

تجزیه ارتباط رگرسیونی صفات مرتبط با عملکرد نشانگرهای مولکولی RAPD در پسته (*P. vera L.*)

سعید میرزاچی^{۱*} - مهدی رحیمی^۲ - علی تاج آبادی پور^۳ - مسعود بهار^۴ - بهرام شریف نبی^۵

تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۱۲/۱۱

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۵/۰۶

چکیده

با بکارگیری نشانگرهای مولکولی، اصلاح گیاهان با سرعت و سهولت بیشتری انجام می‌گیرد و انتخاب والدین برای تلاقي های بعدی در برنامه‌های اصلاحی با اطمینان بیشتری انجام می‌گیرد. در دسترس بودن تعداد بسیار زیادی از نشانگرهای و صفات مورفو‌لوژیکی می‌تواند به مطالعه تجزیه رگرسیونی بین این نشانگرهای و صفات مورفو‌لوژیکی کمک نماید. در این تحقیق، ارتباط صفات مرتبط با عملکرد در ۲۰ ژنوتیپ پسته با استفاده از ۱۵ آغازگر RAPD مورد بررسی قرار گرفت. در نهایت ۱۱ آغازگر چندشکلی نشان دادند و مجموعاً ۵۵ قطعه (لوکوس) را تکثیر کردند که از این بین ۳۶ قطعه (۶۴/۲۹ درصد) چندشکلی را با میانگین ۵/۰ به ازای هر پراپر نشان دادند و میزان این چندشکلی از حداقل ۲۵ درصد برای آغازگر AJ05 تا حداقل ۸۷/۵ درصد برای آغازگر OPAD02 متغیر بود. میانگین محتوای اطلاعاتی حاصل از چند شکلی برای جایگاه‌ها ۰/۲۳ و از ۰/۰۹۵ (AJ05) و ۰/۰۹۰ (OPC05) تا ۰/۰۲۹ (OPAD14) متفاوت بود. برای شناسایی نشانگرهای مثبت مرتبط با صفات اجزای عملکرد، تجزیه رگرسیون گام به گام بین داده‌های مولکولی به عنوان متغیرهای مستقل و صفات مورد مطالعه به عنوان متغیرهای وابسته انجام گرفت. نوزده قطعه RAPD با شش صفت مرتبط با عملکرد ارتباط داشتند. بعضی از نشانگرهای RAPD با بیشتر از یک صفت در تجزیه رگرسیون چندگانه ارتباط داشت که می‌تواند به خاطر اثر پلیوتروپیک مکان‌های صفات کمی بر روی صفات مختلف یا پیوستگی ژن‌های مختلف باشد. برای درک این موضوع تهیه نسل‌های در حال تفرق و نقشه‌های پیوستگی ضروری می‌باشد. همچنین این نتایج می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی انتخاب به کمک نشانگر هنگامی که هیچ اطلاعات ژنتیکی در دسترس نیست، مفید باشد.

واژه‌های کلیدی: آغازگر چندشکل، رگرسیون گام به گام، متغیر مستقل

رشد در خاک‌های ضعیف از خصوصیات این گیاه است (۱۹).

جنس پسته *Pistacia* از خانواده Anacardiaceae و شامل ۱۱ گونه است که فقط *P. vera L.* دارای میوه‌های خندان و از لحاظ تجاری دارای اهمیت می‌باشد (۸). اعتقاد بر این است که قدیمی‌ترین گونه موجود در این جنس، گونه *P. vera* می‌باشد و گونه‌های دیگر احتمالاً از آن مشتق شده‌اند (۲۴). کشور ایران منشأ پسته اهلی بوده به طوری که بیشترین تنوع ژنتیکی در ارتباط با ارقام پسته در ایران وجود دارد. آمار متناقضی در مورد تعداد ارقام پسته موجود در ایران وجود دارد. طبق آمار منتشر شده توسط موسسه تحقیقات پسته، تعداد ارقام موجود در ایران بیش از ۷۰ رقم می‌باشد. اگر چه بعضی از محققین عقیده دارند که برخی ارقام از لحاظ ژنتیکی یکسان می‌باشند و تعداد ارقام موجود در ایران کمتر از میزان اعلام شده است. دستیابی به منابع ژنتیکی پسته، تعیین و شناسایی صفات، خصوصیات رویشی و زایشی ارقام و فنوتیپ‌های این گیاه، اولین گام در زمینه اصلاح پسته است

مقدمه
پسته یکی از مهمترین محصولات باگی ایران است که سهم زیادی از درآمدهای صادراتی غیربرنفتی کشور را به خود اختصاص داده است. این گیاه دوپایه، برگ ریز و دارای مرحله نونهالی طولانی بوده و بومی کوههای کم ارتفاع و تپه‌های خشک بیابانهای مرتفع افغانستان، ایران و ترکیه است. تحمل به شوری و خشکی و توانایی

۱ و ۲- استادیاران گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفت و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تكمیلی صنعتی و فناوری پیشرفت، کرمان، ایران

(*)- نویسنده مسئول: (Email: s.mirzaei@kgut.ac.ir)

۳- مریم، پژوهشکده پسته، موسسه تحقیقات علوم باگبانی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رفسنجان، ایران

۴ و ۵- استادان گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران

صفات مرتبط با عملکرد در جمعیت‌های پسته بررسی شده تا در نهایت با انتخاب نشانگرهای مناسب در جهت اصلاح پسته گامی موثر برداشت.

مواد و روش‌ها

برای ارزیابی صفات مرتبط با عملکرد و همچنین آنالیز مولکولی با نشانگر RAPD از ۲۰ ژنوتیپ پسته مطابق با جدول ۱ که از ارقام رایج باغی متعلق به *P. vera* هستند و در ایران کشت می‌شوند، استفاده شد. برای ارزیابی صفات کمیت میوه که در مورد عملکرد و اجزای عملکرد در این گیاه است از منبع (۱۶) استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل طول، عرض و تعداد انشعابات اولیه خوش، تعداد پسته‌های خوش، وزن پسته خشک و وزن پسته‌های خندان خوش بود.

نمونه برگ ژنوتیپ‌های پسته از کلکسیون مؤسسه تحقیقات پسته کشور واقع در رفسنجان تهیه گردید. از هر ژنوتیپ ۵ درخت انتخاب و برگ‌های جوان از آنها بطور جداگانه جمع‌آوری و پس از درج نام و مشخصات هر ژنوتیپ، بطور مجزا بسته‌بندی شد. در هنگام نمونه‌برداری سعی شد برگ‌های سالم و جوان جمع‌آوری شود و برگ‌های صدمه دیده و آفتزده حذف گردد.

کیسه‌های نایلونی حاوی نمونه برگ، داخل فلاسک روی یخ قرار گرفتند و بالافصله به آزمایشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی-دانشگاه صنعتی اصفهان منتقل شدند. در آزمایشگاه نمونه‌ها بعد از انجماد در ازت مایع، درون فریزر -۸۰- درجه‌سانتی‌گراد تا زمان استخراج نگهداری شدند. استخراج DNA به روش CTAB مطابق با روش هورمازا و همکاران (۷) با ایجاد اندکی تغییرات انجام شد.

برای انجام واکنش‌های PCR، از دستورالعمل ویلیامز و همکاران (۲۰) با اندکی تغییرات و در حجم ۲۵ میکرولیتر برای هر واکنش استفاده گردید. در این مطالعه از ۱۵ آغازگر استفاده گردید و در نهایت ۱۱ نشانگری که چندشکلی مناسبی با اکثر ارقام پسته مورد آزمایش نشان دادند، مورد استفاده قرار گرفتند (جدول ۲) و از سری‌های OPA، نشان دادند، مورد استفاده قرار گرفتند (جدول ۲) و از سری‌های OPB، OPC، OPAC، OPAD، OPS، AJ، MG و TIB ساخت شرکت‌های Operon و شرکت آلمانی UBC MOLBIOL بودند. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با دستگاه ترموسایکلر Genius FGEN05TD میکرولیتر ۲۵ در حجم Genius ۰/۰۵ میکرولیتر آغازگر با غلظت ۲۰ میکرومولار، ۰/۰۵ میکرولیتر مخلوط چهار نوکلئوتید (۱۰ میلی مولار)، ۰/۱۵ میکرولیتر آنزیم *Taq* پلیمراز (۵ واحد در میکرولیتر)، ۰/۰۵ میکرولیتر کلرید منیزیم (۲۵ میلی مولار)، ۰/۰۵ میکرولیتر بافر PCR با غلظت ۱۰ برابر (۱۰x) و ۰/۰۸۵ میکرولیتر آب مقطر استریل بود.

(۲). قبل از شناسایی و معرفی روش‌های نوین کار با نشانگرهای مولکولی در ارزیابی روابط بین ژنوتیپ‌ها در یک گونه خاص غالباً صفات مورفوژیک نقش عمده را ایفا می‌نمودند. اخیراً علم بیوتکنولوژی کمک شایانی در تشخیص روابط ژنتیکی و فیلوجنی در اصلاح گیاهان نموده است. نشانگر های مولکولی و صفات مورفوژیک هر دو می‌توانند تکمیل کننده یکدیگر باشند و نمی‌توانند به تنها بزار مفید و سودمندی در روش‌های مختلف اصلاحی محسوب شوند. گزارشات مختلف مبنی بر ارتباط توأم صفات مورفوژیکی و مولکولی با استفاده از روش‌های آماری بیان شده است (۱۳ و ۱۴).

در ۲۰ سال گذشته تلاش اصلی در اصلاح گیاهان تغییر از روش سنتی انتخاب شجره‌ای بر اساس فنوتیپ به انتخاب بر اساس نشانگرهای ژنتیکی با تأکید بر شناسایی صفات کمی (QTL) و انتخاب بر اساس نشانگر (MAS) است. مطالعات موفقیت‌آمیز زیادی بر روی گیاهان زراعی و در جمعیت‌های مختلف (F1, F2, BIL, RIL, NIL) بر این اساس گزارش شده است (۵، ۷ و ۲۳). اکثر مطالعات تجزیه ارتباطی مبتنی بر لینکاز، امکان ردیابی نشانگرهای مختلف مرتبط با صفات مورفوژیکی را مقدور نموده است، ولی اغلب به دلیل فاصله زیاد بین نشانگر و صفت مورفوژیکی، انتخاب به کمک نشانگر (MAS) و همچنین جداسازی و همسانه سازی ژن مورد نظر را مشکل ساخته است و بعلاوه فقط از تعداد کمی ژنوتیپ به عنوان والد برای نقشه یابی ژن‌ها استفاده شده است و در نهایت اثرات متقابل محیط در QTL باعث موفقیت کمی در این روش شده است. برای بهره‌برداری از تنوع موجود در ژرم پلاسم ارزیابی صفات مورفوژیکی و زراعی ضروری است. در مطالعات مبتنی بر تجزیه پیوستگی تعداد کمی از ژنوتیپ‌ها به عنوان والدین جمعیت در حال تفرق برای شناسایی چندشکلی‌های مرتبط با صفات مورد مطالعه غربال می‌شوند که این خود سبب ایجاد محدودیت می‌شود، زیرا ممکن است نشانگرهای شناسایی شده در این والدین برای گرینش به کمک نشانگر در زمینه‌های ژنتیکی والدین و ارقام دیگر مفید نباشد. در دسترس بودن تعداد بسیار زیادی از نشانگرها و صفات مورفوژیکی می‌تواند به مطالعه تجزیه رگرسیونی بین این نشانگرها و صفات مورفوژیکی کمک نماید. در سال‌های اخیر برای غلبه بر این محدودیت‌ها و به عنوان یک جایگزین برای جمعیت‌های برنامه‌ریزی شده، شناسایی ارتباط صفت با نشانگر مولکولی به واسطه ترکیب بین ژرم‌پلاسم‌های موجود با استفاده از روش رگرسیون به وجود آمده است که نه تنها نقشه‌یابی ژن‌ها را با درجه اطمینان بالاتری ممکن می‌سازد، بلکه شناسایی نشانگرهایی که در نقشه‌یابی مبتنی بر لینکاز قابل ردیابی نبودند را مقدور می‌سازد (۲۱ و ۲۲). این روش به طور چشمگیری در گیاهان و به ویژه درختان رو به افزایش است (۸، ۱۱ و ۱۶). در این مطالعه ارتباط نشانگرهای RAPD با

جدول ۱- نام ژنتیپ‌های پسته مورد مطالعه
Table 1- List of studied pistachio genotypes

کد	کد	کد	کد	کد
ژنتیپ	Genotypes	کد	ژنتیپ	Genotypes
PVAK	اکبری	PVKD	راور دو	Xanjari Damghan
Akbari	Ravar 2	PVSD	Sifadini	Sabz-e-Nogh
PVAH	Hsanzadeh	PVOH	Ohadi	Badami Nishkalaghi
AhmadAghaei	Gholamrezaei	PVFR	Fandoghi Riz	Badami Ravar
PVHZ	Ghazvini Zoodras	PVKG	Kaleghochi	Mosaabadi
PVGZ	Iitaliae Zoodras	PVMO	Momtaz	Hasani
PVIZ	Momtaz Tajabadi	PVBZ	Momtaz آبادی	Badami Zarand
PVMT				

متغیرهای مستقل) و داده های کمی (به عنوان متغیر وابسته) با استفاده از رگرسیون چندگانه انجام شد تا نشانگرهای موثر مرتبط با صفات عملکرد و اجزای عملکرد شناسایی شوند. رگرسیون چندگانه با استفاده از روش چند مرحله‌ای و با استفاده از نرم افزار SPSS ورژن ۲۲ انجام شد (۱۵). تجزیه بر پایه مدل چندگانه، که تغییرات در متغیر وابسته (Y میانگین ژنتیپ برای یک صفت کمی) به یکتابع خطی از مجموعه‌ای از متغیرهای مستقل m_j که نشان‌دهنده شرح داده شد (۱۸) RAPD بود (اولین بار به وسیله ویرک و همکاران) (۱۸) نشانگرهای RAPD شد. که در آن b_j نشان‌دهنده ضرایب جزیی رگرسیون است که روابط آزمایشی مشخص بین Y و m_j را نشان می‌دهد. همچنین d نشان‌دهنده خطای بین ژنتیپ‌ها بعد از رگرسیون و e خطای تصادفی Y است که شامل تنواع محیطی نیز می‌شود (۱۸). برای انتخاب متغیرهای مستقل برای تابع رگرسیون، از F با احتمال ۰/۰۴۵ و ۰/۰۹۹ به ترتیب برای وارد کردن و خارج کردن متغیرها استفاده گردید (۳ و ۱۵). نشانگرهای انتخاب شده دوباره به طور مستقل با یک مدل خطی برای تایید معنی داری آماره برای هر یک از نشانگرهای شناسایی شده با رگرسیون چندگانه استفاده شد (۳ و ۱۱).

نتایج و بحث

۱۱ آغازگر چندشکل (جدول ۳) مجموعاً ۵۶ قطعه (لوکوس) را تکثیر کردند که از این بین ۳۶ قطعه (۶۴/۲۹ درصد) چندشکلی را با میانگین ۵/۰۹ الی به ازای هر آغازگر نشان دادند و میزان این چندشکلی از حداقل ۲۵ درصد برای آغازگر AJ05 تا حداً ۷۵/۸ درصد برای آغازگر OPAD02 متغیر بود. در این تحقیق فقط باندهای

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با شرایط دمای بهینه شده شامل دو دقیقه در ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشته‌سازی اولیه DNA الگو و به دنبال آن ۴۰ چرخه شامل یک دقیقه در ۹۲ درجه سانتی گراد برای واسرشته‌سازی DNA الگو، یک دقیقه در ۳۵ درجه سانتی گراد برای اتصال آغازگر و دو دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد برای حرکت و بسط آغازگر روی رشتہ‌های DNA الگو و در انتهای برنامه پس از اتمام ۴۰ چرخه فوق، پنج دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد برای بسط نهایی آغازگر برای آغازگرهای سری Operon انجام شد. برای آغازگرهای سری MG و AJ واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با شرایط دمای بهینه شده شامل دو دقیقه در ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشته‌سازی اولیه DNA الگو و به دنبال آن ۵۰ چرخه شامل ۴۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشته‌سازی DNA الگو، ۷۰ ثانیه در ۴۸ درجه سانتی گراد برای اتصال آغازگر و دو دقیقه در DNA سانتی گراد برای حرکت و بسط آغازگر روی رشتہ‌های الگو و در انتهای برنامه پس از اتمام ۵۰ چرخه فوق، ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد برای آغازگر استفاده شد. محصولات PCR بر روی ژل ۱/۲ درصد آگاروز بارگذاری شدند و بعد از رنگ‌آمیزی با اتیدیوم بروماید، ژل مذبور دو یا سه مرتبه با آب معمولی شستشو داده شد. سپس ژل به دستگاه Vilber (Photo-Print) Lourmat IP-008-SD منتقل شد. پس از مشاهده باندها در زیر نور UV از ژل عکسبرداری شد. در نهایت با توجه به اینکه RAPD یک نشانگر غالب است بنابراین قطعات تکثیر شده (باندها) براساس وجود و عدم وجودشان به ترتیب با اعداد یک و صفر برای هر ژنتیپ مشخص شدند.

تجزیه و تحلیل ارتباط بین داده‌های مولکولی (به عنوان

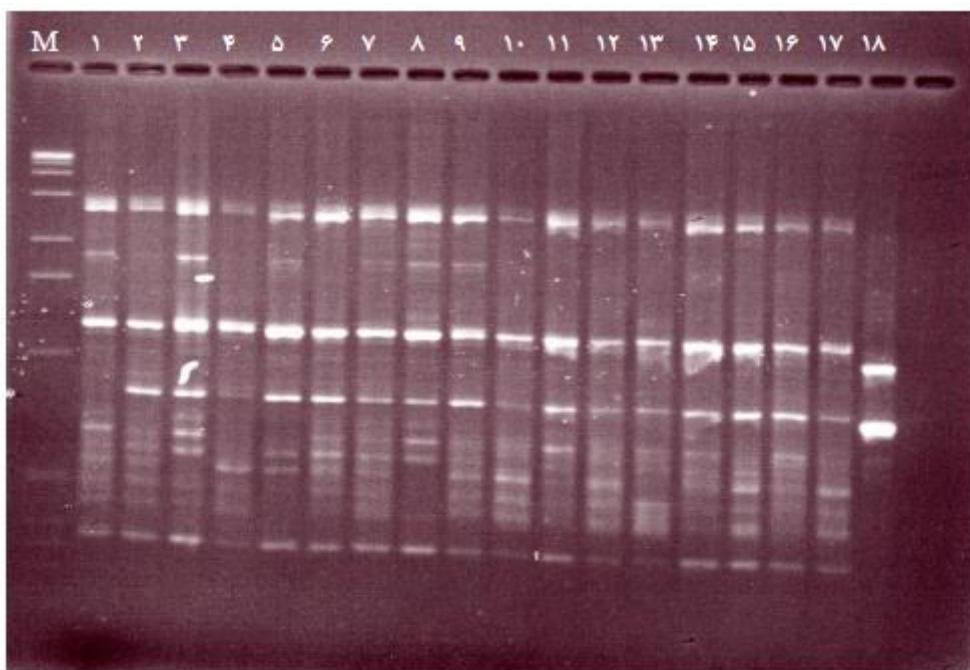
تولید شده متعلق به آغازگر AJ20 و OPAD02 (۷ باند) (جدول ۳) و کمترین تعداد باندهای چندشکل متعلق به آغازگرهاي OPAD14، OPAD19، OPAE06 و AJ05 (یک باند) (جدول ۳) بود.

باوضوح بالا و قابل ارزیابی بین ۳۰۰ جفت باز تا ۳۰۰ جفت باز طول، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند (شکل ۱). دامنه تعداد آلل های چندشکل بین ۱ تا ۷ متغیر بود که بیشترین تعداد باندهای چندشکل

جدول ۲- توالی های نوکلئوتیدی آغازگرهاي انتخاب شده برای بررسی چندشکلی ارقام پسته

Table 2- Nucleotide sequences of primers selected for the study of polymorphism of pistachio

نام آغازگر Primer name	توالی آغازگر Primer sequences	نام آغازگر Primer name	توالی آغازگر Primer sequences
OPAC19	5' AGT CCG CCT G 3'	AJ20	5' ACA CGT GGT C 3'
OPAD02	5' CTG AAC CGC T 3'	OPB10	5' CTG CTG GGA C 3'
OPAD14	5' GAA CGA GGG T 3'	OPC05	5' GAT GAC CGC C 3'
OPAD19	5' CTT GGC ACG A 3'	OPAD01	5' CAA AGG GCG G 3'
OPAE06	5' GGG GAA GAC A 3'	MG1	5' AGC GCC GAC G 3'
MG12	5' CCC GCG AGT C 3'	MG11	5' AGG AGC TGC C 3'
MG16	5' GAA GAA CCG C 3'	OPB17	5' AGG GAA CGA G 3'
AJ05	5' CAG CGT TGC C 3'		



شکل ۱- الگوی باندی آغازگر AJ05 در ارقام مختلف پسته

Figure 1- The band pattern of AJ05 primer in different genotypes of Pistachio

میزان اطلاعات چند شکلی (PIC) توانایی جداسازی و تفکیک نشانگر براساس تعداد و آلل های جایگاه نشانگر و فراوانی آن ها در مجموعه نمونه برداری است که هرچه میزان آن بالاتر باشد نماینگر قدرت تمایز بیشتر نشانگر می باشد. میزان اطلاعات چند شکلی (PIC) برای نشانگرهاي مورد بررسی در این مطالعه از ۰/۹۵ تا ۰/۳۹ با میانگین ۰/۲۳ متغیر بود و نشانگرهاي OPAD14 و AJ05 کمترین و نشانگر OPC05 بیشترین میزان PIC را داشتند (جدول ۳). میزان اطلاعات چند شکلی، یکی از شاخص های مهم جهت مقایسه

بررسی نتایج حاصل از پژوهش های محققین دیگر در مورد تعداد آلل های مشاهده شده نشانگرهاي RAPD بسیار متفاوت می باشد. تعداد آلل ها و همچنین درصد چندشکلی گزارش شده در تحقیقی برای نشانگرهاي RAPD مورد استفاده متفاوت با نتایج به دست آمده در این تحقیق بود (۱۷). تفاوت در تعداد آلل شناسایی شده در مطالعات مختلف می تواند به دلیل منشاء و خصوصیات متفاوت ژنتیپ های مورد مطالعه و نیز نشانگرهاي RAPD متفاوت و همچنین شرایط متفاوت PCR موجود در این تحقیق می باشد.

(AJ05-1) همبسته و ارتباط داشتند که به ترتیب ۷۶ و ۴۳ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه نمودند (جدول ۴). این نشانگرها بیش از سایر نشانگرها می‌توانند در نواحی کدکننده این صفات نقش داشته باشند زیرا در مدل رگرسیونی وارد شده و تغییرات آن صفات را توجیه نمودند و تغییرات بیشتری از صفات مورد بررسی را نشان دادند. بعضی از این نشانگرها با بیش از یک صفت ارتباط داشتند، که با توجه به وجود همبستگی معنی‌دار بین صفات مورفولوژیکی می‌توان دریافت که برخی از این صفات پیوستگی بسیار نزدیکی با همدیگر دارند یا احتمالاً به صورت پلیوتروپی کنترل می‌شوند. با توجه به مدلی که محققین (۳ و ۱۱) برای شناسایی نشانگرهای آگاهی بخش برای صفات نشان داده‌اند، از چهار نشانگری که در توجیه تغییرات فنوتیپی صفت طول خوشه از طریق رگرسیون گام به گام نقش داشتند تنها ضریب نشانگر ۰-۲ OPAD02 در حالت رگرسیون ساده معنی‌دار بود و می‌توان از آن برای شناسایی تجزیه ارتباط این صفت استفاده نمود. همچنین از چهار نشانگر صفت عرض خوشه تنها نشانگر ۰-۲ در حالت ساده معنی‌دار بود (جدول ۵). در کل از ۱۹ نشانگر وارد شده در مدل رگرسیونی گام به گام برای این صفات تنها ۱۰ نشانگر بودند که در حالت رگرسیون ساده ضریب آن‌ها معنی‌دار بود.

با استفاده از نشانگرها مولکولی مرتبط با صفات مورفولوژیکی مهم در تولید و اصلاح درختان میوه با استفاده از انتخاب به وسیله نشانگر (MAS)، می‌توان به شناسایی ژن‌های مهم و معرفی نشانگرهای کاندید برای مطالعه بیشتر جمعیت‌ها اقدام نمود. تا کنون از نشانگرها زیادی جهت انجام کارهای اصلاحی استفاده شده است، اما در دسترس نبودن زمان کافی و نبود همبستگی کافی بین صفات مورفولوژیکی و نشانگرها مولکولی از جمله مهمنترین محدودیت‌ها در زمینه شناسایی نشانگرها مرتبط با صفات مورفولوژیکی می‌باشد که انجام آنالیز رگرسیونی این محدودیت را مرتفع می‌سازد.

در جدول ۶ تعداد و میانگین ژنوتیپ‌هایی که دارای آلل یا فاقد آلل برای نشانگری که وارد مدل رگرسیونی شده است نشان داده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود برای طول خوشه نشانگرهاش اثربار نبودن زمان کافی و نبود همبستگی کافی بین صفات PB10-4 و OPAD02-2 در OPAD02-3 و MG16-1 با توجه به ضرایب β ‌های این دو نشانگر باعث کاهش می‌شود و داشتن آلل برای نشانگرهاش MG12-1 و MG16-3 اثر افزاینده‌ای دارد (جدول ۴). در حالی که در جدول ۶ مشاهده می‌شود که نبود آلل برای دو نشانگر اول باعث افزایش میانگین و بودن آلل برای دو نشانگر دوم باعث افزایش میانگین شده است و لذا با توجه به میانگین ژنوتیپ‌ها برای این نشانگرها می‌توان از ژنوتیپ‌هایی که فاقد آلل برای دو نشانگر اول (OPAD02-2 و PB10-4) و اجد آلل برای دو نشانگر دوم (MG12-3 و MG16-1) هستند برای افزایش این صفت استفاده نمود و در نهایت در جهت

نشانگرها می‌باشد. مقادیر بالای این معیار دلالت بر چندشکلی زیاد و وجود آلل یا آلل‌های نادر در یک جایگاه نشانگری است که در تفکیک و تمایز افراد نقش بسزایی دارد. بنابراین نشانگرها بی با PIC بالا برای تمایز ژنوتیپ‌هایی با خویشاوندی نزدیک بسیار مفید خواهد بود.

در رگرسیون گام به گام صفات مرتبط با عملکرد به عنوان متغیر وابسته در مقابل نشانگرها به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد و در کل ۱۹ نشانگر (آلل) که به طور معنی‌داری همبسته و در ارتباط با صفات مرتبط با عملکرد بودند وارد مدل رگرسیونی شدند (جدول ۴) که بعضی از این نشانگر در چند صفت نقش داشتند و در نهایت ۱۳ نشانگر در توجیه تغییرات فنوتیپی این صفات موثر بودند. سایر نشانگرها مورد مطالعه تاثیر معنی‌داری بر مدل نداشته و به همین دلیل می‌توان گفت که از این نشانگرها می‌توان در شناسایی ژنوتیپ‌هایی برتر از لحاظ صفات مرتبط با عملکرد استفاده نمود. نشانگرها شناسایی شده از دو نشانگر برای صفات تعداد انشعابات خوشه، تعداد پستانه خوشه و وزن پسته خشک تا پنج نشانگر برای صفت وزن پستانه خندان متغیر بودند. این نشانگرها به طور منفی یا مثبت با صفات مرتبط عملکرد همبسته بودند. سهم تنوع فنوتیپی توجیه شده (R^2) توسط هر نشانگر در جدول ۳ نشان داده شده است. محققین دیگر هم در درختان با استفاده از تجزیه رگرسیون ارتباط بین نشانگرها و صفات مورد مطالعه را شناسایی کردند و از آن‌ها برای اصلاح درختان استفاده نمودند (۸، ۱۱، ۱۲، ۱۶).

نشانگرها OPAD02-2، MG16-1، MG16-3 و PB10-4 با صفت طول خوشه ارتباط داشتند و توانستند ۷۵ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه نمایند. همچنین نشانگرها OPAD02-2، MG12-4، AJ20-6 و OPAE06-1 با ارتباط معنی‌داری با عرض خوشه نشان دادند و ۶۹ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را کنترل کردند. در کل دو نشانگر ۰-۲ MG16-1 و OPAD19-1 با صفت تعداد انشعابات خوشه همبسته و ارتباط داشتند که توانستند ۴۹ درصد تنوع این صفت را توجیه نمایند. با محاسبه β ‌های استاندارد شده مشخص شد که اهمیت نشانگر ۰-۲ MG16-2 بیشتر می‌باشد و اثر کاهنده‌ای دارند. در حالی که تاثیر نشانگر ۰-۱ OPAD19-1 بر روی تعداد انشعابات خوشه نزدیک به نشانگر قبلی و اثر افزاینده‌ای هم داشت (جدول ۴). در مجموع پنج آلل (OPB10-1، OPAD02-2، OPAD14-1، OPAD19-1، OPAD14-2 و OPAC19-2) درصد قابل توجهی از تغییرات فنوتیپی صفت وزن پستانه خندان (۰/۴۸، $R^2=۰/۷۷$) را کنترل کردند. یکی از آن‌ها، نشانگر OPAD14-1 می‌باشد که درصد قابل توجهی از تغییرات فنوتیپی مثبت و قوی را نشان داد و از لحاظ آماری در سطح یک درصد معنی‌دار بود. دو نشانگر برای هر کدام از صفات تعداد پستانه خوشه (OPAD19-1 و OPAD14-1) و وزن پسته خشک (MG12-3 و

افزایش عملکرد گامی موثر برداشت.

جدول ۳- میزان محتوای اطلاعات چندشکلی آغازگرها و تعداد آلل های چندشکل برای هر آغازگر

Table 3- Polymorphic information content of primers and the number of polymorphic alleles for every primers

ردیف Row	نام پرایمر Primer name	باند مونومورف Monomorphic band	باند پلیمورف Polymorphic bands	مجموع باندها Total Bands	درصد چندشکلی Percentage of polymorphic	محتوای اطلاعاتی حاصل از چندشکلی Polymorphic information content
1	OPAC19	2	3	5	60%	0.34
2	OPAD02	1	7	8	87.5%	0.38
3	OPAD14	1	1	2	50%	0.095
4	OPAD19	1	1	2	50%	0.18
5	OPAE06	1	1	2	50%	0.18
6	MG12	1	4	5	80%	0.14
7	MG16	2	3	5	60%	0.15
8	AJ05	3	1	4	25%	0.095
9	AJ20	3	7	10	70%	0.30
10	OPB10	3	6	9	66.67%	0.25
11	OPC05	2	2	4	50%	0.39
میانگین Mean		1.82	3.27	5.09	59.02%	0.23

جدول ۴- تجزیه رگرسیون گام به گام صفات مرتبط با عملکرد (متغیرهای وابسته) و نشانگرهای (RAPD) (متغیرهای مستقل)

Table 4- Stepwise regression analysis of yield related traits (dependent variable) and RAPD markers (independent variables)

صفت Trait	نشانگر Marker	R	R ²	خطا E	R ² change	F of R ² change	Standardized beta coefficients	t-value
طول خوش Panicle length	OPAD02-2	0.52	0.27	1.44	0.27	6.77*	-0.70	- 5.14**
	MG12-3	0.68	0.47	1.27	0.19	6.16*	0.68	4.66**
	MG16-1	0.81	0.65	1.06	0.18	8.38*	0.54	3.87**
	OPB10-4	0.87	0.75	0.92	0.10	6.11*	-0.35	-2.47*
عرض خوش Panicle width	OPAD02-2	0.48	0.23	1.5	0.23	5.40*	-0.46	- 3.11**
	MG12-4	0.64	0.40	1.36	0.17	4.92*	0.58	3.63**
	OPAE06-1	0.75	0.56	1.21	0.15	5.47*	0.46	2.89*
	AJ20-6	0.83	0.69	1.03	0.14	6.79*	0.38	2.61*
تعداد انشعبات خوش Panicle branching number	MG16-2	0.48	0.23	3.16	0.23	5.42*	-0.54	- 3.07**
	OPAD19-1	0.70	0.49	2.66	0.25	8.37*	0.51	2.89*
وزن پسته خندان Suture pistachio weight	OPAD14-1	0.70	0.48	21.51	0.48	16.8**	0.68	9.19**
	OPAD02-2	0.88	0.77	14.78	0.29	21.12**	0.26	2.97*
	OPAD19-1	0.91	0.83	12.98	0.06	6.05*	0.40	4.86**
	OPAC19-2	0.95	0.91	10.08	0.07	11.51**	-0.35	- 4.26**
	OPB10-1	0.97	0.94	8.94	0.03	5.08*	0.18	2.25*
تعداد پسته خوش Number of pistachio	OPAD14-1	0.76	0.58	9.57	0.58	24.66**	0.79	6.67**
	OPAD19-1	0.87	0.76	7.41	0.18	13.03**	0.43	3.61**
وزن پسته خشک Pistachio dry weight	MG12-3	0.49	0.24	0.18	0.24	5.71*	0.44	2.39*
	AJ05-1	0.66	0.43	0.16	0.19	5.72*	-0.44	-2.39*

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۵- تجزیه رگرسیون ساده صفات مرتبط با عملکرد (وابسته) و نشانگرهای RAPD (متغیرهای مستقل)

Table 5- Simple regression analysis of yield related traits (dependent variable) and RAPD markers (independent variables)

صفت	نشانگر	R	R ²	خطا E	Standardized beta coefficients	t value
طول خوش	OPAD02-2	0.52	0.27	1.44	-0.52	-2.60*
	MG12-3	0.30	0.09	1.61	0.30	1.31 ^{ns}
	MG16-1	0.23	0.05	1.64	0.23	-0.73 ^{ns}
	OPB10-4	0.17	0.03	1.67	-0.17	-2.32*
عرض خوش	OPAD02-2	0.48	0.23	1.50	-0.48	1.48 ^{ns}
	MG12-4	0.33	0.11	1.61	0.33	1.10 ^{ns}
	OPAE06-1	0.25	0.06	1.65	0.25	2.07 ^{ns}
	AJ20-6	0.44	0.19	1.53	0.44	-2.23*
تعداد انشعابات خوش	MG16-2	0.48	0.23	3.16	-0.48	2.12*
	OPAD19-1	0.45	0.20	3.22	0.45	4.10**
	OPAD14-1	0.70	0.48	21.51	0.70	2.15*
	OPAD02-2	0.45	0.20	26.68	0.45	1.43 ^{ns}
وزن پسته خندان	OPAD19-1	0.32	0.10	28.34	0.32	-2.55*
	OPAC19-2	0.52	0.27	25.64	-0.52	0.72 ^{ns}
	OPB10-1	0.17	0.03	29.49	0.17	4.97**
	OPAD14-1	0.76	0.58	9.57	0.76	1.68 ^{ns}
تعداد پسته خوش	OPAD19-1	0.37	0.14	13.69	0.37	2.39*
	MG12-3	0.49	0.24	0.18	0.49	-2.39*
Pistachio dry weight	AJ05-1	0.49	0.24	0.18	-0.49	

* و ** به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪ ns.

ns, * and **: Non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

اجزای عملکرد مخصوصاً نشانگرهایی که مکان کروموزومی آنها مشخص باشد می‌توان در انتخاب اولیه ژنتیک‌های با عملکرد بالا گامی موثر برداشت. همچنین می‌توان باند نشانگر(ها) آگاهی بخش شناسایی شده را که R^2 بالایی دارند از روی ژل جدا و کلون نمود. سپس توالی شناسایی شده را در پایگاه‌های اطلاعاتی با توالی‌های موجود هم‌ردیفی نمود و ژن‌های کاندید که شباهت زیادی با نشانگرهای مورد نظر را داشتند شناسایی نمود، همچنین می‌توان از روی توالی مورد نظر آغازگرهای اسکار (SCAR) را برای صفات مورد نظر طراحی کرد و در انتخاب به کمک نشانگر در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

برای افزایش عرض خوش هم باید به دنبال ژنتیک‌هایی بود که فاقد آل برای نشانگر OPAD02-2 و دارای آل برای نشانگرهای OPAE06-1، MG12-4 و AJ20-6 باشند. از مزایای مهم روش تجزیه ارتباطی این است که در این روش نیازی به تهیه جمعیت در حال تفرق که نیاز به زمان زیادی دارد نمی‌باشد، اگر چه بهتر است از داده‌های فنوتیپی چند ساله استفاده شود. از طرف دیگر کراسینگ‌آورهایی که در حین تهیه جمعیت‌های در حال تفرق صورت می‌گیرد، محدود می‌باشد که این امکان مکان یابی دقیق را فراهم نمی‌سازد. همچنین کارایی این روش برای شناسایی و مکان یابی ژن‌های کنترل کننده صفات مندلی نیز نشان داده شده است (۴). همچنین با استفاده از نشانگرهای آگاهی بخش مرتبط با صفات

جدول ۶- تعداد و میانگین ژنتیپ های واحد و فاقد آلل برای نشانگرهای وارد شده در مدل رگرسیونی

Table 6-The number and mean of genotypes with and without alleles for markers entered in the regression model

صفت Trait	نشانگر Marker	تعداد ژنتیپ های دارای آلل Numbers of genotypes with allele	تعداد ژنتیپ های فاقد آلل Numbers of genotypes without allele	میانگین ژنتیپ های دارای آلل The mean of genotypes with allele	میانگین ژنتیپ های فاقد آلل The mean of genotypes without allele	میانگین کل Total mean
طول خوش Panicle length	OPAD02-2	4	16	10.26	12.35	
	MG12-3	16	3	12.17	11.23	
	MG16-1	18	2	12.06	10.83	
	OPB10-4	6	14	11.52	12.11	
عرض خوش Panicle width	OPAD02-2	4	16	8.15	10.09	
	MG12-4	18	1	9.88	9.4	9.70
	OPAE06-1	2	18	10.93	9.57	
	AJ20-6	1	18	12.8	9.50	
تعداد انشعابات خوش Panicle branching number	MG16-2	18	2	11.97	17.45	
وزن پسته خدن Suture pistachio weight	OPAD19-1	2	18	17.1	12.01	12.52
	OPAD14-1	1	19	17.9	27.44	
	OPAD02-2	4	16	57.61	19.29	
	OPAD19-1	2	18	59.22	23.38	26.96
	OPAC19-2	7	13	12.04	34.99	
تعداد پسته خوش Number of pistachio	OPB10-1	17	3	28.08	20.64	
	OPAD14-1	1	19	72.6	23.86	26.31
	OPAD19-1	2	18	41.75	24.58	
وزن پسته خشک Pistachio dry weight	MG12-3	16	3	1.08	0.81	
	AJ05-1	19	1	1.02	1.45	1.04

منابع

- 1- Afifi A., May S. and Clark V.A. 2003. Computer-aided multivariate analysis. CRC Press.
- 2- Barazani O., Atayev A., Yakubov B., Kostiukovsky V., Popov K. and Golan-Goldhirsh A. 2003. Genetic variability in Turkmen populations of *Pistacia vera* L. Genetic Resources and Crop evolution, 50: 383-389.
- 3- Barloy D., Lemoine J., Abelard P., Tanguy A., Rivoal R. and Jahier J. 2007. Marker-assisted pyramiding of two cereal cyst nematode resistance genes from *Aegilops variabilis* in wheat. Molecular Breeding, 20: 31-40.
- 4- Breseghello F. and Sorrells M.E. 2006. Association analysis as a strategy for improvement of quantitative traits in plants. Crop Science, 46: 1323-1330.
- 5- Collard B.C. and Mackill D.J. 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 363: 557-572.
- 6- Ganopoulos I.V., Kazantzis K., Chatzicharisis I., Karayannidis I. and Tsafaris A.S. 2011. Genetic diversity, structure and fruit trait associations in Greek sweet cherry cultivars using microsatellite based (SSR/ISSR) and morpho-physiological markers. Euphytica, 181: 237-251.
- 7- Hormaza J., Plinney K. and Polito V. 1998. Genetic diversity of pistachio (*Pistacia vera*, Anacardiaceae) germplasm based on randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. Economic Botany, 52: 78-87.
- 8- Kafkas S. and Perl-Treves R. 2001. Molecular characterization of *P. palaestina* as a variety of *P. terebinthus*. p.^pp. 291-295. III International Symposium on Pistachios and Almonds 591,

- 9- Kar P.K., Srivastava P.P., Awasthi A.K. and Urs S.R. 2008. Genetic variability and association of ISSR markers with some biochemical traits in mulberry (*Morus spp.*) genetic resources available in India. *Tree Genetics & Genomes*, 4: 75-83.
- 10- Khadivi-Khub A. 2014. Regression association analysis of fruit traits with molecular markers in cherries. *Plant Systematics and Evolution*, 300: 1163-1173.
- 11- Martínez L., Cavagnaro P., Masuelli R. and Rodríguez J. 2003. Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties using morphological data and AFLP markers. *Electronic Journal of Biotechnology*, 6: 244-253.
- 12- Mcharo M., Labonte D., Oard J., Kays S. and McLaurin W. 2004. Linking quantitative traits with AFLP markers in a sweetpotatoes using discriminant analysis. *Acta Horticulturae*, 637: 285-293.
- 13- Roy S. and Bargmann R.E. 1958. Tests of multiple independence and the associated confidence-bounds. *The Annals of Mathematical Statistics*, 29: 491-503.
- 14- Shalini K., Manjunatha S., Lebrun P., Berger A., Baudouin L., Pirany N., Ranganath R. and Prasad D.T. 2007. Identification of molecular markers associated with mite resistance in coconut (*Cocos nucifera* L.). *Genome*, 50: 35-42.
- 15- SPSS-Inc 2013. IBM SPSS Statistics 22 Core System User's Guide. SPSS Inc., an IBM Company Headquarters, USA.
- 16- Tajabadipur A. 1997. Identification of some pistachio cultivars. Faculty of Agriculture. Tehran University, Tehran, Iran. (in Persian with English abstract).
- 17- Tayefeh Aliakbarkhani S., Talaie A.R. and Fatahi Moghadam M.R. 2013. Investigation of genetic diversity among pistachio vera in the Khorasan by using molecular marker. *Modern Genetics Journal*, 8: 169-176. (in Persian with English abstract).
- 18- Virk P.S., Ford-Lloyd B.V., Jackson M.T., Pooni H.S., Clemeno T.P. and Newbury H.J. 1996. Predicting quantitative variation within rice germplasm using molecular markers. *Heredity*, 76: 296-304.
- 19- Whitehouse W. 1957. The pistachio nut—a new crop for the western United States. *Economic Botany*, 11: 281-321.
- 20- Williams J.G., Kubelik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A. and Tingey S.V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18: 6531-6535.
- 21- Wright A. and Mowers R. 1994. Multiple regression for molecular-marker, quantitative trait data from large F₂ populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 89: 305-312.
- 22- Yonash N., Heller E., Hillel J. and Cahner A. 2000. Detection of RFLP markers associated with antibody response in meat-type chickens: haplotype/genotype, single-band, and multiband analyses of RLFP in the major histocompatibility complex. *Journal of Heredity*, 91: 24-30.
- 23- Zhang J., Li X., Jiang G., Xu Y. and He Y. 2006. Pyramiding of Xa7 and Xa21 for the improvement of disease resistance to bacterial blight in hybrid rice. *Plant Breeding*, 125: 600-605.
- 24- Zohary M. 1952. A monographical study of the genus *Pistacia*. *Palestine Journal of Botany (Jerusalem Series)*, 5: 187-228.