود پلیوتروپی یا پیوستگی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات باشد. بالاترین درصد توجیه تغییرات صفات مربوط به نشانگر Sat_292 بود که نزدیک به ۱۹ درصد از تغییرات وزن دانه در کل غلاف‌ها در بوته را تبیین نمود.

در محیط تحت تنش خشکی مهم‌ترین و تاثیرگذارترین نشانگرها برای صفات تعداد غلاف و تعداد دانه در غلاف و کل بوته عبارت بودند از Satt339، Satt249 و Satt458 که برای هر سه صفت غالباً در هر سه مدل معنی‌دار شناسایی شدند و از سوی دیگر این نشانگرها در محیط نرمال با هیچ کدام از صفات ارتباط معنی‌دار نداشتند. برای صفات مرتبط با وزن بوته، غلاف و دانه در غلاف در محیط تحت تنش نشانگرهای Satt345، Satt339 و Satt454 برای هر چهار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

صفت معنی‌دار شناسایی شدند. بالاترین درصد توجیه تغییرات به نشانگر Satt454 اختصاص داشت که بیش از ۱۸ درصد از تغییرات وزن دانه در کل غلاف‌های بوته را توجیه نمود. بدیهی است احتمال می‌رود این نشانگرها بتوانند کاندیدای بسیار مناسب و امیدوارکننده در برنامه‌های به نژادی تحمل به تنش خشکی مثل انتخاب به کمک نشانگر در سویا باشند. این نشانگرها در تحقیقات پیشین (۹،۶،۸) نیز به عنوان نشانگرهای پیوسته به صفات مرتبط با تحمل به خشکی معرفی شدند. همچنین در برخی از این مطالعات (۹) اعتبارسنجی QTLها نیز با انجام آزمایش در مزرعه و گلخانه صورت گرفت. در این پژوهش که با بررسی ۱۸۴ لاین خویش آمیخته نوترکیب حاصل تلاقی Kefeng1 و Nannong1138-2 تحت شرایط تنش کمبود آب و شرایط نرمال در مزرعه و گلخانه انجام شد تعداد ۱۹QTL در ارتباط با عملکرد دانه در بوته در هر دو شرایط تنش و نرمال و تعداد ۱۰ QTL در ارتباط با شاخص حساسیت به خشکی شناسایی شد. نشانگرهای پیوسته به این QTLها که با نشانگرهای معنی‌دار در پژوهش حاضر مشترک بود عبارت بودند از Sat-345، Satt142، Satt249 و Satt458 که از نشانگرهای مهم شناسایی شده در محیط تحت تنش بودند. آنها اظهار داشتند شناسایی QTLهای مشترک برای عملکرد دانه در بوته و شاخص حساسیت به خشکی در چند محیط مختلف می‌تواند به طور قابل توجهی باعث بهبود بازده انتخاب در شرایط تنش خشکی در سویا باشد. در مطالعه دیگری با استفاده از همان جمعیت، ۱۷ QTL برای صفات مرتبط با وضعیت آب برگ در شرایط تنش خشکی در مزرعه و گلخانه ردیابی شد. دو QTL برای ضریب پژمردگی برگ (بر روی گروه پیوستگی A2 در حدفاصل نشانگرهای Satt589-BE820148 و I-AW132402) و یک QTL برای صفت میزان از دست دادن آب در برگ قطع شده بود (بر روی گروه پیوستگی H در حدفاصل نشانگرهای Satt317-Satt142) به صورت پایدار در هر دو شرایط مزرعه و گلخانه وجود داشتند (۸). در مقایسه با پژوهش حاضر هر دو نشانگر Satt317 و Satt142 از جمله نشانگرهای معنی‌دار در چند مدل برای صفت وزن دانه در کل بوته در شرایط تنش بودند.

همچنین در پژوهش دیگری با استفاده از لاین‌های اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی PI416937 و 'Benning' اقدام به شناسایی QTLهای مرتبط با خشکی و هدایت هیدرولیکی محدودشده در برگ سویا شد و چهار QTL در مجاورت نشانگرهای Satt339، Satt300، Satt478 و Satt175 شناسایی شدند که با چند صفت در ارتباط بودند (۶). در مقایسه با تحقیق حاضر، نشانگر Satt339 برای اکثر صفات مربوط به عملکرد در هر دو منطقه و غالباً در هر سه مدل معنی‌دار برآورد شد. همچنین نشانگر Satt300 در مجاورت نشانگر Satt454 بر روی گروه لینکاژی A1 قرار دارد که در پژوهش حاضر به عنوان یکی از مؤثرترین نشانگرهای مرتبط با اکثر صفات در هر دو محیط شناسایی شد.

طبق نتایج بدست آمده از مطالعات پیشین، برخی نشانگرهای معنی‌دار در تحقیق حاضر مثل Satt458، برای صفاتی مثل کارایی فسفر و صفات مرتبط با ریشه (۱۹)، نشانگر Satt091 برای وزن غلاف و وزن خشک گیاه (۳۲) به عنوان نشانگرهای پیوسته به QTL معرفی شدند. همچنین در پژوهشی که به منظور شناسایی QTLهای پایدار، با استفاده از مکان‌یابی به کمک چند زمینه ژنتیکی به همراه ارزیابی در چند محیط انجام شد، محققین به کمک دو جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب سویا مشتق از تلاقی ارقام ژاپنی و آمریکایی Ohsuzu × Athow (PI 595926) و Stressland (PI 593654) × Tachinagaha (PI 561396) برنامه مکان‌یابی QTL را در دو منطقه آکیتا و کیوتو در ژاپن در طی سال‌های ۲۰۰۷ تا ۲۰۱۱ به انجام رساندند. در نهایت یک QTL بزرگ اثر (qSw17-1) ارزشمند و پایدار برای وزن تک دانه بر روی کروکوزوم ۱۷ و در حدفاصل نشانگرهای Sat_292 و Sat_284 شناسایی شد. این QTL توانست (در محیط‌های مختلف) بین ۹/۴ تا ۲۰/۹ درصد از تغییرات فنوتیپی وزن تک دانه را با یک اثر الل غالب برای افزایش وزن دانه، توجیه نماید (۱۴). نشانگر Sat_292 در تحقیق حاضر به عنوان یکی از نشانگرهای مهم تأثیرگذار در صفات مرتبط با وزن دانه در شرایط نرمال شناسایی شد که می‌تواند دال بر اعتبار و اهمیت این ناحیه ژنومی در کنترل این صفت باشد.

نشانگرهایی که پیوستگی آنها با QTLهای کنترل‌کننده صفات موردنظر در زمینه‌های ژنتیکی مختلف به تایید رسیده باشد، به عنوان کاندید ارزشمند برای انتخاب به کمک نشانگر در راستای بهبود صفت محسوب می‌شوند. این روش، انتخاب را برای به ویژه صفاتی که اندازه‌گیری پرهزینه، زمان‌بر و مشکل دارند تسریع می‌بخشد. نشانگرهای Satt454، Satt345، Satt210، Sat_292، Satt142، Satt339، Satt249 و Satt458 که در پژوهش‌های پیشین به عنوان نشانگرهای پیوسته به صفات مرتبط با تحمل به تنش خشکی معرفی شده بودند در زمینه ژنتیکی مورد استفاده در این پژوهش نیز به تایید رسیدند و به عنوان مهمترین و تاثیرگذارترین نشانگرها تعیین شدند. همچنین تعدادی از نشانگرها در هیچ کدام از شرایط برای هیچ کدام از صفات معنی‌دار برآورد نشدند و این می‌تواند نشاندهنده اهمیت کمتر این نشانگرها در این زمینه ژنتیکی باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

منابع

1. Alizadeh, A. 2011. Soil, Water, Plant Relationship. Ferdowsi University of Mashhad, Iran, 722 pp (In Persian).
2. Arzani, A. 2011. Breeding Field Crops-Fourth Edition. Isfahan University of Technology Publication Center, 627 pp (by John Milton; Sleper, David Allen Poehlman).
3. Bhatnagar, S.C., A. King, L. Purcell and J.D. Ray. 2005. Identification and Mapping of Quantitative Trait Loci Associated with Crop Responses to Water-deficit Stress in Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. International annual meeting, 18-25 pp. Salt Lake City, UT.
4. Bradbury, P.J., Z. Zhang, D.E. Kroon, T.M. Casstevens, Y. Ramdoss and E.S. Buckler. 2007. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. Bioinformatics. 23: 2633-2635.
5. Burton, J. and L. Miranda. 2013. Soybean Improvement: Achievements and Challenges. Ratarstvo i Povrtarstvo, 50: 44-51.
6. Carpentieri-Pipolo, V., A. Pipolo, H. Abdel-Haleem, H. Boerma and T. Sinclair. 2012. Identification of QTLs associated with limited leaf hydraulic conductance in soybean. Euphytica, 186: 679-686.
7. Dong, D., X. Fu, F. Yuan, P. Chen, S. Zhu, B. Li, Q. Yang, X. Yu and D. Zhu. 2014. Genetic diversity and population structure of vegetable soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) in China as revealed by SSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 61: 173-183
8. Du, W.J., S.X. Fu and D.Y. Yu. 2009a. Genetic analysis for the leaf pubescence density and water status traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. Plant Breeding, 128: 259-265.
9. Du, W.J., M. Wang, S. Fu and D. Yu. 2009b. Mapping QTLs for seed yield and drought susceptibility index in soybean (*Glycine max* L.) across different environments. Journal of Genetics and Genomics, 36: 721-731.
10. Evanno, G., E. Reganut and J. Goudet. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology 14: 2611-2620.
11. FAO. 2014. Food Agriculture Organization statistics on line. http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor
12. Faraji. A. 2014. Evaluation the Response of Soybean (Glycin Max L.) Genotypes to Drought Stress. Journal of crop breeding, 6: 27-40 (In Persian).
13. Gupta, P.K., S. Rustgi and P.L. Kulwal. 2005. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. Plant Molecular Biology, 57: 461-485.
14. Kato, S., T. Sayama, K. Fujii, S. Yumoto, Y. Kono, T.Y. Hwang, A. Kikuchi, Y. Takada, Y. Tanaka, T. Shiraiwa. 2014. A major and stable QTL associated with seed weight in soybean across multiple environments and genetic backgrounds. Theoretical and Applied Genetics, 127: 1365-1374.
15. Lee, GA, Y.M. Choi, J.Y. Yi, J.W. Chung, M.C. Lee, K.H. Ma, S.Y. Lee, J.W. Cho and J.R. Lee. 2014. Genetic Diversity and Population Structure of Korean Soybean Collection Using 75 Microsatellite Markers. Korean Journal of Crop Science, 59: 492-497.
16. Lee, JD, T.D. Vuong, H. Moon, J.K. Yu, R. Nelson, H.T. Nguyen and J.G. Shannon. 2011. Genetic diversity and population structure of Korean and Chinese soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] accessions Crop Science, 51: 1080-1088.
17. Li, D., T.W. Pfeiffera and P.L. Corneliusb. 2008. Soybean QTL for yield and yield components associated with glycine soja alleles. Crop Science Society of America, 48: 571-581.
18. Li, Y.H., M.J.M. Smulders, R.Z. Chang and L.J. Qiu. 2011. Genetic diversity and association mapping in a collection of selected Chinese soybean accessions based on SSR marker analysis. Conservation Genetics, 12: 1145-1157.
19. Lian, Q., C. Xiaohui, M. Mantong, Y. Xiaolong and L. Hong. 2010. QTL analysis of root traits as related to phosphorus efficiency in soybean. Annals of Botany, 106: 223-234.
20. Malekmohamad, Z., H. Sabori, A. Biabani and E. Hezarjaribi. 2016. Study of genetic diversity of soybean (Glycine max) using ISSR markers. Journal of crop breeding, 8: 124-133 (In Persian).
21. Monteros, M.J., G. Lee, A.M. Missaoui, T.E. Carter and H.R. Boerma. 2006. Identification and confirmation of QTL conditioning drought tolerance in Nepalese soybean. The 11th Biennial Conference on the Molecular and Cellular Biology of the Soybean, Abstract PI471938. Lincoln, USA.
22. Nicholas, F.W. 2006. Discovery, validation, and delivery of DNA markers. Australian Journal of Experimental Agriculture, 46: 155-158.
23. Pathan, M.S., J.D. Lee, J.G. Shannon and H.T. Nguyen .2007. Recent advances in breeding for drought and salt stress tolerance in soybean. *In*: Advances in molecular-breeding toward drought and salt tolerant crops. Jenks MA, Hasegawa PM and Jain SM (eds), Springer USA.
24. Pocovi, M.I. and J.A. Mariotti. 2015. A bayesian approach to inferring the genetic population structure of sugarcane accessions from INTA (Argentina). Chilean journal of agricultural research. 75: 152-159.
25. Pritchard, J.K., M. Stephens and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155: 945-959.
26. Saghai Maroof, M.A., R.M. Biyashev, G.P. Yang, Q. Zhang and R.W. Allard. 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barely species diversity, chromosomal location, and population dynamics, proceeding of the National Academy of Sciences. USA. 91: 5466-5570.
27. Samnonsa, D.J., D.B. Peters and T. Himowitz. 1979. Screening soybeans for drought resistance. II. Drought box procedure. Crop Science, 19: 719.
28. Samnonsa, D.J., D.B. Peters and T. Himowitz .1980. Screening soybeans for tolerance to moisture stress: a field procedure. Field Crop Research, 3: 321.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

29. Sanguinetti, C.J., E. Dias Neto and A.J.G. Simpson. 1994. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. Biotechniques, 17: 915-919.
30. Shannon, C.E. and W. Weaver. 1963. The mathematical theory of communication. University of Illinois Press, Urbana, Ill.
31. Soliman-Mona, M. 2003. Effect of some irrigation region on water consumptive use on growth analysis for some soybean cultivars. Agric. Mansora Univ. Journal of Agricultural Science, 28: 4849-4258.
32. Vieira, A.J.D., D.A.D.E. Oliveira, T.C.B. Soares, I. Schuster, N.D. Piovesan, C.A. Martínez, E.G.D.E. Barros and M.A. Moreira. 2006. Use of the QTL approach to the study of soybean trait relationships in two populations of recombinant inbred lines at the F7 and F8 generations. Brazilian Journal of Plant Physiology, 18: 281-290.
33. Vu Hang, T.T., A. Kilian, A.T. James, L.M. Bielig and R.J. Lawn. 2015. Use of DArT molecular markers for QTL analysis of drought-stress responses in soybean. II. Marker identification and QTL analyses. Crop and Pasture Science, 66: 817-830.
34. Yeh, F.C., R.C. Yang, T.B.J. Boyle, Z.H. Ye and J.X. Mao. 1997. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Alberta, Canada.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]

Validation of Candidate Markers Drought Tolerance in Soybean Genotypes under Normal and Drought Stress Condition

Ahmad Reza Dadras[1], Habibollah Samizadeh[2] and Hossein Sabouri[3]

1- Former Ph. D. Student, University of Guilan and Research Assistant Professor, Zanjan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center
2- Associate Professor, University of Guilan (Corresponding author: hsamizadeh@yahoo.com)
3- Associate Professor, Gonbad-Kavous University
Received: August 23, 2015 Accepted: October 31, 2015

Abstract

The validity test of the linked markers to identified QTLs is as a necessary step before performing marker assisted selection. In the present study were conducted validity test of 21 microsatellite markers associated to drought tolerance using 121 soybean varieties and advanced lines and planting in two condition normal and under drought stress at two regions Rasht and Gonbad-Kavous. In investigation of population genetic diversity, the average of allele number per marker, 5.53 alleles and average of polymorphic information content (PIC), Nei genetic diversity coefficient (H) and Shannon index (I) were estimated 0.73, 0.77 and 1.57 respectively that high values of these statistics shows their ability to separate studied varieties and lines. The structure and cluster analysis based on bayesian approach and neighbor joining method assigned the cases to three subpopulation and three groups respectively. The association analysis between microsatellite markers and yield related traits using GLM and MLM by three statistic models revealed Satte454, Satt345, Satte210, Sat_292, Satt142, Satt339, Satt249 and Satt458 were confirmed in this genetic background and identified as the most effective markers. The highest percent of variation explanation were dedicated to Sat_292 and Satt454 with more than 18 percent variation explanation of seed weight in all plant pods in normal and drought condition respectively.

Keyword: Cluster analysis, Genetic diversity, Marker assisted selection, Microsatellite, Structure analysis

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.1]