

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



دانشگاه زابل

مدیریت تحصیلات تکمیلی

دانشکده کشاورزی

گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی

پایان نامه جهت اخذ درجه دکتری در رشته بیوتکنولوژی گیاهی

## بررسی ترانسکریپتومی و شناسایی ژن های دخیل در تعیین جنسیت نخل خرما با استفاده از تکنیک RNA-SEQ

استادان راهنما:

دکتر صالحه گنجعلی

دکتر لیلا فهمیده

استاد مشاور:

دکتر حامد حسن زاده خانکهدانی

دکتر حدیث کرد

تهیه و تدوین:

ایوب مزارعی

تابستان ۱۴۰۲

## چکیده

گلدهی و میوه‌دهی در درختان خرما کند بوده و در اواخر سال پنجم رشد، نر یا ماده بودن آنها محرز می‌گردد. لذا نیاز است جنسیت گیاهچه‌های بوجود آمده از بذر و یا کشت بافت برای طراحی و کشت گیاهان نر و ماده در نخلستان مشخص گردد. از این رو به منظور بررسی و مقایسه ژن‌های هدف دخیل در گلدهی و جنسیت نخل خرما، ترانسکریپتوم‌های ارقام نر و ماده نخل خرما (۱۳ نر و ۱۲ ماده) با روش Illumina Hiseq 2500 توالی‌یابی شدند. از این رو بر اساس نتایج مشخص شد که در گلدهی نخل خرما ژن‌های شناسایی شده در سه مسیر تناوب نوری (با تعداد ۱۵ ژن) خودانگیزی (با تعداد ۷ ژن) و مسیر جیبرلین (با تعداد ۲ ژن) نقش دارند در حالیکه در مسیر بهاره سازی هیچ ژنی شناسایی نشد. نتایج در قالب عبارات‌های آنتولوژی ژن تجزیه و تحلیل شد و مشخص گردید که از زمان قبل از گلدهی تا شروع گلدهی و تا خروج اسپات از قسمت مرکزی درخت، ژن‌های هسته‌ای دارای بیشترین میزان بیان هستند به طوری که طی بازسازی شبکه هم‌بیانی ژنی مشخص شد که ۱۵۰۰ ژن دارای بیان متفاوتی نسبت به سایر ژن‌ها می‌باشند به گونه‌ای که بر اساس تجزیه و تحلیل شبکه‌های تنظیمی مورد بررسی مشخص شد که دو ژن CUL1 و LOG3 به ترتیب در جنس نر و ماده دارای نقش بیشتر و کلیدی‌تری در شبکه‌های ژنی مورد بررسی نسبت به سایر ژن‌های داشتند. با توجه به اینکه پژوهش حاضر به نوبه خود جزو اولین پروژه‌های تحقیقاتی در راستای شناسایی ژن‌های دخیل در مسیرهای گلدهی و جنسیت نخل خرما می‌باشد، می‌توان احتمال داد که بتوان با شناسایی و مقایسه ژن‌های دخیل در مسیرهای مختلف گلدهی و جنسیت و شناسایی عامل یا عوامل ژنتیکی مؤثر بر کنترل آنها زمینه را برای انجام تحقیقات آتی کاربردی فراهم نمود.

کلیدواژه‌ها: ارقام نر و ماده خرما، توالی‌یابی RNA، ترانسکریپتوم مقایسه‌ای، ژن‌های متفاوت بیان شونده، شبکه‌های تنظیمی

## **Abstract**

Flowering and fruiting in date trees was slow. At the end of the fifth year of growth, it is determined whether they are male or female. Therefore, it is necessary to determine the gender of seedlings produced from seeds or tissue culture for the design and cultivation of male and female plants in the field. Therefore In order to investigate and compare target genes involved in flowering and sex of date palm, the transcriptomes of male and female date palm cultivars (13 males and 12 females) were sequenced by Illumina Hiseq 2500 method. The beginning of flowering time in plants is a completely controlled phenomenon that depends on the environmental and internal parameters of the plant and it is controlled by the regulatory network of genes. Based on the results of this research, the identified genes had a role in three Photoperiodic pathways (with 15 genes), Autonomous (with 7 genes) and Gibberellin pathway (with 2 genes), While no gene was detected in the path of Vernalization. Photoperiodism. Gene ontology results were analyzed and it was found that from before flowering to the beginning of flowering and until the flower exits from the central part of the activity tree, nuclear genes have the highest increase in expression. So that during the reconstruction of the gene co-expression network, it was determined that 1500 genes had different expression compared to other genes, so that based on the analysis of the investigated regulatory networks, it was determined that two genes, SOQ and LOG3, were expressed in males and females, respectively. had a more and more key role in the studied gene networks compared to other studied genes. Therefore, considering that the present study is one of the first research projects to identify the genes involved in the flowering pathways of date palm, Perhaps by identifying and comparing the genes involved in different flowering pathways and identifying the genetic factor or factors affecting their control, it is possible to provide the ground for future applied research and the production of suitable cultivars in this valuable plant.

**Keywords:** Male and Female date palm cultivars, RNA-Seq, Comparative transcriptome, Differentially expressed genes, Regulatory network



University of Zabol  
Graduate School  
Faculty of Agriculture  
Department of Plant breeding and Biotechnology

Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirement for the Degree of PhD in  
Biotechnology in Agriculture

**Title**  
**Transcriptomics analysis and identification of genes  
involved in sex determination of date palm using RNA-  
SEQ technique**

**Supervisor**  
Dr. S. Ganjali  
Dr. L. Fahmideh

**Advisors**  
Dr. H. Hassanzadeh Khankahdani  
Dr. H. Kord

**By**  
A. Mazarie

**Summer 2023**