ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۳
صفحه ۲۱۸-۲۰۷

تجزیه QTL برخی صفات فنولوژیک و مورفولوژیک جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Seri M82 و Babax تحت تنش شوری

QTL analysis of some phenological and morphological traits in Babax and Seri M82 recombinant inbred line population of wheat during salinity stress

نفیسه مهدی‌نژاد*[۱]، منصور امیدی[۱]، محمدرضا جلال‌کمالی[۲]، محمدرضا نقوی[۱]، براتعلی فاخری[۳]

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری و استادان پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران
۲- محقق ارشد مرکز بین المللی تحقیقات ذرت و گندم
۳- استادیار، دانشگاه زابل

Mahdinejad N*[1], Omidi M[1], Jalalkamali MR[2], Naghavi MR[1], Fakheri BA[3]

1. PhD Student and Professors, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Iran.
2. Principal Researcher, International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Karaj, Iran.
3. Assistant Professor, University of Zabol, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: nafisehrigi@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۲/۱/۹- تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳۰)

چکیده

به منظور نقشه‌یابی QTLهای کنترل‌کننده ۹ صفت فنولوژیک و مورفولوژیک گندم، جمعیتی شامل ۱۶۷ لاین اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی Seri M82 و Babax به همراه دو والد مورد مطالعه قرار گرفتند. این تحقیق در سال زراعی ۱۳۹۰ در قالب دو طرح آلفا لاتیس با دو تکرار تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری اجرا شد. صفات تعداد روز از سبز شدن تا ظهور سنبله، تعداد روز از سبز شدن تا گرده افشانی، ارتفاع گیاه، تعداد سنبله در واحد سطح، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند. تجزیه QTL به روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب برای هر محیط به طور مجزا و برای میانگین دو محیط انجام گرفت. بر اساس نتایج تجزیه واریانس مرکب، اثر اصلی رقم برای کلیه صفات مورد بررسی معنی‌دار بود. برای کلیه صفات تفرق برتر از والدین در دو جهت مثبت و منفی مشاهده شد. برای صفات مورد مطالعه در مجموع ۲۷ QTL بدست آمد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTL ها از ۵/۰ تا ۱۶/۰ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب برای صفات تعداد روز تا گرده‌افشانی و وزن هزار دانه در شرایط نرمال و تنش شوری بدست آمد. LOD در دامنه ۴/۰۵-۲/۵۲ قرار داشت. بیشترین و کمترین LOD به ترتیب مربوط به QTL های شاخص برداشت در میانگین دو شرایط و وزن هزار دانه در شرایط تنش شوری بدست آمد. اکثر QTL های نقشه یابی شده از پایداری لازم برخوردار نبودند. لذا به نظر می‌رسد که استفاده از گزینش به کمک نشانگر در این جامعه برای صفات تحت بررسی از کارایی لازم برخوردار نباشد.

واژه‌های کلیدی

تنش شوری
جایگاه صفت کمی
عملکرد
گندم
لاین های اینبرد نوترکیب

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

مقدمه

شوری در ایران و بسیاری از مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان به عنوان یک مشکل رایج کشاورزی و عامل محدودکننده رشد و عملکرد گیاهان زراعی محسوب می‌شود. شوری آب و خاک‌های زراعی از جمله عواملی هستند که مانع دستیابی به عملکرد مطلوب گیاهان زراعی می‌شوند، به گونه‌ای که بر اساس گزارش فائو (FAO 2008) در مناطق شور، این مسئله سبب کاهش ۱۰ الی ۶۰ درصدی عملکرد گیاهان زراعی شده است. در این مناطق زارعین سعی می‌کنند که با مصرف نهاده‌های بیشتر مانند کود، بذر و آب خسارت‌های ناشی از شوری را جبران کنند که گاهی اوقات هزینه این نهاده‌ها حدود ۶۵ درصد درآمد کشاورزان را شامل می‌شود. هر چند طی دهه‌های اخیر راه‌حل‌های زیادی جهت جلوگیری از کاهش عملکرد گیاهان زراعی تحت تنش شوری مورد توجه قرار گرفته ولی استفاده از روش‌های مهندسی ژنتیک به عنوان عامل اصلی موفقیت، تولید و معرفی ارقام متحمل به تنش شوری مورد شناسایی قرار گرفته است (Munns and Tester 2008). افزایش تحمل به شوری گیاهان زراعی موجب ثبات عملکرد گیاهان در خاک‌های شور شود (Munns et al. 2006). علاوه بر این، تحمل به شوری نیاز به آبشویی را کاهش داده و سبب کاهش هزینه برنامه آبیاری می‌شود Pitman and (Lauchli 2002). روش‌های مرسوم اصلاح نباتات، برای بهبود صفات زراعی در گندم دارای دستاوردهای بسیار مفیدی هستند، ولی برای انتخاب لاین‌های برتر نیاز به خلوص جوامع و دسترسی به نسل‌های پیشرفته اصلاحی می‌باشد. توسعه فن‌آوری نشانگرهای مولکولی، تهیه نقشه‌های لینکاژی ژنومی با چگالی بالا را برای بسیاری از گیاهان از جمله گندم امکان‌پذیر کرده است. با رشد سریع تهیه نقشه‌های لینکاژی متراکم بر اساس نشانگرهای مولکولی و یافتن جایگاه صفت مسئول تنوع کمی (QTL) و استفاده از آن برای گزینش به کمک نشانگر (MAS)، انتخاب در نسل‌های اولیه برنامه های اصلاحی امکان‌پذیر شده و کارایی آن بهبود یافته است (Han et al. 1997; Ayoub et al. 2003). در این روش تفرق همزمان صفات کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می‌شود و در نهایت تعداد ژن‌ها (عوامل موثر)، نوع عمل آنها، میزان اثر هریک برآورد و مکان QTL روی ژنوم شناسایی می‌شود. دانش جایگاه، تعداد و اثرات QTL ها می‌تواند اصلاح‌گران را به درک کنترل ژنتیکی صفات گیاه و کمک به عمل انتخاب برای بهبود و اصلاح گیاهان یاری کند (Broman and Speed. 1999).

به دلایل مختلفی مانند وراثت‌پذیری پایین و عدم امکان گزینش تا زمان برداشت، به نژادگران همواره به دنبال یافتن خصوصیاتی بوده‌اند که علاوه بر وراثت پذیری بالا و همبستگی با عملکرد، گزینش آنها آسانتر باشد. مطالعات زیادی در خصوص شناسایی QTL های کنترل‌کننده عملکرد دانه و دیگر صفات مرتبط با آن مانند مدت زمان کاشت تا مرحله گرده‌افشانی، ارتفاع بوته، وزن دانه و تعداد دانه در شرایط محیطی مختلف از جمله تنش خشکی گزارش شده است (Huang et al. 2006; Marza et al. 2006; Snap et al. 2007; Rebetzke et al. 2008).

Borner et al. (2002) پژوهش گسترده‌ای برای شناسایی QTL های مربوط به صفات مورفولوژیک، مقاومت به بیماری‌ها و آفات، عملکرد و کیفیت در جمعیت ITMI انجام دادند. در این تحقیق ۲۱۰ نوع QTL با LOD بالاتر از دو تشخیص داده شدند. این محققین برای ارتفاع، طول پدانکل و طول خوشه به ترتیب ۲۱، ۶ و ۱۰ مکان ژنی شناسایی کردند. Suzuky Pinto (2009) مطالعه‌ای را برای شناسایی QTL های مربوط به صفات مرفولوژیک، فنولوژیک و زراعی تحت شرایط تنش خشکی بر روی جمعیت تحت مطالعه گندم (SeriM82 و Babax) انجام دادند و موفق شدند ۱۰۴، QTL برای کلیه صفات شناسایی کنند. Ghaderi (2008) در ادامه تحقیقات Suzuky Pinto بر روی این جمعیت توانست چندین QTL جدید شناسایی کند. طوری‌که یک QTL جدید برای عملکرد دانه بر روی کروموزوم 6D، یک QTL جدید برای وزن هزار دانه بر روی کروموزوم 1D، یک QTL جدید برای تعداد دانه بر روی کروموزوم 6A، دوQTL برای صفت تعداد سنبله در متر مربع بر روی کروموزوم‌های 1B و 4B و دو QTL جدید برای ارتفاع بوته بر روی کروموزوم 1D شناسایی نمود. به دلیل پیچیدگی ژنوم گندم هگزاپلوئید، اثر متقابل QTL با محیط و وابستگیQTLها به ساختار ژنتیکی جمعیت، مطالعات بیشتری باید صورت گیرد تا بتوان با مقایسه نقشه‌های مختلف با قطعیت مکان QTL ها را شناسایی کرد. بنابراین هدف از این تحقیق تعیین مکان QTLها برای برخی صفات فنولوژیک و

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

مورفولوژیک، برآورد میزان تاثیر هر یک و تعیین نشانگرهای مولکولی پیوسته با آنها برای پیشنهاد جهت گزینش به کمک نشانگر می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جمعیت مورد مطالعه شامل نسل $F_{8.9}$ لاین‌های اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی دو رقم هگزاپلوئید خالص بهاره و نیمه پا کوتاه گندم به نام‌های SeriM82 (نسبتا حساس به خشکی و تنش‌های محیطی با تاریخچه انتخاب M31 IBWSN S-1 MX196-97) و Babax (متحمل به تنش خشکی و تنش‌های محیطی با تاریخچه انتخاب CM92066-J-0Y-0M-0Y-4M-0Y-0MEX-48BBB-0Y) است. این ارقام و ۱۶۷ لینه اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی آنها (Olivares-villegas et al. 2007) در قالب طرح آزمایشی آلفا لاتیس با دو تکرار در پنج بلوک و هر بلوک شامل ۳۴ کرت در آذر سال ۱۳۹۰ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرستان زابل با مختصات جغرافیایی بین ۶۰ درجه و ۱۵ دقیقه تا ۶۱ درجه و ۵۰ دقیقه طول جغرافیایی و۳۰ درجه و ۵۰ دقیقه شرقی تا ۳۱ درجه و ۲۸ دقیقه عرض جغرافیایی شمالی و با ارتفاع ۴۸۰ متر از سطح دریای آزاد کاشت شد. این منطقه دارای اقلیمی بیابانی با تابستان بسیار خشک و زمستان ملایم است. میانگین دمای سالانه ۲۱/۷، حداکثر مطلق دما ۴۹ و حداقل مطلق آن ۷- درجه سانتی‌گراد می‌باشد. میانگین سالانه رطوبت نسبی ۳۹/۲۰ درصد و میانگین بارندگی ۵۳ و تبخیر سالانه ۵۰۰۰-۴۰۰۰ میلی‌متر است. کاشت ارقام بر اساس تراکم ۴۵۰ بذر در متر مربع صورت گرفت. هر لاین در ۶ ردیف، با طول ۳ متر و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی متر کشت شد. در طول فصل زراعی مراقبت‌های زراعی لازم شامل مصرف کود سرک، وجین علف‌های هرز، کنترل آفات و بیماری‌ها از مزرعه به طور مطلوب انجام پذیرفت. آبیاری بر اساس نیاز و مرحله رشد گیاه و شرایط آب و هوایی منطقه ۵-۴ مرتبه در طول فصل زراعی انجام شد. آبیاری آزمایش نرمال با آب رودخانه و آبیاری آزمایش تنش شوری با آب شور چاه (۱۳/۵ دسی زیمنس) انجام شد. نه صفت شامل تعداد روز از کاشت تا ظهور سنبله (Aharizad et al . 2012)، تعداد روز از کاشت تا گرده‌افشانی (Nourkhalaj et al. 2009)، ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) (Zakizadeh et al. 2010)، تعداد سنبله در واحد سطح Zafarnaderi et al. (2013)، تعداد دانه در سنبله (Asgari et al. 2012)، وزن هزار دانه (گرم) (Zafarnaderi et al. 2013)، شاخص برداشت (Aharizad et al. 2012)، عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم/هکتار) (Zakizadeh et al. 2010) و عملکرد دانه (کیلوگرم/هکتار) (Zafarnaderi et al. 2013) مورد اندازه‌گیری و تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. اندازه‌گیری‌های بوته و سنبله بر روی سه نمونه تصادفی از یک متر مربع وسط هر کرت و سطح برداشت برای عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک از کل کرت (۳ متر مربع) انجام گرفت.

پس از میانگین‌گیری از داده‌های نمونه‌های مورد اندازه‌گیری از هر پلات تجزیه‌های آماری برای کلیه صفات شامل تجزیه واریانس مرکب برای دو شرایط تنش‌شوری و بدون تنش با رویه Mixed Model نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۲ انجام گرفت. اثر بلوک‌های ناقص و تکرارها تصادفی در نظر گرفته شد. همبستگی ساده فنوتیپی بین صفات برای میانگین دو شرایط نرمال و تنش شوری محاسبه شد. آماره‌های ساده (آماره‌های توصیفی) برای هر صفت به طور مجزا روی میانگین شرایط نرمال و تنش‌شوری محاسبه شد. اختلاف بین والدین (P_1- P_2) با LSD حاصل از تجزیه واریانس والدین و اختلاف بین میانگین والدین و میانگین رگه‌های اینبرد نو ترکیب ($\bar{x}_{RIL} - \bar{x}_P$)، پیشرفت ژنتیکی در جهت مثبت ($GG_N=W_{RIL}-W_p$) و منفی ($GG_p=B_{RIL}-B_p$) با LSD حاصل از تجزیه واریانس رگه‌های اینبرد نوترکیب به همراه والدین مقایسه شدند. ضرایب تنوع ژنتیکی (GCV)، محیطی (ECV) و فنوتیپی (PCV) از تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها حاصل شد. بدین منظور ابتدا واریانس‌های ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی با مساوی قرار دادن اجزای مورد انتظار (امید ریاضی) واریانس‌ها با میانگین مربعات مربوط محاسبه شد. سپس ضرایب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی از نسبت انحرافات معیار به میانگین تعیین شد. توارث-پذیری عمومی صفات و پیشرفت ژنتیکی (حاصلضرب دیفرانسیل گزینش استاندارد شده، قابلیت توارث و انحراف معیار فنوتیپی) نیز محاسبه شد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

نقشه لینکاژی نشانگرهای مولکولی شامل 249 نشانگر AFLP، ۷۴ نشانگر SSR و ۲۶۴ نشانگر DArT بود که توسط Mclntyre et al. (2010) تهیه شده است. تجزیه QTL به طور مجزا برای هریک از شرایط تنش شوری، نرمال و میانگین (Siahsar et al. 2009; Taleei et al. 2009 ; Siahsar and Narouei 2010) آنها انجام گرفت. برای تعیین QTLها و برآورد اندازه اثرات آنها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) استفاده شد. حداقل LOD برای شناسایی QTL ها ۲/۵ و حداقل فاصله پویش دو سانتی مورگان در نظر گرفته شد. نشانگرهای پس زمینه (Cofactor) با رگرسیون مرحله‌ای (Stepwise regression) تعیین شدند. علاوه بر تعیین جایگاه و میزان اثر هر QTL، واریانس فنوتیپی که توسط هر یک از QTLها و نیز توسط مجموع QTLها در یک مدل رگرسیون چندگانه توجیه می‌شد، محاسبه شد. قله های LOD موقعیت QTL را نشان داد. اثرات QTL در قله موقعیت QTL و حدود اعتماد ۹۵ درصد QTL ها بدست آمد. تجزیه QTL با نرم‌افزار WinQTL Cartographer 2.5 انجام گرفت.

نتایج و بحث

بررسی توزیع فراوانی داده‌های فنوتیپی حاکی از وجود توزیع نرمال در همه صفات بود (فرض اولیه تجزیه QTL). تجزیه واریانس مرکب ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم و والدین آنها در جدول ۱ نشان داده شده است. اثر رقم برای کلیه صفات مورد بررسی بسیار معنی‌دار ($P<$ ۰/۰۱) بود. این مسئله نشان‌دهنده تنوع بالا در داخل جمعیت بود. از آنجا که این جامعه لاین‌های نوترکیب خالص می‌باشند، لذا تنوع موجود در این جمعیت غالبا ناشی از اثرات افزایشی است. اثر محیط برای تمام صفات در سطح احتمال یک درصد ($P<$ ۰/۰۱) معنی‌دار بود. اثر متقابل محیط× رقم برای اکثر صفات معنی‌دار نبود. در نتیجه عکس‌العمل ارقام در مناطق مختلف یکسان بوده‌است. به عبارت دیگر هر رقم در مناطق مختلف وضعیت خود را حفظ کرده است. برآورد آماره‌های آماری ساده برای صفات مورد بررسی روی میانگین تیمارها در جدول ۲ نشان داده شده است. Babax نسبت به Seri M82 برای صفاتی چون ارتفاع گیاه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه مقادیر بیشتر و برای سایر صفات مقادیر کمتری را نشان داد. اختلاف بین میانگین لاین‌های نوترکیب خالص و میانگین والدین برای کلیه صفات مورد بررسی غیرمعنی‌دار بود. در نتیجه لاین‌های نوترکیب خالص مورد مطالعه نماینده کل لاین‌های خالص ممکن حاصل از تلاقی SeriM82 و Babax بود و صفات مورد بررسی عمدتاً با اثرات جمع‌پذیر ژن‌ها کنترل می‌شدند. میانگین والدین برای کلیه صفات مورد بررسی در دامنهٔ تغییرات نتاج قرار گرفتند و ژنوتیپ‌های برتر از هر والد طیف وسیعی از تنوع صفات مورد مطالعه در نتاج را نشان داد. به عبارت دیگر بهترین لاین‌های اینبرد نوترکیب از نظر کلیه صفات مورد بررسی برتر از بهترین والد بود و اختلاف آنها برای اکثر صفات معنی‌دار بود. از طرف دیگر بدترین لاین‌های اینبرد نوترکیب از نظر کلیه صفات مورد بررسی بدتر از بدترین والد بود و اختلاف آنها برای بیشتر صفات معنی‌دار بود. این مسئله، بر وجود تفرق برتر از والدین در دو جهت مثبت و منفی دلالت دارد. در نتیجه، آلل‌های زیادی بین دو لاین والدینی برای کنترل صفات مربوط به تنش شوری پراکنده شده‌اند. تفکیک متجاوز از والدین بیانگر آنست که آلل‌های هر دو والد در نمود صفات دخالت دارند و ترکیب آنها به مقادیر بالاتر یا پایین‌تر از والدها منجر شده است. ضرایب تنوع فنوتیپی برای کلیه صفات مورد بررسی بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی بودند. ولی در بسیاری از حالات این دو تفاوت کمی داشتند. این مسئله، نشان‌دهنده اثرات کم عوامل محیطی در برآورد آنهاست. ضریب تنوع محیطی صفت شاخص برداشت بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی آن بود. لذا، محیط نقش عمده‌ای در ظهور این صفات داشت و انتخاب برای اصلاح چنین صفاتی موثر نخواهد بود. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت تعداد سنبله در متر مربع و کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط به صفت شاخص برداشت بود. توارث‌پذیری بالا صفات بدان معناست که صفت به مقدار زیادی توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شود و انتخاب برای اصلاح چنین صفتی مفید است. با توجه به تنوع موجود برای اکثر صفات، استنباط شد که انتخاب برای بهبود آنها موثر خواهد بود. با این حال، کارایی انتخاب بستگی به مقدار توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی موردانتظار دارد. صفاتی که دارای توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالا هستند، ممکن است تحت کنترل عمل جمع‌پذیر ژن‌ها

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم و والدین آنها برای ۹ صفت مورفولوژیک و فنولوژیک.

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات			
		DHE	DAnth	PLH (cm)	Spike (m^{-2})
محیط	۱	۲۱/۶۱**	۵۷۳/۱۵**	۷۲۴۸/۱۷**	۶۰۵۹۵۹/۱۱**
تکرار (محیط)	۲	۶۹/۰۵**	۵/۷۰^{ns}	۵۳۱/۵۶**	۳۲۴۷/۶۱^{ns}
بلوک (تکرار×محیط)	۱۶	۲/۸۲^{ns}	۳/۱۶^{ns}	۱۴۵/۹۵**	۶۳۶۲/۹۰^{ns}
ژنوتیپ	۱۶۸	۱۱/۸۵**	۱۵/۱۴**	۸۸/۰۳**	۱۴۶۴۲/۲۸**
ژنوتیپ×محیط	۱۶۸	۶/۷۸**	۳/۵۹*	۳۰/۶۲^{ns}	۴۱۷۵/۸۷^{ns}
خطا	۳۲۰	۲/۵۷	۲/۷۹	۴۶/۸۴	۴۰۱۷/۰۶
ضریب تغییرات (٪)		۱/۴۳	۱/۴۲	۱۴/۵۸	۱۶/۴۸
ضریب تبیین		۸۱/۱۹	۸۱/۴۹	۶۷/۹۴	۷۵/۵۶

ns، * و ** به ترتیب عدم اختلاف معنی‌دار و معنی‌دار بودن در سطوح احتمال پنج و یک درصد. DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ DAnth) تعداد روز تا گرده افشانی؛ PLH) ارتفاع گیاه؛ spike) تعداد سنبله در متر مربع.

ادامه جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم و والدین آنها برای ۹ صفت مرفولوژیک و فنولوژیک.

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات				
		GN spike	BY ($Kgha^{-1}$)	TGW (g)	HI (%)	GY ($Kgha^{-1}$)
محیط	۱	۴۴۰۴/۸۱**	۳۶۱۵۳۹۷۱/۳۹**	۳۶۰۹/۵۸**	۴۰۹/۳۸**	۷۵۹۲۳۸۷/۱۹**
تکرار (محیط)	۲	۳۹/۷۳^{ns}	۴۱۶۰۳۴/۲۰*	۱۵/۵۴^{ns}	۸۰/۴۳^{ns}	۱۴۸۷۹۸/۹۸**
بلوک (تکرار× محیط)	۱۶	۶۵/۲۸^{ns}	۳۰۴۹۲۱/۷۰**	۱۲/۹۵^{ns}	۳۵/۷۵^{ns}	۵۱۶۳۲/۳۲*
ژنوتیپ	۱۶۸	۹۹/۸۵**	۳۷۰۷۶۴/۱۵**	۴۸/۲۶**	۵۹/۵۵**	۷۵۱۱۳/۶۲**
ژنوتیپ× محیط	۱۶۸	۲۷/۹۲^{ns}	۱۰۰۶۷۶/۸۷^{ns}	۵/۹۶^{ns}	۴۱/۴۴**	۲۹۹۶۲/۲۸^{ns}
خطا	۳۲۰	۴۵/۲۷	۱۱۸۲۰۱/۰	۲۴/۹۲	۲۲/۳۰	۲۷۸۷۰/۴۴
ضریب تغییرات (٪)		۲۱/۲۱	۲۲/۱۷	۱۶/۲۰	۱۱/۷۸	۲۶/۷۶
ضریب تبیین		۶۵/۱۲	۷۶/۱۵	۶۲/۱۲	۷۱/۸۷	۷۴/۶۴

ns، * و ** به ترتیب عدم اختلاف معنی‌دار و معنی‌دار بودن در سطوح احتمال پنج و یک درصد. GN spike) تعداد دانه در سنبله؛ BY) عملکرد بیولوژیک؛ TGW) وزن هزار دانه؛ HI) شاخص برداشت ؛ GY) عملکرد دانه.

باشند و انتخاب برای آنها مفید باشد. علاوه بر این، برآورد بالای قابلیت توارث و بازده ژنتیکی ممکن است به دلیل واریانس محیطی پایین صفات باشد. وراثت‌پذیری کم همراه با پیشرفت ژنتیکی کم نشان می‌دهد که صفت به مقدار زیادی تحت‌تاثیر عوامل محیطی است و انتخاب موثر نخواهد بود (Farahadfar 2010). در شدت انتخاب ۵ درصد میزان بازده ژنتیکی مورد انتظار به ترتیب از ۲/۲۸ تا ۱۸۵/۰۰ متغیر بود. صفت تعداد سنبله در متر مربع دارای توارث‌پذیری و بازده ژنتیکی بالایی بودند، بنابراین در توارث‌پذیری این صفت احتمالاً کنترل ژنتیکی جمع‌پذیر وجود دارد. توارث‌پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی کم برای صفات تعداد روز تا گرده‌افشانی، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه نشان داد که اثرات غیر جمع‌پذیر ژنها سهم قابل ملاحظه‌ای را در توارث این صفات دارا می‌باشند و انتخاب در چنین مواردی موثر نخواهد بود. همبستگی‌های ساده فنوتیپی ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب به همراه والدین‌شان برای نه صفت در میانگین دو شرایط نرمال و تنش شوری (Siahsar et al. 2009 ;Taleei et al. 2009; Siahsar and Narouei 2010) در جدول ۳ نشان داده شده است. بیشترین همبستگی به صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

جدول۲- آماره‌های ساده ۹ صفت در ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب و والدین‌شان برای میانگین دو شرایط نرمال و تنش شوری

	DHE	DAnth	PLH (cm)	Spike m^{-2}	GN spike	BY ($Kgha^{-1}$)	TGW (g)	HI (%)	GY ($Kgha^{-1}$)
Babax (P_1)	۱۱۳/۵۰	۱۱۶/۵۰	۵۱/۲۵	۳۴۰/۰۰	۳۶/۵۰	۱۹۶۶/۰۰	۳۶/۱۵	۳۸/۵۱	۷۶۲/۲۳
Seri M82 (P_2)	۱۱۴/۵۰	۱۱۹/۵۰	۴۱/۰۰	۳۰۴/۷۵	۳۳/۰۰	۱۰۸۹/۵۰	۳۵/۰۸	۴۴/۹۹	۴۹۰/۰۹۰
P_1- P_2	$-۱/۰۰^{ns}$	$-۳/۰۰^{**}$	$۱۰/۲۵^{*}$	$۳۵/۲۵^{ns}$	$۳/۵۰^{ns}$	$۸۷۶/۵۰^{**}$	$-۱/۰۷^{ns}$	$-۶/۴۸^{*}$	$۲۷۲/۱۴^{**}$
$\bar{x}_P = (P_1 + P_2)/2$	۱۱۴/۰۰	۱۱۸/۰۰	۴۶/۱۲	۳۲۲/۳۷	۳۴/۷۵	۱۵۲۷/۷۵	۳۵/۶۱	۴۱/۷۵	۶۲۶/۱۵
Worst RIL	۹۸/۵۰	۱۰۵/۰۰	۳۶/۰۰	۲۲۱/۰۰	۱۸/۵۰	۱۰۴۲/۲۲	۱۶/۸۰	۳۱/۲۲	۴۲۱/۹۴
Best RIL	۱۱۶/۵۰	۱۲۲/۲۵	۵۶/۰۰	۵۴۴/۰۰	۴۳/۲۵	۲۵۳۰/۷۵	۴۰/۷۱	۵۶/۴۴	۱۰۱۹/۰۹
Range	۱۸/۰۰	۱۷/۲۵	۲۰/۰۰	۳۲۳/۰۰	۲۴/۷۵	۱۴۸۸/۵۳	۹/۴۱	۲۵/۲۲	۵۹۷/۱۵
$\bar{x}_{RIL}$	۱۱۲/۰۹	۱۱۷/۴۲	۴۶/۹۰	۳۸۵/۴۷	۳۱/۶۷	۱۵۵۰/۶۹	۳۰/۶۷	۴۰/۰۵	۶۲۳/۶۳
SD_{RIL}	۱/۷۷	۲/۰۰	۴/۸۰	۶۱/۹۰	۴/۹۷	۳۰۱/۱۱	۳/۶۲	۳/۹۲	۱۳۷/۱۷
CV_{RIL}	۱/۵۷	۱/۷۰	۱۰/۲۳	۱۶/۰۵	۱۵/۶۹	۱۹/۴۲	۱۱/۸۰	۹/۷۸	۲۱/۹۹
$\bar{x}_{RIL} - \bar{x}_P$	$-۱/۹۱^{ns}$	$-۰/۵۸^{ns}$	$۰/۷۸^{ns}$	$۶۳/۱۰^{ns}$	$-۳/۰۸^{ns}$	$۲۲/۹۴^{ns}$	$-۴/۹۴^{ns}$	$-۱/۷۰^{ns}$	$-۲/۵۲^{ns}$
$GG_N=W_{RIL}-W_p$	$-۱۵/۰۰^{**}$	$-۱۱/۱۵^{**}$	$-۵/۰۰^{ns}$	$-۸۳/۷۵^{*}$	$-۸/۰۰^{**}$	$-۴۷/۲۸^{ns}$	$-۱۸/۲۸^{*}$	$۲/۷۱^{*}$	$-۶۸/۱۵^{ns}$
$GG_p=B_{RIL}-B_P$	$۲/۰۰^{ns}$	$۲/۷۵^{*}$	$۴/۷۵^{ns}$	$۲۰۴/۰۰^{**}$	$۱۰/۲۵^{ns}$	$۵۶۴/۷۵^{*}$	$۱۴/۵۶^{ns}$	$۱۱/۴۵^{*}$	$۲۵۶/۸۶^{**}$
$GCV_{(\%)}$	۲/۰۰	۲/۸۹	۱۶/۱۵	۲۷/۸۳	۲۶/۷۴	۳۳/۵۲	۱۳/۵۳	۱۰/۶۲	۳۴/۰۷
$PCV_{(\%)}$	۲/۷۸	۳/۴۵	۲۱/۷۷	۳۲/۳۴	۳۴/۱۴	۴۰/۱۹	۱۷/۱۹	۱۷/۶۶	۴۳/۶۴
$ECV_{(\%)}$	۱/۴۲	۱/۴۲	۱۴/۵۹	۱۶/۴۷	۲۱/۲۱	۲۲/۱۷	۱۰/۳۹	۱۱/۷۸	۲۶/۷۶
$GC_{5\%}$	۲/۲۸	۵/۸۶	۱۳/۹۱	۱۸۵/۰۰	۱۶/۳۱	۲۶/۴۵	۱۴/۹۹	۵/۲۶	۳۷/۲۵
h^2	۰/۵۱	۰/۷۰	۰/۵۵	۰/۷۴	۰/۶۱	۰/۶۹	۰/۶۲	۰/۳۶	۰/۶۰

Pcv) ضریب تنوع فنوتیپی؛ Gcv) ضریب تنوع ژنوتیپی؛ Ecv) ضریب تنوع محیطی؛ $GC_{5\%}$) بازده ژنتیکی برای ۵ درصد گزینش؛ h^2) توراث پذیری خصوصی؛ DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ DAnth) تعداد روز تا گرده افشانی؛ PLH) ارتفاع گیاه؛ spike) تعداد سنبله در متر مربع؛ GN spike) تعداد دانه در سنبله ؛BY) عملکرد بیولوژیک؛ TGW) وزن هزار دانه ؛ HI) شاخص برداشت؛ GY) عملکرد دانه.

جدول ۳- ضرایب همبستگی ساده برای ۹ صفت فنولوژیک و مورفولوژیک در لینه های اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی SeriM82 و Babax

	DHE	DAnth	PLH (cm)	Spike (m^{-2})	GN spike	BY ($Kgha^{-1}$)	TGW (g)	HI (%)
DAnth	$۰/۷۸۶^{**}$							
PLH	$-۰/۰۶۱^{ns}$	$-۰/۰۳۲^{ns}$						
Spike	$-۰/۳۱۶^{**}$	$-۰/۲۹۱^{**}$	$۰/۳۲۶^{**}$					
GN spike	$۰/۲۶۴^{**}$	$۰/۳۰۹^{**}$	$-۰/۳۷۴^{**}$	$-۰/۰۳۱^{ns}$				
BY	$-۰/۰۵۹^{ns}$	$-۰/۰۳۵^{ns}$	$۰/۳۰۹^{**}$	$۰/۳۸۰^{**}$	$۰/۱۴۶^{*}$			
TGW	$۰/۰۹۱^{ns}$	$۰/۰۹۷^{ns}$	$۰/۰۱۱^{ns}$	$-۰/۰۱۷^{ns}$	$۰/۰۳۷^{ns}$	$-۰/۰۵۶^{ns}$		
HI	$۰/۰۸۹^{ns}$	$۰/۰۹۳^{ns}$	$۰/۱۲۹^{ns}$	$۰/۱۵۳^{*}$	$۰/۲۱۹^{**}$	$-۰/۰۰۴^{ns}$	$-۰/۰۶۰^{ns}$	
GY	$-۰/۰۱۲^{ns}$	$۰/۰۱۸^{ns}$	$۰/۳۵۱^{**}$	$۰/۳۹۹^{**}$	$۰/۲۴۷^{**}$	$۰/۸۹۷^{**}$	$-۰/۰۷۳^{ns}$	$۰/۴۱۷^{**}$

ns، * و ** به ترتیب عدم تفاوت معنی دار و معنی دار بودن در سطوح احتمال پنج و یک درصد. DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ DAnth) تعداد روز تا گرده افشانی؛ PLH) ارتفاع گیاه؛ spike) تعداد سنبله در متر مربع؛ GN spike) تعداد دانه در سنبله؛ BY) عملکرد بیولوژیک؛ TGW) وزن هزار دانه؛ HI) شاخص برداشت؛ GY) عملکرد دانه.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

(r=۰/۸۹۷**) تعلق داشت. همبستگی صفت تعداد روز تا سنبله دهی و تعداد روز تا گرده‌افشانی بالا و بسیار معنی‌دار بود (r=۰/۷۸۶**). همبستگی‌های بالای بین صفات ممکن است ناشی از هم مکانی QTLهای کنترل‌کننده آنها باشد. علاوه بر این، ممکن است تنوع یک صفت تنوع صفات دیگر را تشریح نماید (Siahsar et al. 2008).

QTL های کنترل کننده صفات فیزیولوژیک مربوط به ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Seri M82 و Babax در شرایط بدون تنش و اعمال تنش در جدول ۴ و شکل ۱ و برای میانگین آنها (Siahsar et al. 2009 ;Taleei et al. 2009 ; Siahsar and Narouei 2010) در جدول ۵ و شکل ۱ نشان داده شده است. برای صفات مورد بررسی در مجموع ۲۷ عدد QTL (۱۲ عدد برای شرایط نرمال، ۵ عدد برای شرایط تنش شوری و ۱۰ عدد برای میانگین دو شرایط) بدست آمد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از ۵/۰ تا ۱۶/۰ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب برای صفات تعداد روز تا گرده افشانی، وزن هزار دانه در شرایط نرمال و تنش شوری بدست آمد. LOD در دامنه ۴/۰۵-۲/۵۲ قرار داشت. بیشترین و کمترین LOD به ترتیب مربوط به QTL های شاخص برداشت و وزن هزار دانه در میانگین دو شرایط نرمال و تنش شوری و شرایط تنش شوری بود.

در شرایط نرمال دو QTL برای عملکرد دانه (Q1gy و Q2gy) بر روی کروموزوم‌های 2(1B) و 19 (7A) به ترتیب در جایگاه‌های ۵۷/۵۰ و ۶۹/۰ سانتی مورگان شناسایی شد که در مجموع ۱۵/۰۳ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این QTL ها به ترتیب با نشانگرهای Gwm413 و wPt-1748 پیوستگی داشتند و دارای اثر افزایشی ۸۹/۷۰ و ۸۰/۶۹ بودند. در شرایط تنش شوری هیچ QTL برای عملکرد دانه شناسایی نشد. در میانگین دو شرایط نرمال و تنش شوری برای عملکرد دانه دو QTL (Q1larm و Q2larm) روی کروموزوم‌های 8(3B) و 17(6B) در جایگاه ۱۱۸/۵۱ و ۲۷/۶۱ سانتی‌مورگان شناسایی شدند که در مجموع ۱۴/۲۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این QTLها به ترتیب دارای اثر افزایشی ۳۸/۱۱- و ۳۶/۱۸- بودند و با نشانگرهای aac/cac-5 و wPt-2095 لینکاژ داشتند. QTLهای مذکور با بعضی از QTLهای سایر صفات هم مکان می‌باشند، چنان که عملکرد بالا با افزایش عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد روز تا گرده‌افشانی و تعداد روز تا سنبله‌دهی همراه است. Huang et al. (2003) با بررسی عملکرد و اجزا عملکرد و هفت صفت زراعی در جمعیت F1 ، BC2 حاصل از تلاقی یک گندم زمستانه و یک لاین ساختگی گندم، در مجموع ۳۵، QTL برای عملکرد و اجزا آن روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2A، 2B، 3B، 4D، 5A، 5B، 5D ، 6A، 7A، 7B و 7D شناسایی کرد. برخی از QTLهای مذکور دارای اثرات پلیوتروپیک بوده و در چندین صفت تکرار شدند. فقط ۶، QTL از مجموع ۳۵، QTL گزارش شده دارای LOD بیشتر از ۳ بودند. Marza et al. (2005) با بررسی یک جمعیت RIL گندم حاصل از تلاقی clarkxning 7840 در بیش از یک محیط و با ارزیابی هر یک از محیط به طور مجزا ۲۰۶، QTL اصلی را برای ۱۵ صفت شامل عملکرد و اجزا آن و صفات زراعی مهم گندم گزارش کردند. QTLهای عملکرد دانه و اجزا آن در این تحقیق روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 3B، 4A ، 4B،5A، 5B، 6B، 7A و 7D ژنوم گندم نان قرار داشتند. برای صفات فنولوژی تعداد روز تا گرده‌افشانی و تعداد روز تا سنبله دهی ۵، QTL بر روی کروموزوم‌های 2D و 1B شناسایی شد که بین ۵ تا ۱۶ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کردند. Shindo et al. (2003) QTLهایی را برای زمان گلدهی بر روی کروموزوم‌های 7A گزارش کرده‌اند که حساسیت نوری و زمان گلدهی را کنترل کردند. برای تعداد دانه در سنبله، یک QTL برای شرایط نرمال و یکی برای شرایط تنش شوری شناسایی شد. که هر دو ۷ درصد از واریانس فنوتیپی را تبیین کرده‌اند. دو QTL به ترتیب بر روی کروموزوم‌های 6B و 3B برای شرایط نرمال و شوری شناسایی شد. QTL تعداد دانه در سنبله برای شرایط نرمال با QTL عملکرد بیولوژیک هم مکان بود. Marza et al. (2006) نیز در بررسی یک جمعیت RIL حاصل از تلاقی Ning 7840 و

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

Clark تعداد ۸ QTL را برای تعداد دانه بـر روی کرومـوزوم‌هـای 1A، 1B، 2B، 3B، 2D، 6A و 4B شناسایی کردند. Ghaderi et al. (2008) نیز سه QTL بر روی کرومـوزوم‌هـای 1D، 4D و 6B بـا اثرات افزاینده اللی نشات گرفتـه از هـر دو والـد Babax و Seri M82 در شرایط تنش خشکی مشاهده کردند.

تعداد یک QTL برای شرایط نرمال، دو QTL برای شـرایط تـنش شوری و یک QTL برای میانگین دو شرایط نرمال و شوری برای شاخص برداشت شناسایی شد که بـر روی کرومـوزوم‌هـای 3B، 2D و 7A قرار گرفته است. ایـن QTLهـا بـه ترتیـب در جایگـاه ۱۱۸/۵۱، ۷۰/۷۱، ۹۹/۳۱ و ۹۹/۳۱ برای شرایط نرمال، شـوری و میانگین دو شرایط واقع شده است و به ترتیب دارای اثر افزایشـی ۱/۴۷ – ، ۱/۲۲، ۱/۳۵– و ۱/۱۶– برای شـرایط نرمـال، شـوری و میانگین دو شرایط بود. Quarrie et al. (2006) نیز با بررسـی بـر روی یک جمعیت هاپلویید مضاعف Chinese Spring×SQ1 یک QTL برای شاخص برداشت را بـر روی کرومـوزوم 7A گـزارش کردند که افزایش شاخص برداشت در این QTL با QTL کنتـرل-کننده عملکرد دانه بالا همپوشانی داشـت. Ghaderi et al. (2008) نیز تعداد ۵ QTL برای شاخص برداشت بر روی کرومـوزوم‌هـای 1B، 1D، 5A، 6B و 7A لینه‌های اینبرد حاصل از تلاقی دو والـد Seri M82 و Babax در شرایط تنش خشکی شناسایی کردند. آنها عنوان کردند که الل‌های افزاینده برای QTLهـای شناسـایی شـده صفت شاخص برداشت، از هـر دو والـد Seri M82 و Babax بـه ارث رسیده‌اند که حکایت از داشتن الل‌های مفید هر دو والد برای این دو صفت دارند. در شرایط نرمـال سـه QTL بـرای عملکـرد بیولوژیک بر روی کروموزوم‌های 4A و 6B به ترتیب در جایگـاه های ۱۰۶/۳۱، ۱۹/۱۱ و ۲۷/۶۱ شناسایی شـد کـه در مجمـوع ۲۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. ایـن QTL ها به ترتیب بـا نشـانگرهای actcag-4، aac-caa-2 و wpt-2095 پیوسـتگی داشـتند و دارای اثـر افزایشـی ۱۰۸/۷۲–، ۱۲۴/۳۷– و ۱۰۶/۸۵– بودند. برای عملکرد بیولوژیک در شـرایط میـانگین دو شرایط یک QTL روی کروموزوم 6B شناسایی شـد. از مهمتـرین اهداف اصلاح‌گران نباتات، اصلاح ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و کیفیت برتر است که در محیط‌های متفاوت از پایداری لازم برخوردار باشند (Yadav et al. 2003). این مسئله به ویژه برای اصلاح‌گران گندم نیز صدق می‌کند، چرا که این محصول چند منظوره در اقصی نقاط جهان با شرایط اقلیمی متفاوت کشت می-شود. برای مقاصد اصلاحی اولین مسئله پایداری در ظهور QTL های نقشه‌یابی شده‌ای است که ممکن است کاندیدای گزینش به کمک نشانگر باشند. پایداری QTL ها در محیط‌ها و زمینه‌های ژنتیکی مختلف، مهمترین بخش گزینش به کمک نشانگر است. برای ارزیابی پایداری اثرات QTLها، جامعه نقشه‌کشی باید در شرایط محیطی و زمینه‌های ژنتیکی متفاوت مورد مطالعه قرار گیرد. در دو شرایط مورد مطالعه و میانگین آنها، اکثر QTLهای نقشه‌یابی شده از پایداری لازم برخوردار نبودند. به عبارت دیگر برای یک صفت در دو شرایط مورد بررسی و میانگین آنها، QTLهای متنوعی به دست آمد. یا اینکه، محل قرارگیری آنها کمی تفاوت داشت و یا اثرات آللی آنها متفاوت بود. در تجزیه QTL ممکن است محل قرار گیری یک QTL در جایگاه خاصی تعیین شود، در حالی که محل قرارگیری واقعی آن تا چندین سانتی‌مورگان از آن فاصله داشته باشد (Kearsey and Farquhar 1998). در تجزیه QTL تکرار آزمایش در چند محیط می‌تواند از اهمیت خاصی برخوردار باشد چرا که، بعضی از QTLها محیط اختصاصی هستند و در صورت عدم تکرار در محیط شناسایی نخواهند شد. گرچه جامعه گیاهی، نرم‌افزار، تابع نقشه کشی و تعداد و نوع نشانگرهای مورد استفاده نیز عواملی هستند که ممکن است نتایج بدست آمده یکسان نباشند (Siahsar and Narouei 2010). اثر QTL×E در مطالعات زیادی Lu et al. 1996; Yadav et al. (2003; Cogan et al. 2005) مشاهده شده است. عوامل محیطی از جمله شوری اندازه‌های کمی صفات را تحت‌تاثیر قرار می‌دهند. به عبارت دیگر میزان تنوع ممکن است در درجات متفاوت شوری متنوع باشد و موجب ناپایداری QTL ها شدند. علاوه بر این مقادیر متفاوت خطا در آزمایشات متفاوت نیز ممکن است موجب ناپایداری QTL شود. لذا برای اینکه بتوان ازQTLها در جهت بهبود ارقام زراعی استفاده کرد، نیاز به مطالعات زیادی در سال‌ها، مکان‌ها، زمینه‌های ژنتیکی متفاوت و همچنین جمعیت‌های مختلف می‌باشد. آثار آللی مثبت و منفی مربوط به QTLها، توجیه‌کننده

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

جدول ۴-QTL های ۹ صفت مربوط به ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم در شرایط نرمال و تنش شوری

صفت	QTL	نام کروموزوم	نزدیکترین نشانگر	موقعیت QTL	LOD		اثر آللی (افزایشی)		R^2	
					تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال
DHE	Q1dhen	2(1B)	aca/caa-3	۵۷/۱۱	–	۳/۳۴	–	۰/۵۹	–	۸/۰
	Q2dhen	2(1B)	agg/cat-18	۶۴/۹۱	–	۳/۴۴	–	۰/۶۰	–	۹/۰
Danth	Qdfln	2(1B)	gwm413	۵۷/۵۱	–	۲/۵۷	–	۰/۵۱	–	۵/۰۱
	Qdfln	6(2D)	gwm132a	۴۶/۵۱	–	۳/۲۹	–	−۰/۷۵	–	۱۶/۰
	Qdsts	2(1B)	wPt-5281	۳۷/۵۱	–	۳/۴۲	–	۰/۷۸	–	۸/۱۰
$Spikem^2$	Qdkhs	3(1D)	wPt-1770	۱۱/۱۱	۲/۸۷	–	۱۸/۲۵	–	۹/۱۲	–
Gn-Spike	Qdfln	17(6B)	wPt-3774	۲/۰۱	–	۲/۵۴	–	−۱/۴۷	–	۷/۰
	Qdmas	8(3B)	wPt-1940	۱۱۲/۲۱	۲/۹۷	–	−۲/۲۱	–	۷/۱	–
BY	Qdmin	10(4A)	act-cag-4	۱۰۶/۳۱	–	۲/۸۲	–	−۱۰۸/۷۲	–	۷/۰
	Q2dmin	17(6B)	aac-caa-2	۱۹/۱۱	–	۳/۶۳	–	−۱۳۴/۳۷	–	۸/۱
	Q3dmin	17(6B)	wPt-2095	۲۷/۶۱	–	۲/۷۴	–	۲۷/۶۱	–	۶/۰
TGW	Qgfps	7(3A)	wmc0532	۱۸/۸۱	۲/۵۲	–	۰/۸۶	–	۵/۰	–
H1	Q1dkhn	8(3B)	aac-cac-5	۱۱۸/۵۱	–	۳/۶۶	–	−۱/۴۷	–	۱۳/۲
	Qphts	6(2D)	wPt-0298	۷۰/۷۱	۲/۷۳	–	۱/۲۲	–	۵/۲۳	–
	Qphts	19(7A)	aag-ctg-7	۹۹/۳۱	۳/۲۰	–	−۱/۳۵	–	۷/۱	–
GY	Qgyn	2(1B)	gwm413	۵۷/۵۰	–	۲/۷۰	–	۸۹/۷۰	–	۶/۰
	Qgyn	19(7A)	wPt-1748	۶۹/۰۰	–	۲/۸۶	–	۸۰/۶۹	–	۹/۰۳

DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ DAnth) تعداد روز تا گرده افشانی؛ PLH) ارتفاع گیاه؛ spike) تعداد سنبله در متر مربع؛ GN spike) تعداد دانـه در سـنبله؛ BY) عملکرد بیولوژیک؛ TGW) وزن هزار دانه؛ HI) شاخص برداشت؛ GY) عملکرد دانه.

همبستگی‌های مثبت و منفی موجود بین صفات بود (جـدول‌هـای ۴ و ۵). به عبارت دیگر، آثار آللی هم علامـت موجـب همبسـتگی مثبت و آثار آللی با علامت مخالف موجـب همبسـتگی منفـی صفات شد. هم مکانی چند QTLها موجب همبستگی‌های بالای صفات شده است. هم مکانی بین QTLها بواسطه لینکاژ بین دو ژن یا اثر پلیوتروپی یک ژن است. پلیوتروپی به طور همزمان دو یا چند صفت (اجزای فرعی صفات) را کنترل می‌کنـد و وقتـی یک صفت انتخاب شود، موجـب کـاهش یـا افـزایش همزمـان صفات همبسته می‌شود. در پلیـوتروپی همبسـتگی بـین صـفات هرگز شکسته نمی‌شود (Siahsar and Narouei 2010

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

جدول ۵- QTL های ۹ صفت مربوط به تنش اسمزی در مرحله جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم در میانگین شرایط نرمال و تنش اسمزی

صفت	QTL	نام کروموزوم	نزدیکترین نشانگر	موقعیت QTL	LOD	اثر افزایشی	R^2
DHE	Qdflm	2(1B)	agg/cac-3	۶۵/۴۱	۳/۹	۰/۷۷	۹/۰
Danth	Q1dmam	2(1B)	wPt-5281	۳۹/۵۱	۲/۸۱	۰/۶۰	۸/۰۱
	Q2dmam	2(1B)	aca-cac-5	۵۳/۴۱	۲/۵۶	۰/۶۶	۸/۰
	Q3dmam	2(1B)	agg-cac-3	۶۵/۴۱	۲/۶۷	۰/۶۳	۶/۲۱
	Qdmam	19(7A)	aag-ctg-7	۹۹/۳۱	۲/۷۸	-۰/۷۱	۷/۱
BY	Qnnum	17(6B)	wPt-4930	۲۷/۴۱	۲/۷۶	-۸۰/۵۵	۸/۰
TGW	Qmlm	7(3A)	wmc0532	۱۸/۸۱	۲/۶۰	۰/۹۱	-۶/۲
HI	Qhim	19(7A)	aag-ctg-7	۹۹/۳۱	۴/۰۵	-۱/۱۶	۸/۲
GY	Qlarm	8(3B)	aac-cac-5	۱۱۸/۵۱	۳/۲۲	-۳۸/۱۱	۷/۹
	Q2larm	17(6B)	wPt-2095	۲۷/۶۱	۲/۷۴	-۳۶/۱۸	۶/۳

DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ DAnth) تعداد روز تاگرده افشانی ؛ PLH) ارتفاع گیاه؛ spike) تعداد سنبله در متر مربع؛ GN spike) تعداد دانه در سنبله؛BY) عملکرد بیولوژیک؛ TGW) وزن هزار دانه؛ HI) شاخص برداشت؛ GY) عملکرد دانه.

Siahsar et al. 2008;). همچنین ژن‌های خوشه‌ای صفات متفاوت ممکن است موجب همپوشانی QTLها شوند. با این وجود، برای فهم این که ماهیت نواحی کنترل‌کننده بیشتر از یک صفت، ناشی از پلیوتروپی، لینکاژ ژنی یا ژن‌های خوشه‌ای است، نقشه با چگالی بالا برای نقشه‌یابی مورد نیاز می‌باشد. اگرچه برای صفات فنولوژیک و فیزیولوژیک لاین‌های اینبرد گندم در این تحقیق QTLهای زیادی در دو شرایط نرمال و تنش شوری تعیین شد و پاره‌ای از آنها از پایداری لازم برخوردار بودند، ولی به نظر می‌رسد که بیشتر آنها در شرایط متفاوت مورد بررسی از پایداری لازم برخوردار نباشند و در بعضی از موارد پایداری آنها کم بود. بنابراین بازده گزینش به کمک نشانگر در این جامعه محدود خواهد بود. چرا که محیط نقش بسزایی در تظاهر فنوتیپی صفات دارد و جامعه حاصل از Seri M82 و Babax به منظور اصلاح و جدا سازی لاین‌های برتر جهت آزاد سازی برای استفادهٔ معمول درست نشده است.

منابع

Aharizad S, Sabzi M, Mohammadi SA, Khodadadi E (2012) Multivariate analysis of genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum* L.) recombinant inbred lines using agronomic traits. Annals of Biological Research 3:2118-2126.

Asgari HR, Cornelis W, Van Damme W (2012) Salt stress effect on wheat (*Triticum aestivum* L.) growth and leaf ion concentrations. International Journal of Plant Production 6:195-208.

Ayoub M, Armstrong E, Bridger G, Fortin MG, Mather DE (2003) Marker-based selection in barley for a QTL region affecting alpha amylase activity of malt. Crop Science 43: 556-561.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

Blanco A, Mangini G, Giancaspro A, Giove S, Colasuonno P, Simeone R, Signorile A, De Vita P, Mastrangelo AM, Cattivelli L, Gadaleta A (2011) Relationships between grain protein content and grain yield components through quantitative trait locus analyses in a recombinant inbred line population derived from two elite durum wheat cultivars. Molecular Breeding 10:1007-1032.

Broman KW, Speed TP (1999) A review of methods for identifying QTLs in experimental crosses. Statistical Molecular Biology Genetics, IMS Lecture. Notes Monograph Series 33: 42-114.

Borner A, Schumann E, Furste A, Coster H, Leithold B, Roder MS, Weber WE (2002) Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat. Theoretical Applied Genetics 105: 921-936.

Cogan NOI, Smith KF, Yamada T, Francki MG, Vecchies AC, Jones ES, Spangenberg GC, Forster JW (2005) QTL analysis and comparative genomics of herbage quality traits in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). Theoretical Applied Genetics 110: 364-380.

FAO (2008) FAOSTAT. Land and plant nutrition management service. Available at http://www.fao.org/ag/Agl/agll/spuch.

Farshadfar E (2009) New Discussions Biometrical Genetics. Islamic Azad University Press. Kermanshah. Iran. (In farsi)

Ghaderi MGh (2008) Mapping of quantitative trait loci associated with drought tolerance in wheat. Dissertation. University of Tehran. Iran (In farsi).

Ghaderi MG, Zeinalikhanghah H, Hosseinzadeh AH, Taleei AR, Naghavi MR (2008) Evaluation of relationships between grain yield, yield components and the other characteristics associated with grain yield in bread wheat using multivariate statistical analysis. Iranian Journal of Crop Research 7:572-582 (in Persian).

Han F, Romagosa I, Ullrich SE, Jones BL, Hayes PM, wesenberg D (1997) Molecular marker-assisted selection for malting quality traits in barley. Molecular Breeding 3: 427-437.

Huang XQ, Cloutier S, Lycar L, Radovanovic N, Humphreys DG, Noll JS, Somers DJ, Brown PD (2006) Molecular dissection of QTLs for agronomic and quality traits in a doubled haploid population derived from two Canadian wheats (*Triticaum aestivum* L.). Theoretical Applied Genetics 113:753-766.

Kearsey MJ, Farquhar AGL (1998) QTL analysis in plants: where are we now? Heredity 80:137-142.

Lu C, Shen L, Tan Z, Xu Y, He P, Chen Y, Zhu L (1996) Comparative mapping of QTL for agronomic traits in rice across environments using a doubled haploid population. Theoretical Applied Genetics 93: 1211-1217.

Marza F, Bai GH, Carver BF, Zhou WC (2006) Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840 Clark. Theoretical Applied Genetics 112: 688-698.

McIntyre CL, Mathews KL, Rattey A, Drenth J, Ghaderi M, Reynolds M, Chapman SC, Shorter R (2010) Molecular detection of genomic regions associated with grain yield and yield components in an elite bread wheat cross evaluated under irrigated and rainfed conditions. Theoretical Applied Genetics 120: 527-541.

Munns R, James RA, Lauchli A (2006) Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. Jurnal of Experimental Botany 57:1025-1043

Munns R, Tester (2008) Mechanisms of salinity tolerance. Annual Revew of Plant Biolology 59:651-681

Nourkhalaj K, Khodarahmi M, Amini A, Esmaeilzadeh M, Sadegh fulmoghadam R (2009) Study on correlation and causation relations of morphological traits in synthetic wheat lines. Agronomy Journal 6:7-17 (in Persian).

Olivares-Villegas JJ, Reynolds MP, McDonald GK (2007) Drought adaptive attributes in the Seri/Babax hexaploid wheat population. Functional Plant Bioliology 34:189-203.

Pitman MG, Lauchli A (2002) Global impact of salinity and agricultural ecosystems. In: Lauchli A, Luttge U (eds.). Salinity :Environment-Plants-Molecules. Dordrecht: Kluwer 3-20.

Quarrie SA, Quarrie SP, Radosevic R, Rancic D, Kaminska A, Barnes JD, Leverington M, Ceoloni C, Dodig D (2006) Dissecting a wheat QTL for yield present in a range of environments: from the QTL to candidate genes. Journal of Experimental Botany 57:2627-2637.

Rebetzke GJ, Condon AG, Richard RA, Farquhar GD (2005) Inheritance of reduced carbon isotope discrimination in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica 150:97-106.

Shindo C, Tsujimoto H, Sasakuma T (2003) Segregation analysis of heading traits in hexaploid wheat utilizing recombinanat inbred lines. Heredity 90: 56-63.

Siahsar BA, Taleii AR, Peighambari SA, Naghavi MR (2008) Mapping QTL of forage quality-related traits of barley. Iranian Journal of Field Crop Science 40: 35-45 (in farsi).

Siahsar BA, Peighambari SA, Taleii AR, Naghavi MR, Nabipour A, Sarrafi A (2009) QTL analysis of forage quality traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Cereal Research Communications 37: 479-488.

Siahsar BA, Narouei M (2010) Mapping QTLs of physiological traits associated with salt tolerance in Steptoe×Morex doubled haploid lines of barley at seedling stage. Journal of Food, Agriculture Environment 8: 751-759.

Snap JW, Foulkes MJ, Simmonds J, Leverington M, Fish LJ, Wang Y, Ciavarrella M (2007) Dissecting gene×environmental effects on wheat yields via QTL and physiological analysis. Euphytica 154: 401-408.

Suzuky Pinto R, Matthew P, Reynolds KL, Mathews C, McIntyre L, Olivares-Villegas JJ, Chapman SC (2010) Heat and drought adaptive QTL in a wheat population designed to minimize confounding agronomic effects. Theoretical Appllied Genetics 121:1001-1021.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]

Taleei A, Siahsar BA, Peighambari SA (2009) QTL mapping of forage quality-related traits in barley. In: Bio-Science and Bio-Technolody. Springer, Berlin, Heidelberg (Book Chapter).

Yadav RS, Bidinger FR, Hash CT, Yadav YP, Yadav OP, Bhatnagar SK, Howarth CJ (2003) Mapping and characterization of QTL×E interactions for traits determining grain and stover yield in pearl millet. Theoretical Appllied Genetics 106L: 512-520.

Zafarnaderi N, Aharizad S, Mohammadi SA (2013) Relationship between grain yield and related agronomic traits in bread wheat recombinant inbred lines under water deficit condition. Annals of Biological Research 4:7-11.

Zakizadeh M, Esmaeilzadeh Moghaddam M, Kahrizi D (2010) Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using multivariate analysis. Iranian Journal of Crop Sciences 12:18-30 (in persian)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.10.1]