ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۷
صفحه ۲۹۲ - ۲۸۱

نقشه‌یابی مکان‌های ژنی صفات کیفیت نانوایی گندم نان تحت تنش خشکی

Linkage mapping of Bread Wheat Quality Characteristics in Bread Wheat under Drought Stress

سیدمحمد تقی طباطبایی[۱]، محمود سلوکی*[۲]، براتعلی فاخری[۲]، محسن اسماعیل‌زاده مقدم[۳]، نفیسه مهدی نژاد[٤]

۱- دانشجوی دکتری دانشگاه زابل و عضو هیات علمی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی، یزد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
۲- به‌ترتیب دانشیار، استاد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل
۳- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
٤- استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

Tabatabai SMT[1],Solouki M[2*], Fakhery B[3], Ismail-Zadeh Moghadam M[4], Mehdinezhad N[5]

1- PhD Student, Agricultural-Horticultural Research, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center Yazd, Seed and Plant Improvement Institute, (AREEO)
2- Associate Professor, Professor, University of Zabol, Zabol,Iran
3- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, (AREEO), Karaj, Iran
4- Assistant Professor, University of Zabl, Zabol, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mahmoodsolouki@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹٦/۱۰/۱۰ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۷/۱۵)

چکیده

یکی از روش‌های نوین مورد استفاده در برنامه‌های اصلاحی در گیاهان شناسایی مکان‌های صفت کمی (QTL) در ژنوم به‌کمک نشانگرهای مولکولی است. به‌منظور شناسایی QTL برای صفات کیفیت نانوایی نظیر محتوای پروتئین، حجم رسوب زلنی، حجم نان، حجم رسوب SDS، میزان جذب آب، درصد رطوبت، شاخص گلوتن، الاستیسیته گلوتن، گلوتن مرطوب، شاخص سختی دانه و وزن هزار دانه در گندم نان، یک جمعیت ژنتیکی متشکل از ۱٦۹ لاین اینبرد نوترکیب (RIL) حاصل از تلاقی SeriM82 و Babax در رابطه با صفات فوق مورد ارزیابی قرار گرفت. برای شناسایی QTL از نقشه پیوستگی که با استفاده از ۲٤۹ نشانگر AFLP، ۲٦٤ نشانگر DarT و ۷٤ نشانگر SSR تهیه شده بود و شامل ۲۹ گروه لینکاژی بود، استفاده شد. در مجموع سی QTL برای صفات مورد مطالعه در شرایط نرمال و تنش به‌دست آمد که سه QTL برای محتوای پروتئین، شش QTL جهت گلوتن مرطوب، دو QTL مربوط به حجم نان، دو QTL جهت حجم رسوب زلنی، شش QTL جهت وزن هزار دانه و سه QTL مربوط به شاخص گلوتن شناسایی شد؛ و واریانس فنوتیپی توجیه شده به‌وسیله این QTLهای شناسایی شده بین ۰/۰۵ تا ۲۱/٤۷ درصد متغیر بود و LOD در دامنه ۲/۵۰ – ٦/۰۸ قرار داشت. QTLهای شناسایی شده بعد از اعتبارسنجی می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی و گزینش به‌کمک نشانگر مورداستفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی

واریانس فنوتیپی
صفات کمی
QTL
کیفیت نانوایی
گندم نان

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

مقدمه

امروزه غلات به‌عنوان مهم‌ترین گیاهان زراعی محسوب می‌شوند و گندم در بین غلات به‌عنوان یک محصول استراتژیک در جهان مورد توجه می‌باشد. گندم نان به‌علت دارا بودن نشاسته، پروتئین و خواص نانوایی خوب نسبت به سایر غلات برتری دارد کیفیت پایدار در گندم به یک مجموعه بزرگ از ژن‌ها وابسته است که به‌شدت تحت تأثیر شرایط محیطی قرار دارند. اصلاح گونه‌های جدید گندم باکیفیت بالا یکی از اهداف کلیدی برای برنامه‌های اصلاح گندم است.

به‌طورکلی تنش رطوبتی باعث افزایش غلظت پروتئین می‌شود. با توجه به رابطه معکوس بین عملکرد دانه و پروتئین باعث کاهش عملکرد دانه می‌شود (Sun et al. 2010). تنش خشکی بر روی کیفیت گندم تأثیر می‌گذارد. هنگامی‌که تنش رطوبتی گندم را تحت تأثیر قرار می‌دهد مرحله پلی مریزاسیون پروتئین به‌طور سریع حتی زودتر از حالت طبیعی دردانه آغاز می‌شود (Daniel and Triboi 2002).

توسعه فن‌آوری مارکرهای مولکولی، تهیه نقشه‌های لینکاژی ژنومی با چگالی بالا را برای بسیاری از گیاهان ازجمله گندم امکان‌پذیر کرده است. علاوه بر وراثت‌پذیری بالا، همبستگی با صفات کیفی دانه، گزینش آن‌ها را آسان‌تر می‌کند. مطالعات زیادی در خصوص شناسایی QTLهای کنترل‌کننده صفات کیفی دانه ازجمله میزان پروتئین با دیگر صفات مرتبط با آن مانند حجم نان، حجم رسوب زلنی، شاخص گلوتن، گلوتن مرطوب و حجم رسوب SDS در شرایط مختلف محیطی ازجمله تنش خشکی گزارش شده‌است.

در میان خصوصیات کیفی، محتوای پروتئین دانه توجه خاصی را به خود جلب کرده است، زیرا نشان دهنده عملکرد محصولات مشتق شده از گندم و عامل محدودکننده در بازارهای گندم به شمار می‌آید (Zhao et al. 2010).

در همین زمینه محققین QTLهایی برای صفت محتوای پروتئین بر روی کروموزوم‌های 1B و 6A (Perretant et al. 2000) 6B (Galande et al. 2001) 6D، 5D، 3A و 3B (Zhao et al. 2010) 2B، 5A و 6D (Tsilo et al. 2010) شناسایی کرده‌اند.

شاخص گلوتن به‌صورت نسبت گلوتن مرطوب باقی‌مانده در یک غربال پس از سانتریفیوژ به‌کل گلوتن مرطوب بیان می‌شود. این شاخص برای ارزیابی استحکام گلوتن ارتباط داشته و با سدیم دودو سیل سولفات همبستگی دارد (Cubadda et al. 1992). در این ارتباط محققین باکار بر روی جمعیت‌های DH و RIL QTLهایی مرتبط باصفت شاخص گلوتن بر روی کروموزوم‌های 7D، 4D، 2B و 1A (Li et al. 2009) و QTLهایی برای صفت حجم رسوب SDS بر روی کروموزوم‌های 6A، 2A و 1B (Mc Cartery et al. 2006) 3D،2D،4A،5D،6A (Li et al. 2009) 3B (Carter et al. 2012) شناسایی نموده‌اند. تنش‌های غیر زیستی اغلب باعث کاهش عملکرد و اندازه دانه و باعث کاهش کیفیت دانه به‌وسیله کاهش در پر شدن دانه می‌شود (Weightman et al. 2008). محتوای گلوتن بالا و کیفیت بهتر گلوتن منجر به رسوب آهسته‌تر و ارزش آزمون زلنی بالاتر می‌شود. ارزش رسوب آرد به ترکیب بیشتر پروتئین گندم در رابطه با محتوای پروتئین، به‌سختی دانه بستگی دارد. ارتباط قوی‌تر بین حجم نان و حجم رسوب زلنی در مقایسه با حجم رسوب SDS می‌تواند به‌علت محتوای پروتئین مؤثر بر حجم و ارزش زلنی باشد (Hruskova and Famera 2003) محققین نشان داده‌اند که عوامل مؤثر بر محتوای پروتئین در گندم زراعی و وحشی روی تمام کروموزوم‌های گندم واقع شده‌است (Liang et al. 2015). یک نقشه پیوسته را با استفاده از SSR 250 و ۵ مکان گلوتنین برای شناسایی QTL روی سختی دانه در دو محیط ارزیابی کردند و هفت QTL سختی دانه روی کروموزوم‌های 5B، 5A، 5D، 4B، 3B، 1BL و 5D را شناسایی کردند و به‌نظر می‌رسد QTLهای روی کروموزوم 5D بر روی مکان‌های Ha منطبق باشند (Li et al. 2009).

با استفاده از ۱۶۹ لاین F7 و ۵۷۸ نشانگر AFLP، DarT و SSR نقشه پیوستگی را در این جمعیت تهیه نمودند (McIntyre et al. 2010). بنابراین، در مطالعه حاضر، QTLها برای ۱۱ صفت با استفاده از جمعیت اینبرد لاین نوترکیب (RIL) با ویژگی‌های کیفی متفاوت شناسایی شدند. اهداف این مطالعه عبارت بودند از: ۱) تعیین دقیق QTLهای کنترل‌کننده کیفیت گندم، ۲) بررسی ارتباطات ژنتیکی بین یازده صفت کیفی در سطح QTL.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

مواد و روش‌ها

این بررسی به‌منظور شناسایی QTLهای مرتبط کنترل‌کننده صفات کیفی در شرایط تنش خشکی در یک جمعیت شامل ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب (RIL[1]s) مشتق شده از گندمSeriM2 (KavKaz/Buho //Kalyansona /Bluebird) و Babax (Bow/NAC//VEE/BJY/3/COC) انجام شد. لاین‌های نوترکیب پس از خودگشنی‌های متوالی تک بوته‌ها تا نسل F_9 در مرکز تحقیقات بین‌المللی ذرت و گندم[2] (CIMMYT) تهیه شده‌اند. Seri M82 دارای ترانسلوکاسیون بازوی کوتاه کروموزوم 1R چاودار بر روی کروموزوم 1B می‌باشد (1BL.1RS). ازآنجاکه لاین Babax فاقد ترانسلوکاسیون هست، به‌عنوان عامل تفرق 1BL.1RS انتخاب شد (Olivares-Villegas et al. 2007).

این جمعیت (RIL) در قالب طرح آلفا لاتیس (۱۳*۱۳) با دو تکرار در پنج بلوک و هر بلوک شامل ۳۴ تیمار آزمایشی در دو شرایط تنش خشکی و نرمال، آبان ماه ۱۳۹۲ در ایستگاه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان یزد (شهرستان یزد) با مختصات جغرافیایی به طول جغرافیایی ۳۳" ۲۰ '۱۷ ° ۵۴ و عرض جغرافیایی ۱۹. "۱۳'۵۴ ° ۳۱ و ارتفاع ۱۲۳۶ متر از سطح دریا در ۱۰ کیلومتری شهرستان یزد اجرا شد. متوسط درجه حرارت هوای شهرستان یزد ۱۶/۴۶ درجه سانتی‌گراد، حداکثر درجه حرارت ۲۲/۷۷، حداقل درجه حرارت ۱۰/۱۲، متوسط رطوبت نسبی ۳۵/۵۵ درصد و میزان تبخیر برابر ۱۸۶/۹۴ بود. درصورتی‌که کل میزان بارندگی در طول دوره زراعی ۵۷/۴ میلی‌متر بود. سطح هر کرت آزمایشی شامل ۴ خط ۲/۵ متر به فاصله ۲۰ سانتی‌متر برابر ۲ مترمربع بود. در طول دوره آزمایش با توجه به تیمارهای ۲۵ و ۵۰ درصد رطوبت قابل‌دسترس در ناحیه ریشه که توسط دستگاه *TDR*[3] به‌دست‌آمده، اقدام به آبیاری می‌شد.

در طول فصل زراعی مراقبت‌های زراعی لازم شامل مصرف کود سرک، وجین علف‌های هرز، کنترل آفات و بیماری‌ها از مزرعه به‌طور مطلوب انجام پذیرفت .بعد از برداشت و خرمن‌کوبی تیمارهای آزمایشی از هر پلات آزمایش به میزان ۲۰۰ گرم گندم را برداشت نموده و جهت آزمایش کیفیت نانوایی از فاکتورهای محتوای پروتئین، شاخص سختی دانه، حجم رسوب زلنی، حجم رسوب SDS[4]، میزان شاخص گلوتن، میزان گلوتن مرطوب، الاستیسیته گلوتن، میزان جذب آب، حجم نان، میزان رطوبت و وزن هزار دانه اندازه‌گیری به عمل آمد. صفات محتوای پروتئین دانه، سختی دانه، حجم نان، میزان جذب آب و درصد رطوبت با استفاده از روش ارائه‌شده توسط ویلیامز با دستگاه NIR که جهت آن‌ها کالیبره شده بود اندازه‌گیری شدند (Williams and Sobering 1993). برای تعیین حجم رسوب زلنی از روش AACC به شماره ۱۱-۵۴ استفاده شد (AACC 2005). برای تعیین کیفیت حجم رسوب SDS در گندم مشابه تعیین حجم رسوب زلنی از روش (Carter et al. 1999) استفاده شد.

پس میانگین‌گیری از داده‌های موردانداز‌ه‌گیری از هر پلات و از استانداردسازی داده‌ها از روش فرمول‌بندی داده‌ها با نرم‌افزار Excel تجزیه‌های آماری برای کلیه صفات شامل تجزیه واریانس مرکب برای دو شرایط تنش خشکی و بدون تنش با رویه Model Mixed نرم‌افزار SAS نسخه 9.2 انجام گرفت. اثر بلوک‌های ناقص و تکرارها تصادفی در نظر گرفته شد. همبستگی ساده فنوتیپی و آماره‌های توصیفی بین صفات برای میانگین دو شرایط نرمال و تنش خشکی محاسبه شد. نقشه لینکاژی مارکرهای مولکولی شامل ۲۴۹ مارکر AFLP،۲۶۴ مارکر DarT و ۷۴ مارکر SSR بود که توسط ((McIntyre et al. 2010 تهیه‌شده است. نقشه نهایی شامل ۵۷۸ نشانگر، در ۲۹ گروه لینکاژی که همه کروموزوم‌های گندم به‌غیراز 3D و 7D را شامل می‌شد (Mathews et al. 2008).

تجزیه QTL به‌طور مجزا برای هر یک از شرایط تنش خشکی و نرمال و میانگین آن‌ها انجام گرفت (Siahsar et al. 2009; Taleei and Peighambari 2009) برای تعیین QTLها و برآورد اندازه اثرات آن‌ها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌های مرکب (CIM) استفاده شد. حداقل LOD برای شناسایی QTL ها ۲/۵ و حداقل فاصله پویش دو سانتی‌مورگان در نظر گرفته شد. مارکرهای پس‌زمینه (cofactor) با رگرسیون مرحله‌ایی (Stepwise regression) تعیین شدند. علاوه بر جایگاه و میزان اثر QTL واریانس فنوتیپی که

[1] Recombination Inbred Line
[2] International Maize and Wheat Improvement Center
[3] Time Domain Rrflectometery
[4] Sedimentation Volume

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

توسط هر یک از QTLها و نیز توسط مجموع QTLها در یک مدل رگرسیون چندگانه توجیه می‌شد، محاسبه شد. قله‌های LOD موقعیت QTL و حدود اعتماد ۹۵ درصد QTLها به‌دست آمد. تجزیه QTLها با نرم‌افزار WinQTL Cartographer 2.5 انجام گرفت.

نتایج و بحث

اثر ژنوتیپ برای صفات (درصد پروتئین، گلوتن مرطوب، حجم رسوب SDS، شاخص گلوتن، الاستیسیته گلوتن و وزن هزار دانه در شرایط آنالیز مرکب دو محیط) در سطح یک درصد معنی‌دار بود که نشان از وجود تنوع در جمعیت را می‌داد (جدول ۱).

جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب برای صفات اندازه‌گیری شده دو شرایط تنش خشکی و نرمال

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات									
		PC(%)	ZELsv	BV	MC(%)	HI	WCA	WGC	GE	GI	SDSsv	TGW(gr)
محیط	۱	۱۵۶/۸**	۹۳۹/۶**	۱۳۹۷۰۳**	۰/۶۶**	۳۱۷۹**	۲۱۰/۵**	۱۴۶۵۰**	۸۱/۶**	۷۴۴۵۷**	۷۳۴۴**	۱۰۹/۷**
بلوک در محیط	۲	ns۰/۰۵	ns۰/۹۲	ns۴۰۲/۸	۱/۰۷**	۱۶/۷*	ns۸/۱۴	۴۹/۶**	ns۰/۱۶	۴۲۶۵**	۶۷**	ns۴/۰۳
ژنوتیپ	۱۶۸	۰/۰۶**	ns۱/۶۸	ns۲۲۷۲	ns۰/۰۳	ns۵/۱	ns۴/۹	۱۷/۴**	۰/۷۱*	۶۴۴**	۲۴/۴۷**	۱۶/۶**
ژنوتیپ* محیط	۱۶۸	۰/۰۶**	ns۱/۸۹	ns۲۳۶۱	ns۰/۰۳	ns۶/۰۳	ns۵/۰۴	ns۹/۵	۰/۷۴*	۳۸۶/۵**	۲۰/۴۹**	۸/۲۵**
خطا	۳۳۶	۰/۰۴۲	۱/۵۵	۲۰۸۸/۷	۰/۰۳	۵/۷۱	۵/۰۲	۷/۸	۰/۵۸	۲۸۸/۴	۱۵/۵۵	۴/۴۵
ضریب تغییرات	%CV	۱/۷۴	۳/۸۴	۹/۸۸	۱/۸۴	۴/۶۳	۳/۵۱	۱۰/۷	۴۲/۳	۳۶/۶	۶/۸۶	۵/۰۱

*، ** و ns به‌ترتیب معنی‌داری در سطح یک درصد، پنج درصد و بدون معنی‌دار. PC) محتوای پروتئین؛ ZELsv) حجم رسوب زلنی؛ BV) حجم نان؛ MC) درصد رطوبت؛ WCA) میزان جذب آب؛ WGC)گلوتن مرطوب؛ GI) الاستیسیته گلوتن؛ GI) شاخص گلوتن؛ SDSsv) حجم رسوب SDS ؛ TGW) وزن هزار دانه.

آماره‌های توصیفی شامل میانگین کل، خطای استاندارد و دامنه داده‌ها در دو شرایط نرمال، تنش و والدین به‌صورت جداگانه محاسبه شد و در جدول ۳ نشان داده شده‌است. باید توجه داشت که این جدول و آماره‌های توصیفی موجود در آن صرفاً تغییرات در داده‌های دو شرایط را نشان می‌دهند. با توجه به این‌که اغلب صفات دارای تنوع و همچنین میانگین بالاتری مخصوصاً در شرایط نرمال در مقایسه با ارقام والدینی داشتند، نتیجه‌گیری می‌شود که ژنوتیپ‌های تولیدشده از این تلاقی دارای پتانسیل اصلاحی و به اصطلاح ارزش اصلاحی بالایی هستند و از برنامه‌های اصلاحی می‌توان روی آن‌ها برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر و یا متحمل انجام شود. برای مثال میانگین محتوای پروتئین در شرایط تنش (۳۸/ ۱۲ درصد) از لاین متحمل به تنش بیش‌تر و در شرایط نرمال (۱۱/۴۱ درصد) از لاین حساس به تنش کم‌تر است که نشان دهنده تفکیک متجاوز در جمعیت مورد بررسی دارد؛ بنابراین احتمال قوی وجود دارد که QTLهای مربوط به این صفات در هر دو والد وجود داشته باشد.

همبستگی‌های ساده فنوتیپی برای ۱۱ صفت در میانگین دو شرایط نرمال و تنش خشکی در جدول ۲ نشان داده شده‌است. بیش‌ترین همبستگی به صفات محتوای پروتئین با حجم رسوب زلنی (R=0.825**)، حجم رسوب SDS (R=0.774**) و شاخص گلوتن (R=0.775**) تعلق داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار در میان برخی از صفات مرتبط با محتوای پروتئین، نشان‌دهنده حضور ژن‌های مرتبط با این صفات در مجاورت یکدیگراست. همبستگی‌های بالای بین صفات ممکن است ناشی از هم‌مکانی QTLهای کنترل‌کننده آن‌ها باشد. علاوه بر این، ممکن است تنوع یک صفت تنوع صفات دیگر را تشریح نماید (Siahsar et al. 2008). محیط بر روی همبستگی بین بعضی صفات کیفی تاثیر گذار است بدین گونه که در یک محیط همبستگی مثبت و در

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

محیط دیگر همبستگی منفی نشان می‌دهد. در آزمایش انجام‌گرفته در شرایط تنش بین وزن هزار دانه و محتوای پروتئین همبستگی مثبت وجود داشت (جدول ۲). وزن هزار دانه به‌عنوان یکی از اجزاء عملکرد دانه در شرایط نرمال با محتوای پروتئین همبستگی منفی داشت چون‌که در شرایط نرمال باعث افزایش نشاسته شده و با کاهش محتوای گلوتن همراه است و در شرایط تنش با کاهش نشاسته میزان گلوتن افزایش می‌یابد. محتوای پروتئین بیشتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد تا ژنوتیپ؛ بنابراین، افزایش محتوای پروتئین بدون تأثیر بر عملکرد دانه و بالعکس، یک وظیفه مهم به نژاد گران است

شاخص گلوتن همبستگی مثبت معنی‌دار با گلوتن مرطوب (R= 0.306**)، شاخص سختی (R = 0.135**)، حجم رسوب زلنی (R = 0.635 **) و محتوای پروتئین (R = 0.775**) با الاستیسیته گلوتن (R =- 0.198 **) و حجم رسوب SDS (R = -0.137**) همبستگی منفی دارد (جدول ۲) این نشان می‌دهد که استحکام گلوتن، تابع غلظت پروتئین و ترکیبات پروتئین است (Guttieri et al. 2001). به‌طورکلی، شاخص گلوتن بالاتر باکیفیت گلوتن بالاتر و خصوصیات رئوولوژیکی خمیر همبستگی دارد (Hu and Shang 2007). هم‌چنین برخی محققین نشان دادند که انواع گندم باکیفیت بالا حاوی گلوتن مرطوب کمتری دارند اما دارای شاخص گلوتن بالاتری هستند (Hu and Shang 2007).

حجم رسوب SDS بهترین آزمایش جهت پیش‌بینی برای تولید نان است که به‌طور مثبت با محتوای پروتئین همبستگی دارد (جدول ۲).

جدول ۲- ضریب همبستگی ساده بین کلیه صفات ژنوتیپ های اینبردلاین های نوترکیب موردمطالعه در شرایط تنش خشکی و نرمال

صفات	PC(%)	ZELsv	BV	MC(%)	HI	WCA	WGC	GE	GI	SDSsv	TGW	Local
ZELsv	۰/۸۳**											N
	۰/۸۲۵**											S
BV	۰/۳۹۰**	۰/۴۴۲**										N
	۰/۳۵۷**	۰/۳۹۲**										S
MC(%)	۰/۲۱۱**	۰/۲۴۲**	۰/۲۱۰**									N
	۰/۰۸۸ns	۰/۱۰۱*	۰/۱۷۹**									S
HI	۰/۶۶۲**	۰/۵۴۱**	۰/۲۳۷**	۰/۱۷۴**								N
	۰/۱۹۲**	۰/۲۰۸**	۰/۱۲۴*	۰/۰۴۶ns								S
WCA	۰/۲۵۵**	۰/۱۹۴**	۰/۱۲۴*	۰/۰۹ns	۰/۲۲۵**							N
	۰/۰۴۴ns	۰/۰۰۹ns	۰/۰۵۵ns	۰/۰۳۲ns	۰/۱۱۲*							S
WGC	۰/۸۳۲**	۰/۶۶۱**	۰/۲۹۴**	۰/۱۸۴**	۰/۵۷۲**	۰/۲۳۳**						N
	۰/۳۳۴**	۰/۲۱۹**	۰/۱۰۵*	۰/۰۶۶ns	−۰/۰۲۶ns	۰/۰۶۷ns						S
GE	−۰/۳۸۴**	−۰/۲۹۵**	−۰/۱۲۳*	−۰/۰۷۲ns	−۰/۳۱۴**	−۰/۱۳۴**	−۰/۴۸۳**					N
	−۰/۱۷۷**	−۰/۰۷۶ns	−۰,۰۱ns	−۰/۰۱۲ns	−۰/۰۰۷ns	−۰/۰۴۷ns	۰/۴۶۲**					S
GI	−۰/۴۶۱**	−۰/۳۶۴**	−۰/۱۳۲*	−۰/۰۶۴ns	−۰/۳۵۴**	−۰/۱۰۴*	−۰/۵۷۲**	−۰/۴۸۳**				N
	۰/۷۷۵**	۰/۶۳۵**	۰/۱۸۷**	−۰/۰۶۳ns	۰/۱۳۵**	۰/۰۷۵ns	۰/۳۰۶**	−۰/۱۹۸**				S
SDSsv	۰/۷۴۱**	۰/۶۵۲**	۰/۲۸۶**	۰/۱۱۵*	۰/۴۷۱**	۰/۱۹۲**	۰/۶۳۴**	−۰/۲۸۴**	−۰/۳۸۴**			N
	۰/۷۷۴**	۰/۶۳۶**	۰/۱۸۷**	−۰/۰۶۵ns	۰/۱۳۵**	۰/۰۷۸ns	۰/۳۰۶**	−۰/۱۹۴**	−۰/۱۳۷**			S
TGW	−۰/۱۱۲*	−۰/۰۷۵ns	−۰/۰۱۲ns	−۰/۰۷۲ns	−۰/۱۱۳ns	−۰/۰۵۲ns	−۰/۱۰۵*	۰/۰۵۴ns	۰/۰۱۳ns	−۰/۰۷۳ns		N
	۰/۰۴۵ns	−۰/۰۱۵ns	−۰/۰۱۸ns	−۰/۰۵۳ns	−۰/۱۵۳ns	−۰/۰۳۷ns	−۰/۰۶۶ns	−۰/۰۰۹ns	−۰/۰۷۵ns	۰/۰۰۹ns		S

*، ** و ns به ترتیب معنی‌داری در سطح ۱٪، ۵٪ و بدون معنی‌دار. PC) محتوای پروتئین؛ ZELsv) حجم رسوب زلنی؛ BV) حجم نان؛ MC) درصد رطوبت؛ WCA) میزان جذب آب؛ WGC)گلوتن مرطوب؛ GI) الاستیسیته گلوتن؛ GI) شاخص گلوتن؛ SDSsv) حجم رسوب SDS؛ TGW) وزن هزار دانه؛ N) نرمال؛ S) تنش.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

جدول ۳- خلاصه آماره‌های توصیفی صفات مختلف اینبرد لاین‌های گندم نان در شرایط تنش خشکی نرمال و به همراه والدین

صفات	M				S.D				R			
	Babax	SeriM82	S	N	Babax	SeriM82	S	N	Babax	SeriM82	S	N
PC(%)	۱۱/۹۳	۱۱/۷۵	۱۲/۳۸	۱۱/٤۱	۰/۲۲	۰/۲٤	۰/۰۱٦	۰/۰۱۱	۰/۹	۱	۱/٦	۱/۰٥
ZELsv	۳۲/۷٥	۳۱/۷٥	۳۳/٦٤	۳۱/۲۷	۰/۲٥	۰/٦۲۹	۰/۰٦٤	۰/۰۹۱	۱	۳	٤	٥
BV	٤۸۷/۷٥	٤۲۸/۷٥	٤۷۷/۱۷	٤٤۸/۱٤	۹/۸٤	۳/۷٥	۲/۳۹	۲/۸٤	٤۲	۱٥	۲٦۱	۲٥۹
MC(%)	۹/٤۸	۹/٤۷٥	۹/٥۳	۹/٤٦	۰/۱۰۳	۰/۰۲٥	۰/۰۰۸	۰/۰۱۱	۰/٥	۰/۱	۰/۷٥	۰/۹
HI	٥۱/۲٥	٥۰/۷٥	٥۳/۷۳	٤۹/۳۹	۱/٦	۱/۱۱	۰/۱٥۸	۰/۰۹۳	٦	٥	۲٦	۱۰
WCA	٦۳/۸	٦۳/۷٥	٦٤/۳۹	٦۳/۲۷	۰/۲۲۷	۰/۱٤٤	۰/۰۲٥	۰/۱۷	۱	۰/٥	۱/۹	۲۹/۷
WGC	۲۷/۷٥	۲۱/۷٥	۳۰/٦۹	۲۱/۳۹	۲/٥۳	۳/۳	۰/۱۸٥	۰/۲۱٥	۱۲	۱٤	۱۱	۱٦/٥
GE	۱/٥	۲/۲٥	۱/٤٦	۲/۱٥	۰/٥	۰/٤۷۹	۰/۰۳۳	۰/۰٥۷	۲	۲	۱/٥	۲
GI	٤٦/۷٥	۳٦/۲٥	۳٥/۲	٥۷/٤۹	٦/۹۸	۸/۸٦	۱/۱٦	۱/۳۱	۳٤	۳۷	٦٦	۸۸/٥
SDSsv	٥۸/۲٥	٦٥/٥	٦۰/۹۸	٥۳/۹٥	۱/٦٥	۲/۰۲	۰/۳٤۹	۰/۱۲	۷	۷	٤۰/٥	۹
TGW	٤٤/۱۳	۳۹/٥	٤۱/۷۱	٤۲/٤۸	۱/٥٥	۱/٦۳	۰/۱۸	۰/۲۲٤	۷	٦/۷	۱۲/۷٥	۱٦/۹٥

PC) محتوای پروتئین؛ ZELsv) حجم رسوب زلنی؛ BV) حجم نان؛ MC) درصد رطوبت؛ WCA) میزان جذب آب؛ WGC) گلوتن مرطوب؛ GI) الاستیسیته گلوتن؛ GI) شاخص گلوتن؛ SDSsv) حجم رسوب SDS؛ TGW) وزن هزار دانه؛ N) نرمال؛ S) تنش؛ M) میانگین؛ S.D) انحراف استاندارد؛ R) دامنه.

نتیجه این آزمایش با نتایج بسیاری از مطالعات دیگر همراه است که نشان می‌دهد حجم رسوب SDS با پروتئین همبستگی دارد (Zhang et al. 2008). افزایش محتوای پروتئین خواص کیفیت گلوتن را به‌شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد.

با توجه به اینکه کیفیت پروتئین در گندم به‌طور ژنتیکی کنترل می‌شود، انتظار می‌رود که ارقام مختلف گندم ازنظر کیفیت گلوتن با همدیگر اختلاف داشته باشند و از طرفی حجم رسوب SDS نشان می‌دهد که قدرت گلوتن می‌تواند تحت تأثیر ژنوتیپ‌های مختلف گندم نیز قرار گیرد.

میزان جذب آب با صفات سختی دانه، گلوتن مرطوب، محتوای پروتئین، حجم رسوب SDS، حجم نان حجم رسوب زلنی همبستگی مثبت داشت و فقط با الاستیسیته گلوتن همبستگی منفی داشت (جدول ۲).

نتایج نشان‌دهنده این است که همبستگی بین صفات با تجزیه QTL ارتباط وجود دارد چراکه بین صفات محتوای پروتئین با حجم رسوب زلنی، محتوای گلوتن مرطوب، حجم رسوب SDS و میزان جذب آب همبستگی مثبت و بالایی وجود دارد (جدول ۲) و در آنالیز QTL هم نشان می‌دهد که حداقل یکی از QTLهای مربوط به این صفات بر روی کروموزوم 6A قرار دارند و حتی صفات محتوای پروتئین، گلوتن مرطوب و حجم رسوب SDS به نزدیک‌ترین نشانگر gwm518b در موقعیت ٥٥ قرار گرفته‌اند که نشان از هم‌مکان بودن آن‌ها را می‌دهد (جدول ٤، شکل ۱).

بررسی توزیع فراوانی داده‌های فنوتیپی حاکی از وجود توزیع نرمال در همه صفات بود (فرض اولیه تجزیهQTL). QTLهای کنترل‌کننده صفات کیفی دانه گندم در جدول ٤ و شکل ۱ نشان داده شده‌است. درمجموع ۳۰ QTL (۱۸ QTL در شرایط نرمال و ۱۲ QTL در شرایط تنش خشکی) به‌دست آمد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به‌وسیله این QTLها از ۰/۰٥ تا ۲۱/٤۷ درصد متغیر بود. بیش‌ترین واریانس فنوتیپی مربوط به صفات وزن هزار دانه و حجم رسوب SDS (۲۱/٤۷) و کم‌ترین آن مربوط به صفت میزان جذب آب در شرایط نرمال (۰/۰٥) بود. LODهای به‌دست آمده در دامنه ٦/۰۸ – ۲/٥۰ قرار داشت. بیش‌ترین LOD مربوط به وزن هزار دانه در شرایط نرمال (٦/۰۸) و کم‌ترین آن مربوط به محتوای پروتئین در شرایط تنش خشکی (۲/٥۰) بود.

از مجموع ۳۰ QTL به‌دست آمده در شرایط نرمال و تنش خشکی، ۱۰ QTL بر روی کروموزوم A، ۱٤ QTL بر روی کروموزوم B و ٦ کروموزوم بر روی کروموزوم D شناسایی

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

شده‌اند. قبلاً نقشه‌برداری از QTLها برای تحمل خشکی در گندم هگزاپلوئید انجام شده که بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2A، 2B، 2D، 3D، 5A، 5B، 7A و 7B قرار گرفت (Quarrie et al. 2005). در این تحقیق هم QTLها در شرایط تنش بر روی کروموزوم‌های 7A، 6D، 6B، 6A، 4B، 4A، 2A و 7D و در شرایط نرمال بر روی کروموزوم‌های 1D، 2B، 4A، 4B، 6A، 6B، 6D، 7A و 7D شناسایی شدند (جدول ٤، شکل ١).

پیرامون صفت محتوای پروتئین، نتایج نقشه‌یابی QTL نشان داد که در مجموع سه QTL برای محتوای پروتئین دردو محیط نرمال و تنش شناسایی شد (جدول ٤، شکل ١). در شرایط نرمال یک QTL واقع بر کروموزوم 6A برای صفت محتوای پروتئین (Qpc) تشخیص داده شد که در جایگاه ۵۵/۵ سانتی‌مورگان با LOD ۲/۹۰ قرار داشت و ٦/٦٧ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه نمود. این QTL نزدیک نشانگر gwm518b قرار داشت و دارای اثر افزایشی ۰/۰۳- می‌باشد.

درحالی‌که در شرایط خشکی دو QTL تنوع صفت محتوای پروتئین را کنترل نمودند (Q1pc و Q2pc) که به‌ترتیب روی کروموزوم‌های 5A و 6D به‌ترتیب در جایگاه‌های ۵۵ و ۰/۰ سانتی‌مورگان قرار داشتند. QTLهای شناسایی‌شده ۱۱/۹۷ درصد از تنوع کل صفت را توجیه نمودند. این QTLها به‌ترتیب نزدیک نشانگرهای gwm0186 و wpt-6661 قرار داشتند و دارای اثرات افزایشی ۰/۰۷ و ۰/۰۷ بودند؛ و این صفت اثرات افزایشی را از هر دو والد دریافت کرده است.

جدول ٤- QTLهای ١١ صفت کیفیت نانوایی مربوط به ١٦٧ لاین خالص نوترکیب گندم در شرایط تنش خشکی و نرمال

صفت	QTL	نام کروموزوم	نزدیک‌ترین نشانگر	موقعیت QTL	LOD		اثر آللی (افزایشی)		R^2	
					S	N	S	N	S	N
PC	Qpc1	17(5A)	gwm0186	۵۵	۲/۵۰	–	۰/۰۷	–	۵/۷۳	–
	Qpc2	25(6D)	wPt-6661	۰/۰	۲/۷٤	–	۰/۰۷	–	٦/۲٤	–
	Qpc	21(6A)	gwm518b	۵۵/۵	–	۲/۹۰	–	-۰/۰۳	–	٦/٦٧
ZELsv	Qzel	21(6A)	aca/caa-5	۳۲	–	۳/۰۳	–	-۰/٤٤	–	۹/۳۷
	Qzel	25(6D)	wPt-6661	۰/۰	۲/۷۸	–	۰/۳۰	–	٦/۸٦	–
VB	Qvb	13(3B)	wPt-6047	۱۱۹/٤	٤/۲٤	–	-۷/۱۵	–	۹/۱۷	–
	Qvb	24(6D)	gwm469	۲۰/۳	–	۲/۵۱	–	۱۲/۰٤	–	۱۰/۵۱
MC	Qmc	23(6B)	wPt-7662	۱۸/۱	–	۲/۸٤	–	۰/۰۵	–	٦/۳۹
WCA	Qwca	21(6A)	wPt-7599	۵۱/۸	–	۲/۸۲	–	-۰/۱۰	–	۰/۰۵
	Qwca	13(3B)	wPt-4370	۰/۰	۳/۳٤	–	-۰/۰۹	–	۸/٤۵	–
WGC	Qwgc1	9(2B)	wPt-7320	٦	۲/۵٦	–	-۰/٦٦	–	۷/۳۱	–
	Qwgc2	15(4B)	wPt-5606	۰/۰	۲/٦۱	–	۰/٦۳	–	٦/٤٤	–
	Qwgc1	14(4A)	aac/caa-6	٦٦	–	۳/۵۸	–	-۰/۸٦	–	۸/۵۵
	Qwgc2	14(4A)	wPt-7939	۷۲	–	۲/۸٦	–	-۰/۸۵	–	٦/۹٤
	Qwgc3	21(6A)	gwm518b	۵٤/۸	–	۳/۵۲	–	-۰/۷۹	–	۷/۹۰
	Qwgc4	26(7A)	aca/ctc-5	۲۹/۷	–	۲/۹۹	–	۰/۷۸	–	۷/۷۵

PC) محتوای پروتئین؛ ZELsv) حجم رسوب زلنی؛ BV) حجم نان؛ MC) درصد رطوبت؛ WCA) میزان جذب آب؛ WGC) گلوتن مرطوب؛ N) نرمال؛ S) تنش

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

ادامه جدول ٤- QTLهای ١١ صفت کیفیت نانوایی مربوط به ١٦٧ لاین خالص نوترکیب گندم در شرایط تنش خشکی و نرمال

صفت	QTL	نام کروموزوم	نزدیک‌ترین نشانگر	موقعیت QTL	LOD		اثر آللی (افزایشی)		R^2	
					S	N	S	N	S	N
GI	Qgi1	4(1D)	acc/ctc-5	٠/٠٠١	–	٢/٦٨	–	٤/١٩	–	٥/٤٧
	Qgi1	9(2B)	acg/cta-1	٣٥/٢	٥/٠٤	–	٦/٦٦	–	١١/٥٠	–
	Qgi2	9(2B)	aac/cta-1	٩/٨	٣/٣٩	–	٦/٤٦	–	٨/٣٧	–
GE	Qge1	29(7D)	cfd0014	٤١/٧	٣/٩٣	–	٠/١٣	–	٩/٠٢	–
	Qge2	29(7B)	gdm0046	٤٨/٩	٣/٢٤	–	٠/١٣	–	٩/١٦	–
HI	Qhi	23(6B)	agg/ctg-8	٧٧/٧	–	٢/٦٨	–	٠/٣١	–	٦/٥٣
SDSsv	Q1sds	21(6A)	gwm518b	٥٥/٥	–	٥/٥٣	–	-٠/٦٠	–	١٣/٣٥
	Q2sds	22(6A)	wPt-7207	٤٢	–	٢/٧٩	–	-٠/٤٧	–	٧/٨٦
TGW	Qtgw1	9(2B)	aag/ctg-5	٢٦/٨	–	٢/١٤	–	-٠/٦٤	–	٤/١٢
	Qtgw2	9(2B)	aag/ctc-13	٨٩/٢	–	٢/٧٤	–	-٠/٦٨	–	٥/٢٧
	Qtgw3	15(4B)	wPt-1708	٩/٣	–	٣/٠١	–	٠/٧٠	–	٥/٨٠
	Qtgw4	15(4B)	gwm375	١٦/١	–	٢/٦٠	–	٠/٦٩	–	٥/٧٠
	Qtgw5	29(7D)	acc/cat-10	١٢/٧	–	٦/٠٨	–	١/٣٥	–	٢١/٤٧
	Qtgw	15(4B)	gwm006a	١٩/١	٤/٥٥	–	٠/٨٣	–	١٢/٤٥	–

GI) الاستیسیته گلوتن؛ GI) شاخص گلوتن؛ SDSsv) حجم رسوب SDS ؛ TGW) وزن هزار دانه؛ N) نرمال؛ S) تنش

هم‌چنین در مطالعات گذشته QTLهای بر روی کروموزوم‌های 4B، 5A، 5B و 3A (Chunlian et al. 2015) 4B و (Sun et al. 2010) 3A5B، 4A، 6A و 6B و 7B (Blanco et al. 1998) 1D, 5D (Turner et al. 2004) 1D (Kulwal et al. 2005) 1B,2A,2B, (Li et al. 2009) 1B و 6BS (Olmos et al. 2003) 2D,7D (Kuspira and Unran, 1957) 3D,7B,4D,5B,5A برای محتوای پروتئین شناسایی شدند. برای همین صفت در محیط تنش دو QTL بر روی کروموزوم‌های 5A، 6D شناسایی شد که 6A QTL با صفات حجم رسوب زلنی، میزان جذب آب، گلوتن مرطوب و حجم رسوب SDS و 6D QTL باصفت حجم نان و 5A QTL با صفت شاخص گلوتن هم‌مکان بود. این QTL، می‌تواند موجب افزایش گلوتن مرطوب شود که به‌طور مثبت تحت تأثیر محتوای پروتئین قرارگرفته است و هر دو صفت مکان ژنی مشترک داشتند. این یکی از صفات مهم کیفی نان است که به‌شدت با محتوای گلوتن ارتباط دارد.

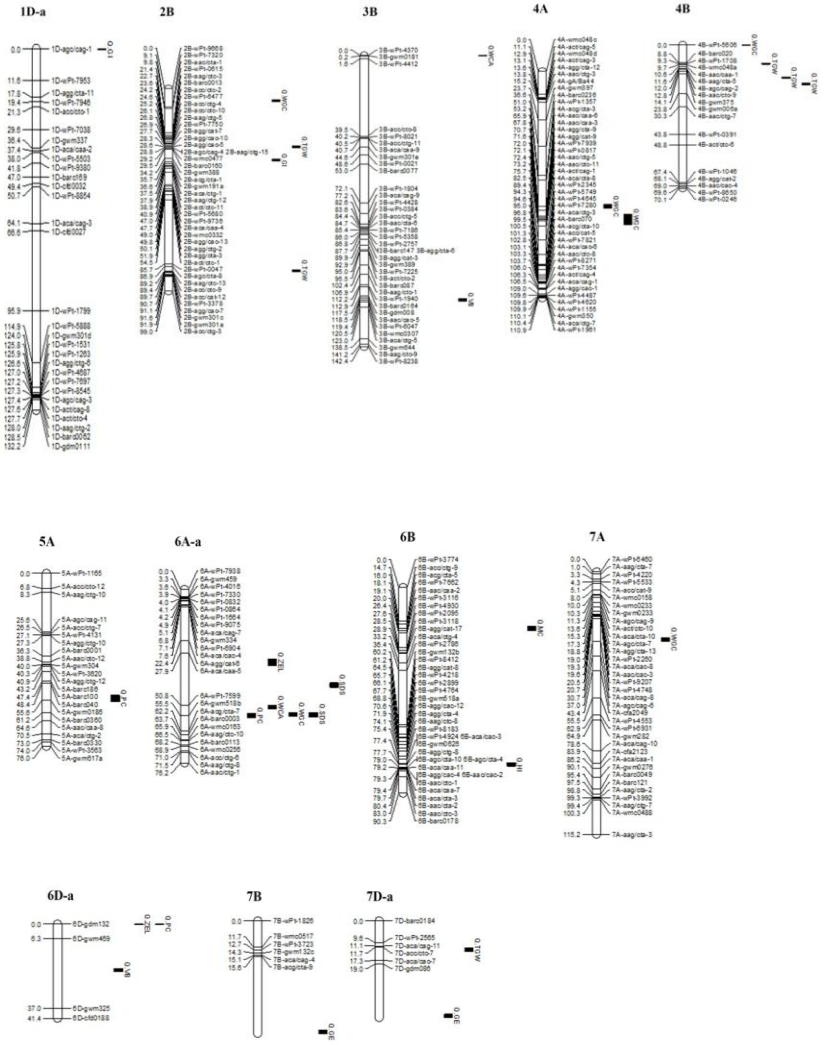
در خصوص محتوای گلوتن مرطوب در شرایط تنش، دو QTL برای صفت گلوتن مرطوب شناسایی شد (Q1wgc، Q2wgc) که روی گروه پیوستگی (2B) 6 و (4B) 15 در جایگاه ٦ و ٠/٠ سانتی‌مورگان با LOD ٢/٥٦ و ٢/٦١ قرار داشتند و ١٣/٧٥ درصد از واریانس فنوتیپی کل را توجیه می‌کردند. این QTLها نزدیک نشانگر wpt-7320 و wpt-5606 قرار داشتند و دارای اثرات افزایشی ٠/٦٦- و ٠/٦٣ بودند. درحالی‌که در شرایط نرمال چهار QTL برای صفت گلوتن مرطوب بر روی کروموزوم‌های 14(4A)، 14(4A)، 21(6A) و 26 (7A) در جایگاه‌های ٦٦، ٧٢، ٥٤/٨ و ٢٩/٧ سانتی‌مورگان شناسایی شد که درمجموع ٣١/١٤ درصد از واریانس فنوتیپی کل این صفت را توجیه نمودند. این QTLها (Q4gd, Q3gd, Q2gd,Q1gd) به‌ترتیب با نشانگرهای aca/ctc-5 aac/caa-5, wpt-7993, gwm518b, پیوستگی داشته و دارای واریانس فنوتیپی ٨/٥٥، ٧/٦،٩٠/٩٤ و ٧/٧٥ درصد و اثر افزایشی ٠/٨٦-، ٠/٨٥-، ٠/٧٩- و ٠/٧٨ می‌باشند. با توجه به مثبت و منفی بودن اثرات افزایشی نشان می‌دهد که این صفت

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

تحت تأثیر هر دو والد بوده است (جدول ٤، شکل ١). تنوع فنوتیپی آن‌ها بین ٦/٤٤-٨/٥٥ درصد بود که بالاترین سطح تنوع فنوتیپی برای گلوتن مرطوب در محیط نرمال ٨/٥٥ درصد مربوط به QTL-4A و پایین‌ترین سطح تنوع فنوتیپی ٦/٤٤ درصد مربوط به QTL-4B در محیط تنش به‌دست آمد. بعضی از محققین برای صفت گلوتن مرطوب چهار QTL بر روی کروموزوم‌های 1B,1D,6B و 7D شناسایی کردند (Li et al. 2013).

در مورد حجم رسوب SDS، دو QTL تنوع صفت حجم رسوب SDS (سدیم دود سیل سولفات) را کنترل نمودند که در روی کروموزوم‌های 21(6A) و 22(6A) و به‌ترتیب در جایگاه‌های ٥٥/٥٠ و ٤٢ سانتی‌مورگان قرار داشتند. QTLهای شناسایی شده در مجموع ٢١/١٢ درصد از تنوع کل این صفت را توجیه نمودند. این دو QTL به‌ترتیب (Q1sds و Q2sds) نزدیک نشانگرهای gwm518b و wpt-7207 قرار داشتند و به‌ترتیب ١٣/٣٥ و ٧/٨٦ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه نمودند. اثر آللی دو QTL (به‌ترتیب ٠/٦٠- و ٠/٤٧) بود و اثرات خود را از هر دو والد دریافت کرده‌اند؛ و در شرایط تنش خشکی QTL شناسایی نشد. (جدول٤، شکل ١)



شکل ١- موقعیت QTLهای مرتبط با صفات کیفی عمده گندم در جمعیت RIL از تلاقی SeriM82*Babax(PC محتوای پروتئین؛ ZELsv) حجم رسوب زلنی؛ BV) حجم نان؛ MC) درصد رطوبت؛ WCA) میزان جذب آب؛ WGC) گلوتن مرطوب؛ GI) الاستیسیته گلوتن؛GI) شاخص گلوتن؛ SDSsv) حجم رسوب SDS ؛ TGW) وزن هزار دانه

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

در آزمایشی‌های گوناگون نشان می‌دهد که یک QTL بر روی کروموزوم 7A (Bonneau et al. 2013) چهار QTL بر روی کروموزوم‌های 1B,1D,4A,7A (Francis 2007) یک QTL بر روی کروموزوم 5B (Blanco et al. 1998) و سه QTL بر روی کروموزوم‌های 1B,5D,2A (Zanetti et al. 2001) یک QTL بر روی کروموزوم 4B (Clarke et al. 2008) برای صفت حجم رسوب SDS شناسایی شده‌است میزان جذب آب نیز یک صفت کیفی مهم است. میزان جذب آب بالا می‌تواند میزان نان را در واحد آرد افزایش دهد و باعث افزایش نرمی نان و تازگی طولانی شود. فقط چند مطالعه، QTL آنالیز شده برای میزان جذب آب را تائید کرده‌اند. (Kuchel et al. 2006; Law et al. 1978) در شرایط نرمال یک QTL برای صفت میزان جذب آب (Qwac) روی کروموزوم (6A) ۲۱ در جایگاه ۵۱/۸۰ سانتی مورگان با LOD ۲/۸۲ در مجاورت نشانگر wPt-7599 برای توجیه تغییرات صفت حجم نان (Qwac) تعیین مکان شد که ۰/۰۵ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کرده و اثرات آللی آن ۰/۱۰- بود (جدول ٤، شکل ۱).

در شرایط تنش هم یک QTL برای صفت میزان جذب آب (Qwac) روی کروموزوم (3B) ۱۳ در جایگاه ۰/۰ سانتی‌مورگان با LOD ۳/۳٤ در مجاورت نشانگر wPt-4370 برای توجیه تغییرات صفت میزان جذب آب (Qwac) تعیین مکان شد که ۸/٤٥ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کرده و اثرات آللی آن ۰/۰۹۰- بود. این QTL های معتبر جهت سفید شدن آرد کاربرد دارند.

یک QTL عمده بر روی کروموزوم 5D 1A, 2D(Li et al. 2009) 1B (Kulwal et al. 2005) و 5A (Wujun et al. 2007) شناسایی شده‌اند.

در شرایط نرمال یک QTL که صفت شاخص گلوتن (Qgi) را تحت تأثیر قرارداد، روی کروموزوم (1D)٤ تعیین مکان شد و در مجموع ۵/٤۷ درصد از تنوع کل این صفت را توجیه نمود. این QTL در جایگاه ۰/۰۰۱ سانتی‌مورگان با LOD ۲/٦۸ قرار داشت. اثرات آللی این QTL ٤/۱۹ می‌باشد؛ و با نشانگر acc/ctc-5 پیوستگی داشت.

درحالی‌که در شرایط تنش دو QTL برای شاخص گلوتن شناسایی شدند که روی گروه پیوستگی 9(2B) و 9(2B) در جایگاه ۹/۸ و ۳۵/۲ سانتی‌مورگان با LOD ۳/۳۹ و ۵/۰٤ قرار داشت (Q1gi و Q2gi) و ۱۹/۸۷ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه می‌کرد. این QTLها روی نشانگر aac/cta-1 و acg/cta-1 قرار داشته و دارای اثر افزایشی مثبت ٤/٤٦ و ٦/٦٦ می‌باشد.

برای صفت شاخص سختی دانه، تعداد یک QTL در شرایط نرمال بر روی کروموزوم (6B) 23 در جایگاه ۷۷/۷ سانتی‌مورگان و اثر افزایشی ۰/۳۱ قرار داشت. این QTL ٦/۵۳ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه نمود و با نشانگر agg/ctg-8 پیوستگی داشته است. در این آزمایش شاخص سختی دانه با درصد رطوبت هم‌مکان بود. (جدول ٤، شکل ۱). محققین QTLهایی را بر روی کروموزوم‌های 5B، 5A، 5D، 4B، 3B، 1BL و 5D (Li et al. 2009) 6D، 2D، 7B، 6B، 2B، 7A، 5A، 2A، 1A و 6D (Rohit et al. 2015) برای شاخص سختی دانه شناسایی کرده‌اند.

نتیجه‌گیری

در این مطالعه، مقادیر فنوتیپی Babax کم‌تر از SeriM82 برای کلیه صفات به‌غیر از الاستیسیته گلوتن بود (جدول ۳).

صفت گلوتن مرطوب دو آلل مثبت از SeriM82 و چهار آلل منفی از Babax و بیشترین اثر مثبت را از آلل 7A و بیش‌ترین اثر منفی را از آلل 4A دریافت نموده است. آللی که بیش‌ترین اثر افزایشی مثبت برای محتوای پروتئین را داشت از آلل‌های 5A و 6D بودند که توسط SeriM82 ارائه شده بود. صفت حجم رسوب زلنی اثر افزایشی مثبت را از آلل 6A و اثر افزایشی منفی را از آلل 6D دریافت نموده است. صفت وزن هزار دانه چهار آلل مثبت از SeriM82 و دو آلل منفی از Babax و بیش‌ترین اثر مثبت را از آلل 7D و بیش‌ترین اثر منفی را از آلل 2B دریافت نموده است. بنابراین، توزیع لاین‌های والدین به آلل‌های مثبت بین این ۱۱ صفت کیفی به‌طور قابل توجهی متفاوت است.

از مجموع هیجده QTL در شرایط نرمال برای صفات محتوای پروتئین، حجم رسوب زلنی، حجم نان، درصد رطوبت، میزان جذب آب، شاخص گلوتن و سختی دانه هرکدام یک QTL، حجم رسوب SDS دو QTL، گلوتن مرطوب چهار QTL و وزن

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

هزار دانه پنج QTL تشخیص داده شد و از مجموع دوازده QTL در شرایط تنش برای صفات حجم رسوب زلنی، حجم نان، میزان جذب آب، وزن هزار دانه هرکدام یک QTL، محتوای پروتئین، گلوتن مرطوب، شاخص گلوتن و الاستیسیته گلوتن هر کدام دو QTL به‌دست آمد. QTLهایی که منجر به واریانس فنوتیپی بیشتر می‌شوند، معمولاً در دو محیط یا بیشتر تشخیص داده می‌شوند. مهم‌ترین نتیجه‌ایی که از این تحقیق به‌دست آمد این بود که صفات محتوای پروتئین با حجم رسوب زلنی، محتوای گلوتن مرطوب، حجم رسوب SDS و میزان جذب آب همبستگی مثبت و بالایی با همدیگر داشتند و این نتیجه بر روی نقشه کروموزومی هم مشهود بود که بر روی کروموزوم 6A قرار داشتند و حتی صفات محتوای پروتئین، گلوتن مرطوب و حجم رسوب SDS به نزدیک‌ترین نشانگر gwm518b در موقعیت ۵۵ قرارگرفته بودند که نشان از هم‌مکان بودن آن‌ها را می‌دهد.

منابع

AACC (2005) AACC Approved Methods.St. Paul, Minnesota, USA: AACC, American Association of Cereal Chemists, Inc.

Blanco A, Bellomo MP, Cenci A, De Giovanni C, D'Ovidio R, Iacono E, Laddomada B, Pagnotta MA, Porceddu E, Sciancalepore A, Simeone R, Tanzarella OA (1998) A genetic linkage map of durum wheat. Theoretical and Applied Genetics 97:721-728.

Bonneau J, Taylor J, Parent B, Bennett D, Reynolds M, Feuillet C, Langridge P, Mather D (2013) Multi-environment analysis and improved mapping of a yield-related QTL on chromosome 3B of wheat. Theoretical and Applied Genetics 126:747-61.

Carter BP, Morris CF, Anderson JA (1999) Optimizing the SDS Sedimentation Test for End-Use Quality Selection in a Soft White and Club Wheat Breeding Program. Cereal Chemistry 76:907-911.

Carter AH, Garland-Campbell K, Morris CF, Kidwell KK (2012) Chromosomes 3B and 4D are associated with several milling and baking quality traits in a soft white spring wheat (*Triticum aestivum* L.) population. Theoretical and Applied Genetics 124:1079-1096.

Chunlian L, Guihua Baic d, Shiaoman C, Brett C, Zhonghua W (2015) Single nucleotide polymorphisms linked to quantitative trait loci for grain quality traits in wheat. The Crop Journal 4:1-11.

Clarke FR, Knox R E, Pozniak C J, Somers DJ, Clarke JM, Singh A, Singh AK (2008) Durum consensus map from six diverse populations. From seed to pasta: the durum wheat chain. 2008 Jun. 30 to Jul. 03. Bologna, Italy.

Cubadda R, Carcea M, Pasqui LA (1992) Suitability of the gluten index test for assessing gluten strength in durum wheat and semolina. Cereal Foods World 37:866-869.

Daniel C, Triboi E (2002) Changes in wheat protein aggregation during grain development: effect of temperatures and water stress. European Journal of agronomy 16:1-12.

Francis W (2009) Identification of Quantitative Trait Loci (QTLs) Associated with Maintenance of Bread Making Quality under Heat Stress in Wheat (*Triticum aestivum*). Thesis PHD. Submitted to the Office of Graduate Studies of Texas A and M University.

Galande AA, Tiwari R, Ammiraju JSS, Santra DK, Lagu MD, Rao VS, Gupta VS, Misra BK, Nagarajan S, Ranjekar PK (2001) Genetic analysis of kernel hardness in bread wheat using PCR-based markers. Theoretical and Applied Genetics 103:601-606.

Guttieri MJ, Bowen D, Gannon D, O'Brien K (2001) Solvent retention capacities of irrigated soft white spring wheat flours. Crop Science 41:1054-1061.

Hruskova M, Famera O (2003) Prediction of wheat and flour Zeleny sedimentation value using NIR technique. Czech Journal Food Science 21:91-96.

Hu XZ, Shang YN (2007) A new testing method for vital gluten swelling index. Journal Science of Food Agriculture 87:1778-1782.

Kuchel H, Landridge P, Mosinek L, Williams K, Jefferies SP (2006) The genetic control of milling yield, dough rheology and baking quality of wheat. Theoretical and Applied Genetics 112:1487-1495.

Kulwal P, Kumar N, Kumar A, Gupta RK, Balyan HS, Gupta PK (2005) Gene networks in hexaploid wheat: interacting quantitative trait loci for grain protein content. Functional Integrative Genomics 5:254-259.

Kuspira J, Unran J (1957) Genetic analysis of certain characters in common wheat using whole chromosome substitution lines. Canadian Journal of Plant Science 37:300-326.

Law CN, Young CF, Brown JWS, Snape JW, Worland AJ (1978) The study of grain protein control in wheat using whole chromosome substitution lines. In: Seed protein improvement by nuclear techniques. International Atomic Energy Agency, Vienna pp 483-502.

Li HM, Tang ZX, Zhang HQ,Yan BJ, Ren ZL (2013) Major quality trait analysis and QTLdetection in hexaploid wheat in humid rain-fed agriculture. Genetics and Molecular Research 12:1740-1751.

Li Y, Song Y, Zhou R, Branland Jia J (2009) Detection of QTLs for bread-making quality in wheat using a recombinant inbred line population. Plant Breed 128:235-243.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]

Liang Zhao F, Chen C, Lu T, Ramakrishnan N (2015) Spatiotemporal event forecasting in social media. In SDM 15 pages 963-971.

Mathews KL, Malosetti M, Chapman S, McIntyre L, Reynolds M, Shorter R, Eeuwijk F (2008) Multi-environment QTL mixed models for drought stress adaptation in wheat. Theoretical and Applied Genetics 117:1077-1091.

McCartney CA Somrs DJ, Lukow O, Ams N, Noll J, Cloutir S, Humphreys DG, Mc Callum BD (2006) QTL analysis of quality traits in the spring wheat cross RL4452 × 'AC Domain'. Plant Breeding 125:565-575.

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.

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

Olmos S, Distelfeld A, Chicaiza O, Schlatter AR, Fahima T, Echenique V, Dubcovsky J (2003) Precise mapping of a locus affecting grain protein content in durum wheat. Theoretical and Applied Genetics 107:1243-1251.

Perretant MR, Cadalen T, Charmet G, Sourdille P, Nicolas P, Boeuf C, Tixier MH, Branlard G, Bernard S (2000) QTL analysis of bread-making quality in wheat using a doubled haploid population. Theoretical and Applied Genetics 100:1167-1175.

Quarrie SA, Steed A, Calestani C, Semikhodskii A (2005) A high-density genetic map of hexaploid wheat (*Triticum aestivum L*.) from the cross Chinese Spring x SQ1 and its use to compare QTLs for grain yield across a range of environments. Theoretical and Applied Genetics 110:865-880.

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. (In Farsi).

Sun XC, Marza F, Ma HX, Carver Brett F, Bai GH (2010) Mapping quantitative trait loci for quality factors in an inter-class cross of US and Chinese wheat. Theoretical and Applied Genetics 120:1041-1051.

Taleei A, Peighambari SA (2009) QTL mapping of forage quality-related traits in barley. In: Bio- Science and Bio-Technolody. Springer, Berlin, Heidelberg (Book Chapter).Theoretical Applied Genetics 93:1211-1217. (In Farsi).

Tsilo T, Hareland G, Simsek S, Chao S, Anderson J (2010) Genome mapping of kernel characteristics in hard red spring wheat breeding lines. Theoretical and Applied Genetics 121:717-730.

Turner AS, Bradburne RP, Fish L, Snap JW (2004) New quantitative trait loci influencing grain texture and protein content in bread wheat. Journal Cereal Science 40:51–60.

Weightman RM, Millar S, Alava J, Foulkes MJ, Fish L, Snape JW(2008) Effects of drought and the presence of the 1BL/1RS translocation on grain vitreosity, hardness and protein content in winter wheat. Journal of Cereal Science 47:457-468.

Williams PC, Sobering DC (1993) Comparison of commercial near infrared transmittance and reflectance instruments for analysis of whole grains and seeds. Journal of Near Infrared Spectroscopy 1:25-32.

Wujun M, Mark W, Sutherland Stephen K, Phillip B, Paul B, William BG (2007) Wheat flour protein content and water absorption analysis in a doubled haploid population. Journal of Cereal Science 45:302-308.

Yahata E, Maruyama-Funatsuki W, Nishio Z, Yamamoto Y (2006) Relationship between the dough quality and content of specific glutenin proteins in wheat mill streams, and its application to making flour suitable for instant Chinese noodles. Bio Science Biotechnology Biochemical 70:788-797.

Zanetti S, Winzeler M, Feuillet C, Keller B, Messmer M (2001) Genetic analysis of bread-making quality in wheat and spelt. Plant Breeding 120:13-19.

Zhang W, Chao S, Manthey F, Chicaiza O, Brevis JC, Echenique V, Dubcovsky J (2008) QTL analysis of pasta quality using a composite microsatellite and SNP map of durum wheat. Theoretical and Applied Genetics 117:1361-1377.

Zhao L, Zhang KP, Liu B, Deng ZY, Qu H-L, Tian J-C (2010) A comparison of grain protein content QTL and flour protein content QTLs across environments in cultivated wheat. Euphytica 174:325-335.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.2.11.0]