

بررسی مقاومت ژنتیکی برخی ارقام نخود (*Cicer arietinum* L.) ایرانی به علف‌کش پرسوئیت

سید محسن سهرابی^۱ و سید کریم موسوی^{۲*}

۱- استادیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز

۲- استادیار، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۹/۰۵ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۱۶)

چکیده

نخود (*Cicer arietinum* L.) یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی در سطح جهان است. نخود پس از لوبیا و نخود فرنگی مهم‌ترین لگوم دانه‌ای فصل سرد است. علف‌های هرز یکی از مهم‌ترین تهدید کنندگان تولید نخود در سرتاسر جهان هستند. به‌علت حساسیت نخود به علف‌کش‌ها، عمده‌ی مصرف علف‌کش‌ها به‌صورت پیش‌رویشی بوده و استفاده از علف‌کش‌های پس‌رویشی محدود است. بنابراین، ارقام بومی نخود متحمل به علف‌کش که انعطاف‌پذیری بالاتری برای استفاده علف‌کش‌های پس‌رویشی دارند، برای بهبود بازده این محصول مورد نیاز هستند. در این پژوهش، با استفاده از روش زیست‌سنجی بذر و واکنش PCR، مکانیسم‌های مقاومت ارقام نخود ایرانی نسبت به علف‌کش پرسوئیت مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این مطالعه تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی قابل‌توجهی را برای تحمل به علف‌کش پرسوئیت بین ارقام مختلف نخود ایرانی نشان داد. نتایج بررسی مکانیسم مقاومت ژنتیکی نسبت به علف‌کش پرسوئیت نشان داد که پروتئین‌های هدف این علف‌کش یعنی ALS1 و ALS2 در تمامی ارقام مورد بررسی با هم و با توالی‌های مرجع موجود در بانک ژن تفاوتی نداشته و این اثبات می‌کند که مقاومت موجود در ارقام مختلف گیاه نخود نسبت به علف‌کش پرسوئیت در اثر مکانیسم مقاومت محل هدف ایجاد نشده و احتمالاً از مکانیسم مقاومت غیرمحل هدف پیروی می‌کند. ارقام برتر (Mansour، Aksou، Bivanij، TDS-Maragheh90-358 و TDS-Maragheh90-400) حاصل از این پژوهش می‌توانند به کشاورزان توصیه شده و همچنین به‌عنوان والد در آزمایش‌های به‌نژادی برای ایجاد ارقام نخود با مقاومت طبیعی به علف‌کش پیشنهاد شوند.

واژگان کلیدی: ارقام مقاوم، پروتئین‌های هدف، علف‌کش‌های پس‌رویشی، علف‌های هرز، مقاومت محل هدف

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: k.mousavi@areeo.ac.ir

مقدمه

نخود زراعی با نام علمی (*Cicer arietinum* L.) گیاهی خودگشن و دیپلوئید ($2n = 2x = 16$) از زیر خانواده Faboideae از خانواده Fabaceae و یک لگوم خوراکی است (Shabani et al., 2016). نخود زراعی تنها گونه از جنس *Cicer* است که به طور وسیع در سرتاسر جهان کشت می شود (Yadav and Chen, 2007). نخود پس از لوبیا و نخود فرنگی مهم ترین لگوم دانه ای فصل سرد است. در سال ۲۰۱۸، نخود حدود ۲۳/۱۶ درصد از کل حبوبات تولیدی جهان را تشکیل داده و از نظر تولید جهانی بعد از لوبیا و نخود فرنگی در رتبه ی سوم قرار گرفته است (FAOSTAT, 2018).

علف های هرز یکی از مهم ترین تهدید کنندگان تولید نخود در سرتاسر جهان هستند (Singh et al., 2014; Toker et al., 2014). به علت قدرت رقابت کم گیاه نخود با علف های هرز، عملکرد آن در رقابت با علف های هرز باعث کاهش شدیدی در عملکرد آن می شود (Gaur et al., 2013; Singh et al., 2014; Jefferies, 2014). با وجود سیستم های مختلف کنترل علف های هرز مانند وجین دستی و مکانیکی، به دلیل کارایی و صرفه ی اقتصادی، هنوز کنترل علف های هرز هنوز با استفاده از سموم شیمیایی علف کش رایج است (Tahmasbali et al., 2020). به علت حساسیت نخود به علف کش ها، عمده ی مصرف علف کش ها به صورت پیش رویشی بوده و استفاده از علف کش های پس رویشی محدود است (Gaur et al., 2013; Lyon and Wilson, 2005; Yasin et al., 1995). علف کش های پیش رویشی در کنترل علف های هرز در مراحل اولیه ی رشد گیاهچه مؤثر بوده، اما در مزرعه علف های هرزی که بعد از جوانه زنی محصول جوانه می زنند غالب هستند و باعث کاهش قابل توجهی در بازده محصول می شوند (Gaur et al., 2013). بنابراین، ارقام بومی متحمل به علف کش نخود که انعطاف پذیری بالاتری برای استفاده علف کش های پس رویشی دارند، برای بهبود بازده این محصول مورد نیاز هستند (Gaur et al., 2013). تاکنون ارقام طبیعی متحمل به علف کش مختلفی در گیاهان

زراعی شناسایی و توسعه داده شده اند که از آن جمله می توان به برخی لگوم های دانه ای اشاره کرد (Powles, 2018; Vencill et al., 2012). مقاومت به علف کش یکی از خصوصیات ذاتی در محصولات زراعی است. این امر آن ها را قادر می سازد که بقا و تولید مثل خود را حتی در حضور مقادیر کشنده ی علف کش ها در اطرافشان تضمین کنند (Powles, 2018; Vencill et al., 2012). به طور کلی، مکانیسم های مقاومت در مقابل علف کش ها به دو گروه عمده مکانیسم های مقاومت محل هدف (Target site resistance: TSR) و مکانیسم های مقاومت غیر محل هدف (Non-target-site resistance: NTSR) تقسیم بندی می شوند. مکانیسم های مقاومت محل هدف شامل افزایش میزان بیان پروتئین های هدف علف کش ها و یا ایجاد تغییرات ساختاری در محل اتصال علف کش ها هستند. در حالی که، مکانیسم های مقاومت غیر محل هدف شامل کاهش نفوذ علف کش ها، تغییر محل انتقال و استقرار علف کش ها، جبران خسارت با روش های مختلف و افزایش متابولیسم علف کش ها در گیاه هستند. گیاهان مقاوم به علف کش مصنوعی در کنار مزایایی که دارند، نگرانی های زیست محیطی را نیز ایجاد کرده اند. این در حالی است که ارقام با مقاومت ژنتیکی ذاتی گیاهان زراعی این نگرانی ها را تا حد زیادی برطرف کرده اند (Rizwan and Akhtar, 2015; Tan et al., 2005).

علف کش ایمازتاپیر (Imazethapyr) با نام تجاری پرسویت و فرمول شیمیایی $C_{15}H_{19}N_3O_3$ علف کشی سیستمیک و انتخابی از گروه Imidazole است. علف کش پرسویت در طیف وسیعی از محصولات زراعی و باغی برای کنترل علف های هرز پهن برگ و گونه های علفی استفاده می شود. این علف کش را می توان به صورت محلول پاشی روی گیاهان پس از جوانه زنی و همچنین قبل از جوانه زنی در خاک استفاده کرد. علف کش پرسویت با مهار آنزیم کلیدی استوئیدروکسی اسید سینتاز (ALS یا AHAS) باعث اختلال در تولید و کاهش اسیدهای آمینه ی آلفا تیک لوسین، ایزولوسین و والین می شود. این امر باعث کاهش ساخت پروتئین در سلول و اختلال در رشد سلول خواهد شد (Beste, 1983; Wexler et al., 2014). تاکنون گیاهان زراعی

با توجه به میزان رقابت کم گیاه نخود با علف‌های هرز و کاهش شدید محصول این گیاه در صورت عدم کنترل علف‌های هرز و همچنین حساسیت نخود به کاربرد پس رویشی علف‌کش‌ها، شناسایی ارقامی بومی متحمل به علف‌کش ضروری به نظر می‌رسد. بنابراین، پژوهش حاضر با هدف بررسی و ارزیابی ارقامی بومی و ارقام معرفی شده مختلف گیاه زراعی نخود نسبت به علف‌کش پرسوئیت صورت گرفت. در این پژوهش، از روش زیست‌سنجی بذر و ارزیابی مقاومت در سطح جوانه‌زنی برای بررسی و ارزیابی میزان مقاومت ژنتیکی ارقام نخود نسبت به کاربرد علف‌کش پرسوئیت استفاده شد. همچنین با استفاده از واکنش PCR، مکانیسم‌های مقاومت محل هدف و غیر محل هدف نسبت به علف‌کش‌ها مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و علف‌کش: تعداد ۳۳ رقم مختلف نخود شامل TDS-Maragheh90-30 (کد B1)، TDS-Maragheh90-92 (کد B2)، TDS-Maragheh90-164 (کد B3)، TDS-Maragheh90-217 (کد B4)، TDS-Maragheh90-281 (کد B5)، TDS-Maragheh90-333 (کد B6)، TDS-Maragheh90-358 (کد B7)، TDS-Maragheh90-400 (کد B8)، TDS-Maragheh90-427 (کد B9)، TDS-Maragheh90-453 (کد B10)، FLIP 86-6C (کد B11)، Sameen (کد B12)، Azad (کد B13)، Nosrat (کد B14)، Hashem (کد B15)، Ana (کد B16)، Saral (کد B17)، ILC 482 (کد B18)، Jam (کد B19)، ILC 533 (کد B20)، Mansour (کد B21)، Aksou (کد B22)، ILC 72 (کد B23)، Kaka (کد B24)، Pyrooz (کد B25)، Grit (کد B26)، Dehpir (کد B27)، USAPB (کد B28)، Abi (کد B29)، Noorabad (کد B30)، Lablabi (کد B31)، Ghermez (کد B32) و Bivanij (کد B33)، از مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم، بانک بذر و مراکز بوجاری و فروش بذور در سطح استان لرستان تهیه شدند. همچنین در این پژوهش از علف‌کش ایمازتاپیر (Imazethapyr) با نام تجاری پرسوئیت به شکل مایع قابل حل در آب (SL 10%)

مختلفی با مقاومت نسبت به علف‌کش پرسوئیت شناسایی شده‌اند (Rizwan and Akhtar, 2015). گوآر و همکاران با بررسی ارقامی مختلف گیاه نخود بومی کشور هند، تعداد ۸ رقم مقاوم به علف‌کش پرسوئیت بر مبنای میانگین امتیازهای تحمل علف‌کش را شناسایی کردند (Gaur et al., 2013). در پژوهش دیگری، تعدادی از ارقامی گیاه نخود (دسی و کابلی) برای مقاومت به علف‌کش پرسوئیت در سطح مزرعه مورد غربالگری قرار گرفتند و تعداد ۹ رقم مقاوم شناسایی شدند (Prakash et al., 2017). گوپتا و همکاران تعداد ۲۸۸ رقم مختلف گیاه نخود را برای مقاومت به علف‌کش‌های پرسوئیت در سطح مزرعه مورد غربالگری قرار دادند و تعداد ۳۰ رقم مقاوم به علف‌کش پرسوئیت را شناسایی کردند (Gupta et al., 2018). شارما (Sharma, 2017) تعداد ۱۸۰ رقم مختلف گیاه عدس را برای مقاومت به علف‌کش پرسوئیت در سطح مزرعه مورد غربالگری قرار داد و موفق به شناسایی ۱۲ رقم مقاوم به علف‌کش شدند. رخا و همکاران (Rekha et al., 2017) تعداد ۳۰ رقم مختلف گیاه نخود را برای مقاومت به علف‌کش پرسوئیت در سطح مزرعه مورد غربالگری قرار دادند و تعداد ۹ رقم با میزان مقاومت بالا به علف‌کش پرسوئیت را شناسایی کردند (Rekha et al., 2017).

شناسایی ارقام با مقاومت ژنتیکی نسبت به علف‌کش‌ها با استفاده از غربال‌گری و انتخاب از بین ارقام و ارقامی مختلف یک گیاه زراعی صورت می‌گیرد. در این روش، تعدادی از ارقام یک گیاه زراعی در سطح جوانه‌زنی در محیط آرمایشگاه و یا به صورت گیاه کامل در گلدان و مزرعه در معرض مقادیر کشنده‌ی علف‌کش‌های مختلف قرار گرفته و گیاهانی که نسبت به علف‌کش مقاومت نشان داده‌اند، به عنوان گیاهان با مقاومت ژنتیکی نسبت به علف‌کش شناخته و انتخاب می‌شوند و پارامترهای رشدی آن‌ها مورد بررسی قرار می‌گیرد (Jefferies, 2014; Rizwan and Akhtar, 2015). از طرفی، با استفاده از تکنیک‌های مبتنی بر PCR می‌توان نوع مکانیسم مقاومت گیاهان حاصل را نسبت به علف‌کش مورد نظر تعیین کرد.

استفاده شد. کارایی این علفکش با کاربرد روی گیاهان غیرهدف ارزیابی شد.

آزمایش زیست سنجی جوانه‌زنی در حضور علفکش:

آزمایش بررسی پاسخ جوانه زنی ۳۳ رقم نخود به کاربرد علفکش پرسوئیت به صورت طرح کاملاً تصادفی با ۴ تکرار در ژرمیناتور انجام شد. ابتدا بذور ارقام نخود به مدت سه دقیقه با هیپوکلریت سدیم پنج درصد استریل شدند، سپس پنج مرتبه با آب مقطر استریل شستشو شدند تا بقایای هیپوکلریت سدیم به طور کامل حذف شود. بذور نخود به تعداد ۱۰ عدد درون پتری دیش‌های ۱۰ سانتی متری استریل روی یک لایه کاغذ صافی استریل قرار گرفتند. هر پتری به عنوان یک تکرار در نظر گرفته شد. علفکش پرسوئیت با غلظت ۰/۱ درصد حجمی/حجمی به مقدار ۵ میلی لیتر به هر پتری اضافه شد. پتری‌های حاوی بذور پس از آماده‌سازی و اعمال تیمار در ژرمیناتور با دمای ۲۵ درجه سانتی گراد و در تاریکی قرار داده شدند. خروج ریشه‌چه از بذور به عنوان معیار جوانه‌زنی بذور در نظر گرفته شد. شمارش بذور جوانه‌زده هر روز انجام شد و تا جوانه‌زنی کامل بذور در تیمار شاهد، ادامه یافت. در پایان جوانه‌زنی، طول گیاهچه‌ها با خطکش مدرج میلی متری اندازه‌گیری شد. در نهایت، سرعت جوانه‌زنی، متوسط زمان جوانه‌زنی، شاخص بنیه و سرعت رشد گیاهچه اندازه‌گیری شد. تجزیه و تحلیل واریانس داده‌ها و مقایسات میانگین به روش LSD در سطح احتمال ۵ درصد با استفاده از نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۱) انجام شد. در

نهایت، ضرایب تنوع ژنوتیپی و تنوع فنوتیپی برای صفات مورد بررسی محاسبه گردید. پس از اندازه‌گیری‌های مختلف، گیاهچه کامل ارقام مختلف نخود به صورت جداگانه جداسازی و در فریزر نگهداری شدند.

بررسی ژن‌های هدف علفکش پرسوئیت و طراحی

آغازگرها: به منظور بررسی مکانیسم ژنی مقاومت نسبت

به علفکش پرسوئیت، ابتدا با استفاده از مرور منابع مکانیسم عمل این علفکش مشخص شد. در مرحله‌ی بعد، ژن‌های هدف علفکش پرسوئیت (ALS1 و ALS2)، که جهش در آن‌ها باعث ایجاد مقاومت در برابر این علفکش می‌شود (Sathasivan *et al.*, 1991)، از بانک ژن پایگاه NCBI با شماره‌های دسترسی NC_021164 و NC_021160 دریافت شده و با استفاده از نرم‌افزارهای مختلف مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. چارچوب‌های خوانش باز (ORFs) موجود در ژن‌های هدف و خصوصیات آن‌ها با استفاده از نرم‌افزار Vector NTI (نسخه ۱۰/۳) و ORF finder مشخص شدند. بررسی انواع جهش‌های ایجاد کننده‌ی مقاومت محل هدف در پروتئین‌های هدف علفکش پرسوئیت با استفاده از مرور منابع و نرم‌افزار Vector NTI (نسخه ۱۰/۳) انجام شد. در نهایت، با استفاده از توالی نوکلئوتیدی ژن‌های ALS1 و ALS2، آغازگرهایی برای تکثیر کامل و تشخیص وجود جهش‌های احتمالی در آن‌ها طراحی شد (جدول ۱).

جدول ۱- آغازگرهای مورد استفاده برای تکثیر و توالی‌یابی ژن‌های هدف علفکش

Table 1. Primers used for amplification and sequencing of herbicide target genes

کاربرد	دمای اتصال (°C)	توالی آغازگر	نام آغازگر
Application	Tm (°C)	Primer sequence	Primer name
تکثیر ژن Gene amplification	58	5'-ATATTCGCATTACCATCACACAC-3'	ALS1-F
		5'-ACCGTATCTAGTTTAGCCCAATC-3'	ALS1-R
	56	5'-TGTTTGTGTTTGACTAATTTATC-3'	ALS2-F
		5'-AACCTGGCTCGGGAAATC-3'	ALS2-R
توالی‌یابی Sequencing	60	5'-TTATATGTTGGAGGTGGTTGTTTG-3'	ALS1I-F
		5'-AGTTTCTAATTTCCCAGTTACACG-3'	ALS1I-R
	58	5'-TTATATGTTGGTGGTGGTAGTTTG-3'	ALS2I-F
		5'-GTAACACGATCATCAAACCGAACC-3'	ALS2I-R

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفت درصد جوانه‌زنی نشان داد که این صفت به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر علف‌کش پرسویت قرار گرفته است (جدول ۲). مقایسه میانگین صفت درصد جوانه‌زنی در اثر متقابل تیمار علف‌کش پرسویت و ارقام نخود با استفاده از آزمون LSD در سطح ۵ درصد نشان داد که تنها ارقام B1، B3، B6، B7، B29 و B30 دارای تفاوت معنی‌دار با شاهد بوده و سایر ارقام تفاوت معنی‌داری با تیمار شاهد نداشتند (جدول ۳). نتایج تجزیه واریانس صفت سرعت جوانه‌زنی نشان داد که این صفت به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر علف‌کش پرسویت قرار گرفته است (جدول ۲). مقایسه میانگین صفت سرعت جوانه‌زنی در اثر متقابل تیمار علف‌کش پرسویت و ارقام نخود با استفاده از آزمون LSD در سطح ۵ درصد نشان داد که تنها ارقام B1، B6 و B30 دارای تفاوت معنی‌دار با شاهد بوده و سایر ارقام تفاوت معنی‌داری با تیمار شاهد نداشتند (جدول ۳). نتایج تجزیه واریانس صفت متوسط زمان جوانه‌زنی نشان داد که این صفت به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر علف‌کش پرسویت قرار گرفته است (جدول ۲). مقایسه میانگین صفت متوسط زمان جوانه‌زنی در اثر متقابل تیمار علف‌کش پرسویت و ارقامی نخود با استفاده از آزمون LSD در سطح ۵ درصد نشان داد که تنها ارقام B1 و B6 دارای تفاوت معنی‌دار با شاهد بوده و سایر ارقام تفاوت معنی‌داری با تیمار شاهد نداشتند (جدول ۳).

استخراج DNA و انجام PCR: بافت‌های ارقام مختلف نخود به‌صورت جداگانه در ازلت مایع و با استفاده از هاون چینی به خوبی پودر شدند. استخراج DNA با استفاده از روش استاندارد CTAB انجام گرفت (Doyle, 1987). کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه نانودراپ و الکتروفورز در ژل آگارز یک درصد ارزیابی و تعیین شد. به‌منظور تکثیر توالی کامل ژن‌های ALS1 و ALS2، از واکنش PCR به‌همراه آغازگرهای اختصاصی طراحی شده برای هر ژن استفاده شد. تیوب‌های حاوی اجزاء واکنش PCR به‌صورت جداگانه به دستگاه ترموسایکلر Bio-Rad متصل گردید و واکنش PCR با استفاده از برنامه دمایی اختصاصی هر جفت آغازگر انجام شد. از الکتروفورز در ژل آگارز یک درصد به‌منظور بررسی بررسی محصولات واکنش PCR استفاده شد.

توالی‌یابی و تجزیه و تحلیل نتایج توالی‌یابی: قطعات تکثیر شده ژن‌های با استفاده از کیت استخراج و تخلیص از ژل شرکت سیناژن از ژل آگارز تخلیص شده و برای توالی‌یابی ارسال شدند. به‌منظور افزایش دقت، توالی‌یابی به‌صورت دو طرفه و با استفاده از آغازگرهای داخلی طراحی شده (جدول ۱) و توسط شرکت بایونیر انجام گرفت. نتایج توالی‌یابی به‌طور جداگانه برای هر رقم توسط نرم‌افزار Vector NTI (نسخه ۱۰/۳) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته و به‌منظور تشخیص وجود جهش‌های احتمالی، با ژنوم مرجع گیاه نخود مقایسه گردید.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات بررسی شده در آزمایش زیست سنجی جوانه‌زنی

Table 2. The analysis of variance of investigated traits in germination test

منابع تغییر (S.O.V)	درجه آزادی	میانگین مربعات Mean squares				
		درصد جوانه‌زنی Germination percentage	سرعت جوانه‌زنی Speed of germination	متوسط زمان جوانه‌زنی Average germination time	طول گیاهچه Seedling length	شاخص بنیه‌ی بذر Seed vigor index
تیمار Treatment	32	1450*	716.3*	476.592*	896*	12062*
اشتباه آزمایشی Error	99	58.4	102.5	113.007	177	1354
ضریب تنوع فنوتیپی Phenotypic coefficient of variation	-	8.69	31.69	25.6	48.89	55.57
ضریب تنوع ژنوتیپی Genotypic coefficient of variation	-	8.4	31.4	25.12	48.3	55.1

*: معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد

*: Significance at the 5% probability level

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات بررسی شده در آزمایش زیست سنجی جوانه زنی به روش LSD ($P < 0.05$)

Table 3. The means comparison of investigated traits in germination test using LSD method ($P < 0.05$)

کد رقم	شاخص بنیهی بذر	طول گیاهچه	متوسط زمان جوانه زنی	سرعت جوانه زنی	درصد جوانه زنی
Cultivar code	Seed vigor index	Seedling length	Average germination time	Speed of germination	Germination percentage
B1	487*	24.33	1.9667*	19.333*	20*
B2	2577*	33.83*	1.8333	54.333	76.67
B3	2853*	38.33*	1.8333	63.333	73.33*
B4	2020*	33.67*	1.6667	50	60
B5	2370*	35.33*	1.8333	59.333	66.67
B6	695*	26.5*	1.6667*	37.667*	30*
B7	1420*	23.67*	1.4333	53.667	60*
B8	2166*	25.17*	2.1333	72	85
B9	2767*	27.67*	3.5667	83.333	100
B10	1553*	29.67*	1.2333	57.333	53.33
B11	1533*	31.67*	1.6	50	46.67
B12	4200*	42*	3.6	86.667	100
B13	5067*	50.67*	3.9	87	100
B14	4000*	40*	3.8667	84.333	100
B15	3283*	32.83*	4.1333	84.333	100
B16	4527*	47*	3.3	82.667	93.33
B17	2767*	31.67*	2.9	75.333	86.67
B18	5150*	51.5*	3.7667	88.333	100
B19	3317*	33.17*	3.2667	85.333	100
B20	3533*	35.33*	3.8333	87	100
B21	4500*	45*	3.8	83.333	100
B22	5500*	55*	4.0667	87.667	100
B23	4533*	45.33*	3.6	85	100
B24	4100*	41*	3.8	82.333	100
B25	3800*	38*	3.4333	84	100
B26	3933*	39.33*	3.7	84	100
B27	2050*	34.17*	1.6	57.333	60
B28	3180*	41.5*	2.9667	71.667	86.67
B29	1993*	22.33*	4.1	84	93.33*
B30	967*	40.5*	1.6	25.667*	33.33*
B31	4700*	44.5*	3.6	85.333	100
B32	3667*	26.67*	4.0333	89	100
B33	2970*	33.83*	2.7667	78.333	86.67

*: اختلاف معنی داری در سطح احتمال ۵ درصد نسبت به شرایط کنترل

*: Significant difference at the 5% probability level compared to the control condition.

بیشترین مقادیر ضرایب فنوتیپی و ژنوتیپی به ترتیب برای صفات شاخص بنیه بذر و طول گیاهچه مشاهده شد که نشان دهنده میزان بالای تنوع فنوتیپی و ژنتیکی ارقام نخود برای صفات مذکور است (جدول ۲). از طرفی، کمترین مقدار ضرایب مذکور برای صفت درصد جوانه زنی مشاهده شد که نشان دهنده میزان پایین تنوع فنوتیپی و ژنتیکی ارقام نخود برای صفات مذکور است (جدول ۲). نتایج رتبه بندی نهایی صفات جوانه زنی تحت تیمار علف کش پروسویت نشان داد که از ۳۳ رقم مورد بررسی، ارقام B31، B22، B21، B8 و B27 بالاترین رتبه ها (مقاومت بالا به علف کش) و ارقام B1، B6، B5، B3 و B14 پایین ترین رتبه ها (مقاومت پایین به علف کش)

نتایج تجزیه واریانس صفت طول گیاهچه نشان داد که این صفت به طور معنی داری تحت تأثیر علف کش پروسویت قرار گرفته است (جدول ۲). مقایسه میانگین صفت طول گیاهچه در اثر متقابل تیمار علف کش پروسویت و ارقام نخود با استفاده از آزمون LSD در سطح ۵ درصد نشان داد که تمامی ارقام به استثناء رقم B1 دارای تفاوت معنی دار با شاهد بودند (جدول ۳). نتایج تجزیه واریانس صفت شاخص بنیه بذر نشان داد که این صفت به طور معنی داری تحت تأثیر علف کش پروسویت قرار گرفته است (جدول ۲). مقایسه میانگین صفت شاخص بنیه بذر در اثر متقابل تیمار علف کش پروسویت و ارقام نخود با استفاده از آزمون LSD در سطح ۵ درصد نشان داد که تمامی ارقام دارای تفاوت معنی دار با شاهد بودند (جدول ۳).

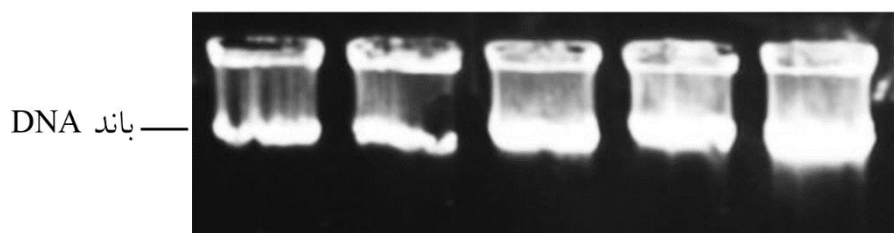
در تمام ارقام مورد بررسی نشان داد که این ژن فاقد اینترون بوده و دارای چارچوب خوانش بازی (ORF) به طول ۱۹۸۰ جفت باز است که با کدون ATG شروع و با کدون TGA خاتمه می‌یابد. این چارچوب خوانش بازی، پروتئینی به طول ۶۵۹ اسید آمینه را تولید می‌کند (شکل ۳). بررسی توالی پروتئینی ژن ALS1 نشان داد که این ژن فاقد سیگنال پپتید بوده و در میتوکندری یا کلروپلاست تجمع پیدا می‌کند. جستجوی دامین‌های عملکردی، وجود دامین عملکردی محافظت شده Acetolactate synthase را در ساختار این پروتئین نشان داد که از اسید آمینه‌ی ۷۶ تا ۶۵۹ امتداد یافته بود (شکل ۳). بررسی خصوصیات فیزیکوشیمیایی پروتئین ALS1، جرم مولکولی ۷۱/۸ کیلودالتون، pH ایزوالکتریک ۸/۱۳، شاخص ناپایداری ۴۰/۴۶ (ناپایدار)، شاخص آلفاتیک ۹۱/۷۳ و GRAVY برابر با -۰/۰۸۵- را برای این پروتئین نشان داد.

را از نظر جوانه‌زنی بهینه را تحت تیمار این علف‌کش کسب کرده‌اند.

نتایج الکتروفورز DNA استخراج شده از ارقام مختلف گیاه نخود نشان داد که DNA مورد نظر دارای کمیت و کیفیت قابل قبولی بوده و برای انجام واکنش PCR و تکثیر ژن‌ها مناسب است (شکل ۱).

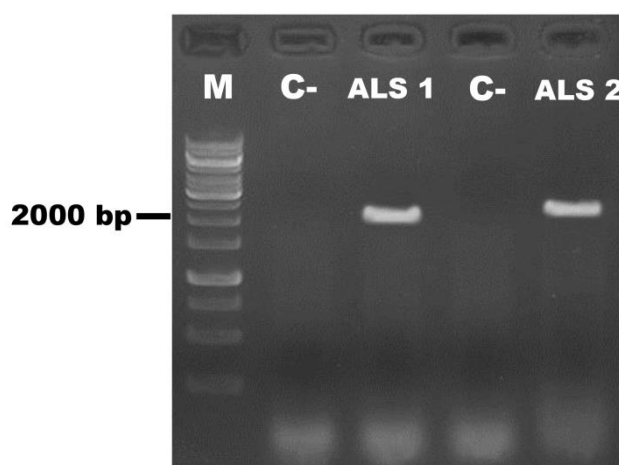
نتایج PCR با آغازگرهای اختصاصی باندهایی به اندازه ۲۰۶۱ و ۲۱۱۲ جفت‌باز را به ترتیب برای ژن‌های ALS1 و ALS2 نشان داد و تکثیر موفق این ژن‌ها را مشخص کرد (شکل ۲). باند ژن‌های ALS1 و ALS2 در تمام ارقام مورد آزمایش نخود به یک اندازه بوده و هیچ تفاوتی از لحاظ طول قطعه تکثیری بین ارقام مختلف مشاهده نشد.

تجزیه و تحلیل نتایج توالی‌یابی ژن‌های ALS1 و ALS2 در ارقام مختلف گیاه نخود، نتایج PCR را مورد تأیید قرار داد و مشابه اندازه باندهای تکثیری بود. بررسی ژن ALS1



شکل ۱- الکتروفورز DNA ژنومی استخراج شده از برخی ارقام گیاه نخود

Figure 1. Gel electrophoresis of genomic DNA extracted from some chickpea cultivars



شکل ۲- الکتروفورز محصولات PCR ژن‌های ALS1 و ALS2 در رقم B33

Figure 2. Electrophoresis of PCR products of ALS1 and ALS2 genes in one of chickpea cultivars (B33)

```

1  MAATTTTTPS RSAFSSSSHP IFPKSNTKLT FLSPIFNKP KLISSRPFKI
51  SSSLKSPSTA PSSITTTTTT TTTSTFISRF SPTEPRKGSD ILVEALEREG
101 VTNVFAYPGG ASMEIHQALT RSKII RNVLPRHEQGGIFAA EGYARSSGLP
151 GVCIA TS GP ATNLV SGLAN ALMDSIPIIA ITGQVPRRMI GTDAFQETPI
201 VEVTRSITKH NYLILEVDDI PRVVREAFFV ANSGRPGPVL IDVPKDVQQQ
251 LAVPNWAQPI KLTGYLSRLP KIPIEAQLQ VVRLLESKK PVLVYGGGCL
301 NSSEELKRFV EITGIPVAST LMGLGSYPVG GEHSLQMLGM HGTVYANYAV
351 DKSDLLAFG VRFDDRVTGK LETFASRANI VHIDIDSAEI GKNKLPQVSV
401 CADMKFALQG LNRILESKGI KDKLDFESWR EELNVVKIKF PLGFKTFEDA
451 ISPQYAIQVL DELTNGDAIV STGVGQHQMW AAQFYKYKRP RQWLTSGLG
501 AMGFGLPAAM GAAVANPDAV VVDIDGDSF MMNVQELATI KVEKLPVKIL
551 LLNNQHLGMV VQWEDRFYKS NRAHTYLGDP SRENEIFPNM LGFADACGIP
601 AARVTKEEL RDAIQKMLDT PGPYLLDVIV PHQEHVLPMI PSNGSFKDVI
651 TDGDGRRSY
    
```

شکل ۳- توالی پروتئینی کامل ژن ALS1 گیاه نخود. دمین عملکردی با رنگ خاکستری مشخص شده است.

Figure 3. The full-length protein sequence of the ALS1 gene of chickpea. The functional domain is marked in gray.

همردیفی توالی ژن ALS2 در ارقام مختلف گیاه نخود با توالی مرجع ALS2 موجود در بانک ژن مشخص کرد که توالی این ژن در تمام ارقام مشابه هم بوده و هیچ تغییر نوکلئوتیدی در آن مشاهده نمی شود (شکل ۶).

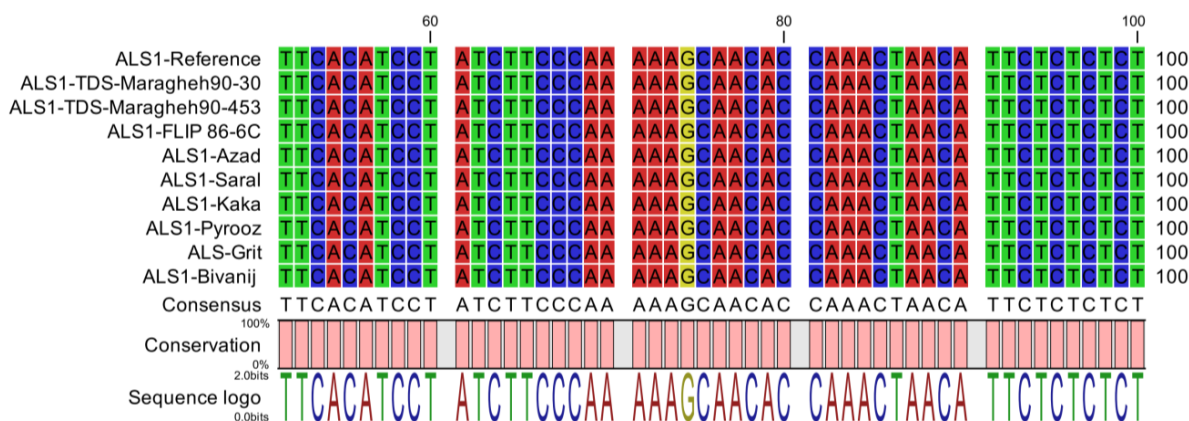
امروزه روش های مختلفی برای شناسایی و سنجش میزان مقاومت گیاهان زراعی مختلف و همچنین علف های هرز نسبت به علف کش ها ابداع شده است. از این روش ها می توان به ارزیابی مقاومت مزرعه ای، ارزیابی مقاومت در گلخانه، زیست سنجی بذر و ارزیابی مقاومت در سطح جوانه زنی، کلروفیل فلورسانس، غوطه ورسازی دیسک های برگ در علف کش و استخراج آنزیم هدف و مطالعه مستقیم اثر علف کش بر آنزیم اشاره کرد. همچنین از واکنش PCR برای تشخیص جهش های احتمالی ایجاد کننده مقاومت علیه آفت کش ها نیز استفاده می شود (Beckie et al., 2000). شناسایی ارقام با مقاومت ژنتیکی نسبت به علف کش ها با استفاده از غربالگری و انتخاب از بین ارقام و ارقامی مختلف یک گیاه زراعی صورت می گیرد. در این روش، تعدادی از ارقام یک گیاه زراعی در سطح جوانه زنی در محیط آزمایشگاه و یا به صورت گیاه کامل در گلدان و مزرعه در معرض مقادیر کشنده علف کش های مختلف قرار گرفته و گیاهانی که نسبت به علف کش مقاومت نشان داده اند، به عنوان گیاهان با مقاومت ژنتیکی نسبت به علف کش شناخته و انتخاب می شوند و پارامترهای رشدی آنها مورد بررسی قرار می گیرد (Jefferies, 2014; Rizwan and Akhtar, 2015).

بررسی ژن ALS2 در تمام ارقام مورد بررسی نشان داد که این ژن دارای اینترون بوده و حاوی چارچوب خوانش بازی (ORF) به طول ۱۹۷۱ جفت باز است که با کدون ATG شروع و با کدون TGA خاتمه می یابد. این چارچوب خوانش باز پروتئینی به طول ۶۵۶ اسید آمینه را تولید می کند (شکل ۴). بررسی توالی پروتئینی ژن ALS2 نشان داد که این ژن فاقد سیگنال پپتید بوده و در میتوکندری تجمع پیدا می کند. جستجوی دمین های عملکردی، وجود دمین عملکردی محافظت شده Acetolactate synthase را در ساختار این پروتئین نشان داد که از اسید آمینه ۷۱ تا ۶۵۶ امتداد یافته بود (شکل ۴). بررسی خصوصیات فیزیوشیمیایی پروتئین هدف ALS2، جرم مولکولی ۷۱/۶۶ کیلودالتون، pH ایزوالکتریک ۶/۳۴، شاخص ناپایداری ۴۲/۹۸ (ناپایداری)، شاخص آلفاتیک ۹۱/۳۰ و GRAVY برابر با ۰/۱۳۸- را برای این پروتئین نشان داد. تجزیه و تحلیل نتایج توالی یابی ژن ALS1 در ارقام مختلف گیاه نخود و مقایسه آنها با توالی مرجع ALS1 موجود در بانک ژن شباهت و همسانی کامل را نشان داد. همردیفی توالی ژن ALS1 در ارقام مختلف گیاه نخود با توالی مرجع ALS1 موجود در بانک ژن مشخص کرد که توالی این ژن در تمام ارقام مشابه هم است و هیچ تغییر نوکلئوتیدی در آن مشاهده نمی شود (شکل ۵). تجزیه و تحلیل نتایج توالی یابی ژن ALS2 در ارقام مختلف گیاه نخود و مقایسه آنها با توالی مرجع ALS2 موجود در بانک ژن شباهت و همسانی کامل را نشان داد.

1 MATNAARAAF TTVPLSSPHS PNPNSIFRFT VPFSSHLNTP SKLQLQLRSL
 51 RISASLSNNP THQLTLPST EQFISRFALD EPRKGADILV EALERQGVNT
 101 VFAYPGGASM EIHQALTRST TIRNVLPHE QGGIFAAEGY ARSSGLPGVC
 151 IATSGPGATN LVSGGLADAML DSVPLVAITG QVPRRMIGTD AFQETPIVEV
 201 TRSITKHNYL VLDIDDIPRI VNEAFFLATS GRPGPVLIDI PKDIQQQLSV
 251 PNWEQPMKLS GYMARLPKSP SESHLEQIVR LIMESKKPVL YVGGGSLNSS
 301 EELRRFVELT GVPVASTLMG LGSYPTSDEN SLQMLGMHGT VYANYAVDKS
 351 DLLLAFGVRF DDRVTGKLEA FASRAKIVHI DIDSAEIGKN KQPHVSVCGD
 401 LKLALRGINR ILESKGIESK LDFGAWREEL NEQKRRFPLS FKTFGEAIPP
 451 QYAIQVDEL TNGDAIISTG VGQHQMSAQ FYSYKRPRQW LTSGGLGAMG
 501 FGLPAAMGAA VANPDSVVVD IDGDGSFMMN VQELATIKVE NLPVKILLN
 551 NQHLGMVVQW EDRFYKANRA HTYLGDPANE KEIFPNMLKF ADACGIPAAR
 601 VTKKADLRAA IQKMLDTPGP YLLDVIVPHQ EHVLPIMPSN GAFEDVITEG
 651 DGRRSY

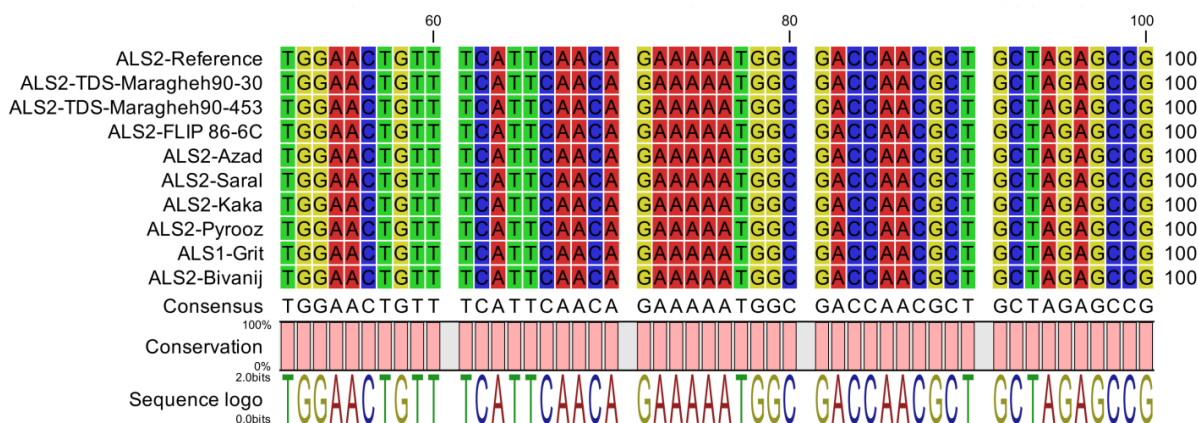
شکل ۴- توالی پروتئینی کامل ژن ALS2 گیاه نخود که در آن دمین عملکردی با رنگ خاکستری مشخص شده است.

Figure 4. The full-length protein sequence of the ALS2 gene of chickpea. The functional domain is marked in gray.



شکل ۵- بخشی از هم‌ردیفی چندگانه توالی ژن ALS1 در برخی از ارقام نخود مورد آزمایش

Figure 5. The multiple sequence alignment of the ALS1 gene sequence in some tested chickpea cultivars



شکل ۶- بخشی از هم‌ردیفی چندگانه توالی ژن ALS2 در برخی از ارقام نخود مورد آزمایش

Figure 6. The multiple sequence alignment of the ALS2 gene sequence in some tested chickpea cultivars

بررسی تحمل به علفکش‌ها بر اساس تماس مستقیم علفکش با گیاه، یکی از سریع‌ترین و بهترین روش‌های اندازه‌گیری میزان تحمل به علفکش‌ها در نخود است (Taran *et al.*, 2010). نتایج این مطالعه تنوع ژنتیکی قابل توجهی را برای تحمل به علفکش پرسوئیت بین ارقام مختلف نخود ایرانی نشان داد. در رتبه‌بندی کلی ارقام تحت شرایط تیمار علفکش پرسوئیت، ارقام B21، B22، B31 و B8 و B27 به ترتیب بهترین رتبه‌ها را کسب کردند و به عنوان ارقام برتر انتخاب شدند. از طرفی بر اساس رتبه‌بندی کلی، ارقام B1، B5، B3، B14 و B6 به ترتیب حساس‌ترین ارقام نسبت به کاربرد علفکش پرسوئیت در سطح جوازه‌زنی بودند.

نتایج بررسی مکانیسم ژنی مقاومت نسبت به علفکش پرسوئیت نشان داد که ژن‌های هدف این علفکش یعنی ALS1 و ALS2 در تمامی ارقام مورد بررسی با هم و با توالی‌های مرجع موجود در بانک ژن تفاوتی نداشته و این اثبات می‌کند که مقاومت موجود در ارقام مختلف گیاه نخود نسبت به علفکش پرسوئیت در اثر مکانیسم مقاومت محل هدف ایجاد نشده و احتمالاً از مکانیسم مقاومت غیر محل هدف پیروی می‌کند. بررسی مقاومت جایگاه محل هدف نسبت به علفکش پرسوئیت در نخود نشان داده است پنج جایگاه جهش عمده در ژن‌های ALS1 و ALS2 باعث تغییرات اسیدهای آمینه‌ی و ایجاد مقاومت نسبت به علفکش مذکور می‌شوند. این جهش‌ها در ژن ALS1 باعث تغییر اسیدهای آمینه‌ی پرولین ۱۸۶، آلانین ۱۹۴، آسپارتیک اسید ۳۶۵، تریپتوفان ۵۶۳ و سرین ۶۴۲ به سایر اسیدهای آمینه می‌شوند. در این بین، اسید آمینه‌ی پرولین ۱۸۶ متحمل تغییرات بیشتری شده و بخش عمده‌ای از مقاومت ایجاد شده نسبت به علفکش پرسوئیت را ایجاد می‌کند. همین تغییرات اسید آمینه‌ای در ژن هدف ALS2 با تغییر شماره جایگاه اسید آمینه‌ها قابل مشاهده هستند (Dong *et al.*, 2020; Tan *et al.*, 2005).

مکانیسم‌های مقاومت محل هدف به‌طور معمول در اثر تغییرات تک‌ژنی ایجاد می‌شوند ولی بر خلاف آنچه که تصور می‌شود خیلی ساده نیستند. مکانیسم‌های مقاومت

محل هدف توسط آلل‌های غالب یا نیمه غالب ایجاد می‌شوند، ولی ایجاد و کنترل آن‌ها توسط آلل‌های مغلوب نیز در برخی موارد گزارش شده است (Délye *et al.*, 2013; Powles, 2018). مکانیسم‌های مقاومت محل هدف به‌طور عمده توسط تغییرات در ساختار سه بعدی پروتئین‌های هدف علفکش‌ها و همچنین تغییر در توزیع گروه‌های قطبی در محل اتصال علفکش‌ها به پروتئین هدف در موقعیت‌هایی که برای پایداری اتصال علفکش حیاتی هستند، ایجاد می‌شوند (Dayan *et al.*, 2010; Linda *et al.*, 2009; Wang *et al.*, 2010). تغییرات ساختاری عموماً به‌علت جایگزینی‌های اسید آمینه‌ای در یکی از چندین موقعیت احتمالی روی پروتئین هدف علفکش هستند (Avila-Garcia *et al.*, 2012; Beckie and Tardif, 2012; Powles, 2018; Shaner *et al.*, 2012). به عنوان یک قانون عمومی، چندین جایگزینی ایجاد کننده‌ی مقاومت می‌تواند در یک کدون حیاتی ایجاد شوند. به‌طور مثال، تعداد ۱۲ جایگزینی ایجاد کننده‌ی مقاومت در کدون ۱۹۷ پروتئین هدف استوئیدروکسی اسید سیتاز شناسایی شده‌اند (Beckie and Tardif, 2012). میزان کاهش میل علفکش به محل اتصال آن به تغییر ساختاری پروتئین هدف و همچنین به مولکول علفکش بستگی دارد. بسته به نوع علفکش، یک تغییر ساختاری مشخص در پروتئین هدف می‌تواند مقاومت بالا یا متوسطی را ایجاد کند یا در موارد نادری باعث افزایش حساسیت نسبت به علفکش شود (Délye *et al.*, 2004; Yu *et al.*, 2007; Délye *et al.*, 2005). مطالعات نشان داده‌اند که مقاومت محل هدف نسبت به علفکش‌ها می‌تواند در اثر تغییرات ژنتیکی پیچیده‌ای مانند حذف کامل یک کدون، جایگزینی پی در پی آمینو اسیدی ناشی از دو جایگزینی نوکلئوتیدی در یک کدون مشابه، وجود دو جایگزینی آمینو اسیدی در کدون‌های مجزا که سطح مقاومت را در مقایسه با یک جهش تکی افزایش می‌دهد و افزایش ساخت و تجمع پروتئین هدف در گیاهان ایجاد شود (Gaines *et al.*, 2010; Han *et al.*, 2012; Patzoldt *et al.*, 2006; Salas *et al.*, 2012). این مکانیسم‌ها تاکنون به‌طور

می‌کنند این نوع مقاومت عموماً چندژنی و پیچیده بوده، هر چند ممکن است که مقاومت غیر هدف تک ژنی نیز وجود داشته باشد (Busi et al., 2011; Mithila et al., 2012; Petit et al., 2010). مکانیسم‌های مقاومت غیر محل هدف می‌توانند نسبت به نوع علف‌کش نیز متفاوت باشند و شامل تغییر محل علف‌کش، افزایش متابولیسم و محافظت در مقابل آسیب‌های اکسیداتیو متغیر باشند (Beckie and Tardif, 2012; Cummins et al., 2009; Cummins et al., 2013; Powles, 2018).

تاکنون گیاهان زراعی مقاوم به علف‌کش مختلفی شناسایی و یا به‌صورت مصنوعی تولید شده‌اند (Rizwan and Akhtar, 2015). گیاهان مقاوم به علف‌کش مصنوعی در کنار مزایایی که دارند، نگرانی‌های زیست محیطی را نیز ایجاد کرده‌اند. این در حالی است که ارقام با مقاومت ژنتیکی ذاتی گیاهان زراعی این نگرانی‌ها را تا حد زیادی برطرف کرده‌اند (Rizwan and Akhtar, 2015; Tan et al., 2005). نتایج حاصل از این آزمایش به خوبی توانست پاسخ ۳۳ رقم ایرانی گیاه نخود را نسبت به کاربرد علف‌کش پرسوئیت در سطح جوانه‌زنی بررسی و ثبت کنند. همچنین این نتایج، ۳۳ رقم ایرانی گیاه نخود را برای مقاومت به علف‌کش پرسوئیت رتبه‌بندی کرده و مقاوم‌ترین و حساس‌ترین ارقام را مشخص نمودند. در نهایت، نتایج این پژوهش وجود یک مکانیسم مقاومت غیر محل هدف احتمالی را در ارقام نخود مقاوم به علف‌کش پرسوئیت نشان داد. ارقام برتر حاصل از این آزمایش می‌توانند در آزمایش‌های مزرعه‌ای در زمان و مکان دیگر بررسی شوند. در صورت پاسخ مناسب در آن آزمایش‌ها، ارقامی مورد نظر می‌توانند به کشاورزان توصیه شده و همچنین به عنوان والد در آزمایش‌های اصلاحی برای ایجاد گیاهان نخود مقاوم به علف‌کش طبیعی به کار برده شوند.

سپاسگزاری

این پژوهش با استفاده از اعتبارات پژوهشی موسسه آموزش و ترویج کشاورزی (سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی) انجام شده است که بدین وسیله تشکر و قدردانی می‌گردد.

محدودی در گیاهان وجود داشته‌اند زیرا تغییرات ایجاد کننده‌ی آن‌ها با احتمال بسیار پایینی رخ می‌دهند.

در پژوهشی که روی مکانیسم مقاومت غیر محل هدف نسبت به علف‌کش پرسوئیت در گیاه نخود انجام گرفت، وجود تعداد زیادی از ژن‌های با بیان متفاوت را بین ارقام مقاوم و حساس مشخص کرد (Iqbal et al., 2017). مقایسه‌ی ترنسکرپتوم دو رقم حساس و مقاوم به علف‌کش نخود در شرایط بدون تیمار علف‌کش، وجود ۱۴۷۴ ژن با بیان متفاوت را بین این دو رقم نشان داد در حالی که، مقایسه‌ی ترنسکرپتوم این دو رقم تحت تیمار علف‌کش، وجود ۱۵۶۸ ژن با بیان متفاوت را مشخص کرد. وجود تعداد متفاوت ژن‌های با بیان متفاوت در ارقام حساس و مقاوم به علف‌کش نخود، وجود مکانیسم مقاومت غیر محل هدف را برای این گیاه اثبات کرد (Iqbal et al., 2017).

مقاومت غیر محل هدف، مقاومتی چندژنی بوده و اخیراً اهمیت آن اثبات شده است. این نوع مقاومت در حال حاضر نوع غالب مقاومت در برابر مهم‌ترین علف‌کش‌ها در سراسر جهان هستند (Délye et al., 2013; Powles, 2018; Shaner et al., 2012). در واقع به نظر می‌رسد که مقاومت غیر محل هدف یک پاسخ سازگاری عمومی‌تر به علف‌کش‌ها در مقایسه‌ی با مقاومت محل هدف است. مکانیسم‌های مقاومت غیر محل هدف زیر مجموعه‌ای از پاسخ‌های گیاهی به تنش‌های غیر زیستی هستند (Délye, 2013). این نوع مقاومت می‌تواند دائمی، القاء شونده با تنش و یا مجموعه‌ای از هر دو باشد. مشخص شده است که مقاومت غیرمحل هدف دائمی با متابولیسم ثانویه‌ی بالاتر در گیاهان همراه است (Petit et al., 2010). فرضیه فعلی در مورد القاء مقاومت غیر محل هدف این است که کاربرد علف‌کش به نوعی باعث ایجاد تنش در گیاه شده و مسیرهای پاسخ به تنش را در همه‌ی گیاهان فارغ از میزان حساسیت آن‌ها به نسبت به علف‌کش فعال می‌کند (Délye, 2013). تنوع ژنتیکی در اندازه‌ی پاسخ گیاهان مختلف باعث تنوع در حساسیت شده و این مبنای تکامل مقاومت غیر محل هدف القاء شده است. مکانیسم‌های مقاومت غیر محل هدف دارای تنوع بین گونه‌ای و درون گونه‌ای هستند که ثابت

References

- Avila-Garcia, W.V., Sanchez-Olguin, E., Hulting, A.G. and Mallory-Smith, C. (2012). Target-site mutation associated with glufosinate resistance in Italian ryegrass (*Lolium perenne* L. ssp. multiflorum). *Pest Management Science*, **68**: 1248-1254.
- Beckie, H.J., Heap, I.M., Smeda, R.J. and Hall, L.M. (2000). Screening for herbicide resistance in weeds. *Weed Technology*, **14**: 428-445.
- Beckie, H.J. and Tardif, F.J. (2012). Herbicide cross resistance in weeds. *Crop Protection*, **35**: 15-28.
- Beste, C. (1983) *Herbicide Handbook of the Weed Science Society of America*. Weed Science Society of America, KS, USA.
- Busi, R., Vila-Aiub, M.M. and Powles, S. (2011). Genetic control of a cytochrome P450 metabolism-based herbicide resistance mechanism in *Lolium rigidum*. *Heredity*, **106**: 817-824.
- Cummins, I., Bryant, D.N. and Edwards, R. (2009). Safener responsiveness and multiple herbicide resistance in the weed black-grass (*Alopecurus myosuroides*). *Plant Biotechnology Journal*, **7**: 807-820.
- Cummins, I., Cole, D.J. and Edwards, R. (1999). A role for glutathione transferases functioning as glutathione peroxidases in resistance to multiple herbicides in black-grass. *The Plant Journal*, **18**: 285-292.
- Cummins, I., Wortley, D.J., Sabbadin, F., He, Z., Coxon, C.R., Straker, H.E., Sellars, J.D., Knight, K., Edwards, L. and Hughes, D. (2013). Key role for a glutathione transferase in multiple-herbicide resistance in grass weeds. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **110**: 5812-5817.
- Dayan, F.E., Daga, P.R., Duke, S.O., Lee, R.M., Tranel, P.J. and Doerksen, R.J. (2010). Biochemical and structural consequences of a glycine deletion in the α -8 helix of protoporphyrinogen oxidase. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Proteins and Proteomics*, **1804**: 1548-1556.
- Délye, C. (2013). Unravelling the genetic bases of non-target-site-based resistance (NTSR) to herbicides: a major challenge for weed science in the forthcoming decade. *Pest Management Science*, **69**: 176-187.
- Délye, C., Jasieniuk, M. and Le Corre, V. (2013). Deciphering the evolution of herbicide resistance in weeds. *Trends in Genetics*, **29**: 649-658.
- Délye, C., Menchari, Y., Michel, S. and Darmency, H. (2004). Molecular bases for sensitivity to tubulin-binding herbicides in green foxtail. *Plant Physiology*, **136**: 3920-3932.
- Délye, C., Zhang, X.Q., Michel, S., Matějček, A. and Powles, S.B. (2005). Molecular bases for sensitivity to acetyl-coenzyme A carboxylase inhibitors in black-grass. *Plant Physiology*, **137**: 794-806.
- Dong, H., Wang, D., Bai, Z., Yuan, Y., Yang, W., Zhang, Y., Ni, H. and Jiang, L. (2020). Generation of imidazolinone herbicide resistant trait in Arabidopsis. *Plos One*, **15**: e0233503.
- Doyle, J.J. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, **19**: 11-15.
- FAOSTAT. (2018). FAOSTAT statistical database. <http://faostat.fao.org>. Accessed 10 January 2022.
- Gaines, T.A., Zhang, W., Wang, D., Bukun, B., Chisholm, S.T., Shaner, D.L., Nissen, S.J., Patzoldt, W.L., Tranel, P.J. and Culpepper, A.S. (2010). Gene amplification confers glyphosate resistance in *Amaranthus palmeri*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **107**: 1029-1034.
- Gaur, P., Jukanti, A., Samineni, S., Chaturvedi, S., Singh, S., Tripathi, S., Singh, I., Singh, G., Das, T. and Aski, M. (2013). Large genetic variability in chickpea for tolerance to herbicides imazethapyr and metribuzin. *Agronomy*, **3**: 524-536.
- Gupta, M., Bindra, S., Sood, A., Singh, I., Singh, G., Gaur, P., Chaturvedi, S., Dixit, G. and Singh, S. (2018). Identifying new sources of tolerance to post emergence herbicides in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Journal of Food Legumes*, **31**: 5-9.
- Han, H., Yu, Q., Purba, E., Li, M., Walsh, M., Friesen, S. and Powles, S.B. (2012). A novel amino acid substitution Ala-122-Tyr in ALS confers high-level and broad resistance across ALS-inhibiting herbicides. *Pest Management Science*, **68**: 1164-1170.
- Iqbal, M.A., Soren, K.R., Gangwar, P., Shanmugavadeivel, P., Aravind, K., Singla, D., Jaiswal, S., Jasrotia, R.S., Chaturvedi, S.K. and Singh, N.P. (2017). Discovery of putative herbicide resistance genes and its regulatory network in chickpea using transcriptome sequencing. *Frontiers in Plant Science*, **8**: 958.
- Jefferies, L. (2014). *Responses of selected chickpea cultivars to imidazoline herbicide*. M.Sc. Thesis, University of Saskatchewan, Saskatchewan, Canada.
- Linda, P., Kim, Y.S. and Tong, L. (2010). Mechanism for the inhibition of the carboxyltransferase domain of acetyl-coenzyme A carboxylase by pinoxaden. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **107**: 22072-22077.

- Lyon, D.J. and Wilson, R.G.** (2005). Chemical weed control in dryland and irrigated chickpea. *Weed Technology*, **19**: 959-965.
- Mithila, J., McLean, M.D., Chen, S. and Christopher Hall, J.** (2012). Development of near-isogenic lines and identification of markers linked to auxinic herbicide resistance in wild mustard (*Sinapis arvensis* L.). *Pest Management Science*, **68**: 548-556.
- Patzoldt, W.L., Hager, A.G., McCormick, J.S. and Tranel, P.J.** (2006). A codon deletion confers resistance to herbicides inhibiting protoporphyrinogen oxidase. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **103**: 12329-12334.
- Petit, C., Bay, G., Pernin, F. and Delye, C.** (2010). Prevalence of cross-or multiple resistance to the acetyl-coenzyme A carboxylase inhibitors fenoxaprop, clodinafop and pinoxaden in black-grass (*Alopecurus myosuroides* Huds.) in France. *Pest Management Science*, **66**: 168-177.
- Powles, S.B.** (2018). *Herbicide Resistance in Plants: Biology and Biochemistry*. CRC Press, FL, USA.
- Prakash, N.R., Singh, R.K., Chauhan, S., Sharma, M.K., Bharadwaj, C., Hegde, V., Jain, P., Gaur, P. and Tripathi, S.** (2017). Tolerance to post-emergence herbicide Imazethapyr in chickpea. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, **77**: 400-407.
- Rekha, K.B., Jayalakshmi, V., T., Srinivas, M.S.R. and Umamaheswari, P.** (2017). Genetic variability for selective tolerance to imazethapyr in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Journal of Food Legumes*, **30**: 30-35.
- Rizwan, M. and Akhtar, S.** (2015). Development of herbicide resistant crops through induced mutations. *Advancements in Life Sciences*, **3**: 01-08.
- Salas, R.A., Dayan, F.E., Pan, Z., Watson, S.B., Dickson, J.W., Scott, R.C. and Burgos, N.R.** (2012). EPSPS gene amplification in glyphosate-resistant Italian ryegrass (*Lolium perenne* ssp. multiflorum) from Arkansas. *Pest Management Science*, **68**: 1223-1230.
- Sathasivan, K., Haughn, G.W. and Murai, N.** (1991). Molecular basis of imidazolinone herbicide resistance in *Arabidopsis thaliana* var Columbia. *Plant Physiology*, **97**: 1044-1050.
- Shabani, A., Zebarjadi, A., Mostafaei, A., Mohsen, S. and Poordad, S.S.** (2016). Identification of drought stress responsive proteins in susceptible genotype of chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Plant Genetic Researches*, **3(1)**: 1-12 (In Persian).
- Shaner, D.L., Lindenmeyer, R.B. and Ostlie, M.H.** (2012). What have the mechanisms of resistance to glyphosate taught us?. *Pest Management Science*, **68**: 3-9.
- Sharma, S.** (2017). Genetic Variation for Tolerance to Herbicide Imazethapyr in Lentil (*Lens culinaris* Medik). *Archives of Agronomy and Soil Science*, **64(13)**: 1818-1830.
- Singh, S., Singh, I., Kapoor, K., Gaur, P., Chaturvedi, S., Singh, N. and Sandhu, J.** (2014) *Chickpea in Broadening the Genetic Base of Grain Legumes*. Springer, Berlin Heidelberg, DE.
- Tahmasbali, M., Darvishzadeh, R. and Fayaz Moghaddam, A.** (2020). Estimating breeding value of agronomic traits in oriental tobacco genotypes under broomrape stress and normal conditions. *Plant Genetic Researches*, **7(1)**: 103-126 (In Persian).
- Tan, S., Evans, R.R., Dahmer, M.L., Singh, B.K. and Shaner, D.L.** (2005). Imidazolinone-tolerant crops :history, current status and future. *Pest Management Science*, **61**: 246-257.
- Taran, B., Warkentin, T., Vandenberg, A. and Holm, F.** (2010). Variation in chickpea germplasm for tolerance to imazethapyr and imazamox herbicides. *Canadian Journal Of Plant Science*, **90**: 139-142.
- Toker, C., Uzun, B., Ceylan, F. and Ikten, C.** (2014) *Chickpea in Alien Gene Transfer in Crop Plants, Volume II*. Springer, Berlin Heidelberg, DE.
- Vencill, W.K., Nichols, R.L., Webster, T.M., Soteris, J.K., Mallory-Smith, C., Burgos, N.R., Johnson, W.G. and McClelland, M.R.** (2012). Herbicide resistance: toward an understanding of resistance development and the impact of herbicide-resistant crops. *Weed Science*, **60**: 2-30.
- Wang, J.G., Lee, P.K.M., Dong, Y.H., Pang, S.S., Duggleby, R.G., Li, Z.M. and Guddat, L.W.** (2009). Crystal structures of two novel sulfonylurea herbicides in complex with *Arabidopsis thaliana* acetohydroxyacid synthase. *The FEBS Journal*, **276**: 1282-1290.
- Wexler, P., Anderson, B.D., Gad, S.C., Hakkinen, P.B., Kamrin, M., De Peyster, A., Locey, B., Pope, C., Mehendale, H.M. and Shugart, L.R.** (2014) *Encyclopedia of Toxicology*. Academic Press, US National Library of Medicine, Bethesda, MD, USA.
- Yadav, S.S. and Chen, W.** (2007) *Chickpea Breeding and Management*. CABI, Wallingford, UK.
- Yasin, J., Al-Thahabi, S., Abu-Irmaileh, B., Saxena, M. and Haddad, N.** (1995). Chemical weed-control in chickpea and lentil. *International Journal of Pest Management*, **41**: 60-65.
- Yu, Q., Collavo, A., Zheng, M.-Q., Owen, M., Sattin, M. and Powles, S.B.** (2007). Diversity of acetyl-coenzyme A carboxylase mutations in resistant *Lolium* populations: evaluation using clethodim. *Plant Physiology*, **145**: 547-558.

Investigating The Genetic Resistance of Some Iranian Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Cultivars to Pursuit Herbicide

Seyyed Mohsen Sohrabi¹ and Seyed Karim Mousavi^{2,*}

1-Assistant Professor, Department of Production Engineering and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

2-Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran

(Received: November 26, 2022 – Accepted: March 7, 2023)

Abstract

Chickpea (*Cicer arietinum* L.) is one of the most important crops in the world. After bean and pea, chickpea is the most important cold season legume. Weeds are one of the most important threats to chickpea production worldwide. Due to the sensitivity of chickpea to herbicides, the majority of herbicides are used pre-emergence and the use of post-emergence herbicides is limited, and therefore weeds cause a significant decrease in chickpea yield. Therefore, herbicide-tolerant chickpea cultivars that have a higher flexibility for post-emergence herbicide application are needed to improve the chickpea yield. In this study, using seed bioassay and PCR method, resistance mechanism of Iranian chickpea cultivars to Pursuit herbicide was investigated. The results showed a significant genotypic and phenotypic variation among Iranian chickpea cultivars for tolerance to the Pursuit herbicide. The results did not show a difference between the target genes of Pursuit herbicide, ALS1 and ALS2, in all investigated cultivars with that of the reference sequences in the GenBank. This proves that the resistance observed in different chickpea cultivars to the herbicide Pursuit is not associated with the target site resistance mechanism and probably follows a non-target resistance mechanism. The superior genotypes of this study (Bivanij, Aksou, Mansour, TDS-Maragheh90-400 and TDS-Maragheh90-358) can be recommended to farmers and also suggested as parents to produce natural herbicide resistant chickpea plants in breeding programs.

Keywords: Resistant cultivars, Target proteins, Post-emergence herbicides, Weeds, Target site resistance

* Corresponding Author, E-mail: k.mousavi@areeo.ac.ir