

تجزیه QTL برخی صفات فنولوژیک و مورفولوژیک جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Babax و Seri M82 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، محمد رضا جلال‌کمالی^۲، محمد رضا نقوی^۱، براتعلی فاخری^۳

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری و استادان پردازش کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

۲- محقق ارشد مرکز بین‌المللی تحقیقات ذرت و گندم

۳- استادیار، دانشگاه زابل

Mahdinejad N^{*1}, Omidi M¹, Jalalkamali MR², Naghavi MR¹, Fakheri BA³

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 کنترل کننده ۹ صفت فنولوژیک و مورفولوژیک گندم، جمعیتی شامل ۱۶۷ لاین اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Babax و Seri M82 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 سیز شدن تا ظهور سنبله، تعداد روز از سیز شدن تا گرده افشاری، ارتفاع گیاه، تعداد سنبله در واحد سطح، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، شاخص بوداشت، 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 QTL بدست آمد. واریانس فتوتیپی توجیه شده به وسیله این QTL ها از ۵/۰ تا ۱۶/۰ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فتوتیپی به ترتیب برای صفات تعداد روز تا گرده افشاری و وزن هزار دانه در شرایط نرمال و تنش شوری بدست آمد. LOD در دامنه ۴/۰-۲/۵۲ قرار داشت. بیشترین و کمترین LOD به ترتیب مربوط به QTL های شاخص بوداشت در میانگین دو شرایط و وزن هزار دانه در شرایط تنش شوری بدست آمد. اکثر QTL های نقشه‌یابی 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

تشنج شوری
جایگاه صفت کمی
عملکرد
گندم
لاین‌های اینبرد نوترکیب

مقدمه

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 پاری 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 وراثت‌پذیری 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 گردده‌افشانی، ارتفاع بوته، وزن دانه و تعداد دانه در شرایط محیطی مختلف از جمله تنفس خشکی Huang et al. 2006; Marza et al. 2006;

(Snap et al. 2007; Rebetzke et al. 2008) QTL پژوهش گسترده‌ای برای شناسایی گیاهان زراعی مربوط به صفات مورفو‌لوژیک، مقاومت به بیماری‌ها و آفات، عملکرد و کیفیت در جمعیت ITMI انجام دادند. در این تحقیق ۲۱ نوع QTL با LOD بالاتر از دو تشخیص داده شدند. این محققین برای ارتفاع، طول پدانکل و طول خوش به ترتیب ۶، ۲۱ و ۱۰ مکان ژئی شناسایی کردند. (Suzuky Pinto (2009) مطالعه‌ای را برای شناسایی QTL های مربوط به صفات مرفولوژیک، فنولوژیک و زراعی تحت شرایط تنفس خشکی بر روی جمعیت تحت مطالعه گندم (Babax and SeriM82) 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. طوری که 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، دو QTL 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 همگراپلوبیت، اثر متقابل QTL با محیط وابستگی QTLها 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 QTL ها برای برخی صفات فنولوژیک و

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 فائق (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 راه حل‌های زیادی جهت جلوگیری از کاهش عملکرد گیاهان زراعی تحت تنفس شوری مورد توجه قرار گرفته ولی استفاده از روش‌های مهندسی ژنتیک به عنوان عامل اصلی موفقیت، تولید و معرفی ارقام متحمل به تنفس 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 فن آوری 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 برنامه‌های 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.

(Zakizadeh et al. 2009)، ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) (Nourkhaj et al. 2010)، تعداد سنبله در واحد سطح (Zafarnaderi et al. 2010)، تعداد دانه در سنبله (Asgari et al. 2012)، وزن هزار دانه (گرم) (Zafarnaderi et al. 2013)، شاخص برداشت (Zafarnaderi et al. 2013)، عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم/هکتار) (Aharizad et al. 2012) و عملکرد دانه (کیلوگرم/هکتار) (Zakizadeh et al. 2010) و عملکرد اندازه‌گیری (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 مركب 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 فنتوتیپی 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 تنش شوری محاسبه شد. اختلاف بین والدین (P_1 - P_2) با LSD حاصل از تجزیه واریانس والدین و اختلاف بین میانگین والدین و میانگین رکه‌های اینبرد نو ترکیب ($\bar{x}_P - \bar{x}_{RIL}$)، پیشرفت ژنتیکی در جهت مثبت ($GG_p = B_{RIL} - B_p$) و منفی ($GG_N = W_{RIL} - W_p$) با LSD حاصل از تجزیه واریانس رکه‌های اینبرد نو ترکیب به همراه والدین مقایسه شدند. ضرایب تنوع ژنتیکی (GCV)، محیطی (ECV) و فنتوتیپی (PCV) از تجزیه واریانس ژنتوتیپ‌ها حاصل شد. بدین منظور ابتدا واریانس‌های ژنتیکی، فنتوتیپی و محیطی با میانگین مرباعات مربوط محاسبه شد. سپس ضرایب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنتوتیپی 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 فنتوتیپی) نیز محاسبه شد.

مورفو‌لولوژیک، برآورده 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 نو ترکیب حاصل از تلاقی دو رقم هگراپلوبید خالص بهاره و نیمه پا کوتاه گندم به نام‌های SeriM82 (نسبتاً حساس به خشکی و تنش‌های محیطی با تاریخچه انتخاب ۱۹۶-۹۷ S-1 MX196-97) و M31 IBWSN (متحمل به تنش خشکی و تنش‌های محیطی با تاریخچه Babax انتخاب CM92066-J-0Y-0M-0Y-4M-0MEX-48BBB-0Y) است. این ارقام و ۱۶۷ لینه اینبرد نو ترکیب 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 و ۳۰ 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، حداقل مطلق دما ۴۹ و حداقل مطلق آن ۷ درجه سانتی‌گراد می‌باشد. میانگین سالانه رطوبت نسبی ۴۹/۲۰ درصد و میانگین بارندگی ۵۳ و تبخیر سالانه ۴۰۰۰-۵۰۰۰ 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 سانتی‌متر کاشت شد. در طول فصل زراعی مراقبت‌های زراعی لازم شامل مصرف کود سرک، وجین علف‌های هرز، کتترل آفات و بیماری‌ها از مزرعه به طور مطلوب انجام پذیرفت. آبیاری بر اساس نیاز و مرحله رشد گیاه و شرایط آب و هوایی منطقه ۴-۵ 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 اینبرد (Aharizad et al. 2012).

سایر صفات مقادیر کمتری را نشان داد. اختلاف بین میانگین لاین‌های نوترکیب خالص و میانگین والدین برای کلیه صفات مورد بررسی غیرمعنی دار 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 دامنه تغییرات نتاج قرار گرفته و ژنتیپ‌های 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 معنی دار 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 معنی دار بود. این مسئله، بر وجود تفرق برتر از والدین در دو جهت مثبت و منفی دلالت دارد. در نتیجه، آلل‌های زیادی بین دو لاین والدین 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 عمداء‌ای 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 وراثت-پذیری به ترتیب مربوط به صفت شاخص برداشت بود. توارث-پذیری 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 نخواهد بود. با این حال، کارایی انتخاب بستگی به مقدار توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی موردنظردارد. صفاتی که دارای توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالا هستند، ممکن است تحت کنترل عمل جمع‌پذیر ژن‌ها

نقشه لینکازی نشانگرهای مولکولی شامل 249 نشانگر AFLP و ۲۶۴ نشانگر SSR DArT بود که توسط McIntyre et al. (2010) تهیه شده است. تجزیه QTL به طور مجزا برای هر یک (Siahzar et al. 2009 ; Taleei et al. 2009 ; Siahzar and Narouei 2010) از شرایط تنش شوری، نرمال و میانگین (Stepwise regression) گرفت. برای تعیین QTL‌ها و برآورد اندازه اثرات آنها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) استفاده شد. حداقل LOD برای شناسایی QTL‌ها ۲/۵ و حداقل فاصله پویش دو سانتی مترگان 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. قله‌های LOD موقعیت QTL را نشان داد. اثرات QTL در قله موقعیت QTL و حدود اعتماد ۹۵ درصد QTL‌ها 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 معنی دار ($P < 0.01$) بود. این مسئله نشان‌دهنده تنوع بالا در داخل جمعیت بود. از آنجا که این جامعه لاین‌های نوترکیب خالص می‌باشد، لذا تنوع موجود در این جمعیت غالباً ناشی از اثرات افزایشی است. اثر محیط برای تمام صفات در سطح احتمال یک درصد ($P < 0.01$) معنی دار بود. اثر متقابل محیط × رقم برای اکثر صفات معنی دار نبود. در نتیجه دیگر هر رقم ارقام در مناطق مختلف یکسان بوده است. 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 مربوط به Seri M82 نسبت به برای صفاتی چون ارتفاع گیاه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه مقادیر بیشتر و برای

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

| منابع تغییرات | درجه آزادی | میانگین مربعات | DHE | DAnth | PLH (cm) | Spike (m^{-2}) |
|-------------------|------------|----------------|---------|-----------|-------------|--------------------|
| محیط | ۱ | ۵۷۳/۱۵** | ۲۱/۶۱** | ۷۲۴۸/۱۷** | ۶۰۵۹۵۹/۱۱** | ۳۲۴۷/۶۱ns |
| تکرار (محیط) | ۲ | ۵/۷۰ ns | ۶۹/۰۵** | ۵۳۱/۵۶** | ۶۳۶۲/۹۰ ns | ۱۴۵/۹۵** |
| بلوک (تکرار×محیط) | ۱۶ | ۲/۸۲ns | ۱۵/۱۲** | ۸۸/۰۳** | ۱۴۶۴۲/۲۸** | ۴۱۷۵/۸۷ns |
| ژنتیپ | ۱۶۸ | ۱۱/۸۵** | ۲/۷۹ | ۴۶/۸۴ | ۴۰۱۷/۰۶ | ۱۶/۴۸ |
| ژنتیپ×محیط | ۱۶۸ | ۶/۷۸** | ۲/۵۷ | ۳۰/۶۲ns | ۷۵/۵۶ | ۶۷/۹۴ |
| خطا | ۳۲۰ | ۲/۵۷ | ۱/۴۲ | ۱۴/۵۸ | | |
| ضریب تغییرات (%) | | | | | | |
| ضریب تبیین | | | ۸۱/۱۹ | ۸۱/۴۹ | | |

ns، * و ** به ترتیب عدم اختلاف معنی دار و معنی دار بودن در سطوح احتمال پنج و یک درصد. DHE) تعداد روز تا گرده افسانی؛ 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 مورفوولوژیک 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** | ۱۴۸۷۹۸/۹۸** |
| تکرار (محیط) | ۲ | ۳۹/۷۷ns | ۴۱۶۰۳۴/۲۰* | ۱۵/۵۴ns | ۸۰/۴۳ns | ۵۱۶۳۲/۳۲* | ۷۵۱۱۳/۶۲** |
| بلوک (تکرار×محیط) | ۱۶ | ۶۵/۲۸ns | ۳۰۴۹۲۱/۷۰** | ۱۲/۹۵ns | ۳۵/۷۵ns | ۲۹۹۶۲/۲۸ns | ۴۱/۴۴** |
| ژنتیپ | ۱۶۸ | ۹۹/۸۵** | ۳۷۰۷۶۴/۱۵** | ۴۸/۲۶** | ۵۹/۵۵** | ۲۷۷۸۷۰/۴۴ | ۲۶/۷۶ |
| ژنتیپ×محیط | ۱۶۸ | ۲۷/۹۲ns | ۱۰۰۵۷۶/۸۷ns | ۵/۹۶ns | ۱۶/۲۰ | ۱۱/۷۸ | ۷۴/۶۴ |
| خطا | ۳۲۰ | ۴۵/۲۷ | ۱۱۸۲۰/۱۰ | ۲۴/۹۲ | ۲۲/۳۰ | | |
| ضریب تغییرات (%) | | | ۲۱/۲۱ | ۲۲/۱۷ | ۱۶/۲۰ | ۱۱/۷۸ | |
| ضریب تبیین | | | ۶۵/۱۲ | ۷۶/۱۵ | ۶۲/۱۲ | ۷۱/۸۷ | |

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

وجود دارد. توارث پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی کم برای صفات تعداد روز تا گرده افسانی، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه نشان داد که اثرات غیر جمع پذیر ژنهای سهم قابل ملاحظه ای را در توارث این صفات دارا می باشد و انتخاب در چنین مواردی موثر نخواهد بود. همبستگی های ساده فنوتیپی ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب به همراه والدین نشان برای نه صفت در میانگین دو شرایط نرمال و Siahzar et al. 2009; Taleei et al. 2009; Siahzar 2010 نشش شوری (and Narouei 2010) در جدول ۳ نشان داده شده است. بیشترین همبستگی به صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه

باشد 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. وراثت پذیری کم همراه با پیشرفت ژنتیکی کم نشان می دهد که صفت به مقدار زیادی تحت تاثیر Farahadfar عوامل محیطی است و انتخاب موثر نخواهد بود (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 توارث پذیری و بازده ژنتیکی بالایی بودند، بنابراین در توارث پذیری این صفت احتمالاً کنترل ژنتیکی جمع پذیر

جدول ۲- آمارهای ساده ۹ صفت در ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب والدین شان برای میانگین دو شرایط ترمال و تشن شوری

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

(Pcv) ضریب تنوع فنوتیپی؛ (Gcv) ضریب تنوع رنوتیپی؛ (Ecv) ضریب تنوع محیطی؛ (GC_{5%}) بازده زنتیکی برای ۵ درصد گزینش؛ (h²) توراث پذیری خصوصی؛ (DHE) تعداد روز تا گرده افسانی؛ (DAnth) تعداد روز تا سنبله دهی؛ (PLH) ارتفاع گیاه؛ (GN spike) تعداد سنبله در متر مریع؛ (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 مورفوژیک در لینه های اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Babax و SeriM82

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

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

را توجیه کردند. این QTL‌ها به ترتیب دارای اثر افزایشی $r=0.897^{**}$ و $-0.38/11$ و $-0.36/18$ 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 ۵D، ۵B، ۵A، ۴D، ۳B، ۲B، ۲A، ۱B، ۱A، ۶A، ۷A و ۷D شناسایی کرد. برخی از QTL‌های مذکور دارای اثرات پلیوتروپیک بوده و در چندین صفت تکرار شدند. LOD فقط ۶، QTL از مجموع ۳۵ QTL گزارش شده دارای RIL گندم حاصل از تلاقی 7840 clarkxning Marza et al. (2005) با بررسی یک جمعیت 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 ۱A، ۱B، ۲B، ۳B، ۴B، ۵A، ۵B، ۶B، ۷A و ۷D 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) گزارش کردند که حساسیت نوری و زمان کروموزوم‌های 7A کروموزوم‌های ۶B و ۳B برای شرایط نرمال و شرایط نرم‌ال و یکی برای شرایط تنش شوری شناسایی شد. که هر دو ۷ درصد از واریانس فنوتیپی را تبیین کردند. دو QTL به ترتیب بر روی کروموزوم‌های ۶B و ۳B 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 7840 Ning و

(*) $r=0.897^{**}$ تعلق داشت. همبستگی صفت تعداد روز تا سنبله دهی و تعداد روز تا گردهافشانی بالا و بسیار معنی‌دار بود ($r=0.786^{**}$). همبستگی‌های بالای بین صفات ممکن است ناشی از هم مکانی QTL‌های کنترل کننده آنها باشد. علاوه بر این، ممکن است تنوع یک صفت تنوع صفات دیگر را تشریح نماید (Siahzar et al. 2008)

QTل‌های کنترل کننده صفات فیزیولوژیک مربوط به ۱۶۷ لاین خالص نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Babax Seri M82 و شرایط بدون تنش و اعمال تنش در جدول ۴ و شکل ۱ و برای میانگین آنها Siahzar et al. 2009; Taleei et al. 2009; Siahzar and Narouei 2010) میانگین داده شده است. برای صفات مورد بررسی در مجموع ۲۷ عدد QTL 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 گردهافشانی، وزن هزار دانه در شرایط نرمال و تنش شوری بدست آمد. LOD در دامنه ۲/۵۲-۴/۰۵ قرار داشت. بیشترین و کمترین LOD به ترتیب مربوط به QTل‌های 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 1B(2) و 7A(19) به ترتیب در جایگاه‌های ۱۵/۰۳ و ۵۷/۰۰ و ۶۹/۰ سانتی مورگان شناسایی شد که در مجموع ۱۵/۵۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این QTL‌ها 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 Q2lalarm و Q1lalarm (QTل) روی کروموزوم‌های 8(3B) و 17(6B) در جایگاه ۱۱۸/۵۱ و ۲۷/۶۱ سانتی مورگان شناسایی شدند که در مجموع ۱۴/۲۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت

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 می‌شود. برای مقاصد اصلاحی اولین مسئله پایداری در ظهر QTL‌های نقشه‌یابی شده‌ای است که ممکن است کاندیدای گزینش به کمک نشانگر باشند. پایداری QTL‌ها 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 ممکن متنوعی به دست آمد. یا اینکه، محل قرارگیری آنها کمی متفاوت داشت و یا اثرات آللی آنها متفاوت بود. در تجزیه QTL است محل قرارگیری یک QTL در جایگاه خاصی تعیین شود، در حالی که محل قرارگیری واقعی آن تا چندین سانتی‌مترگان 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 (Siahzar and Narouei 2010). اثر Lu et al. 1996; Yadav et al. 2003; Cogan et al. 2005) مشاهده شده است. عوامل محیطی از جمله شوری اندازه‌های کمی صفات را تحت تاثیر قرار می‌دهند. به عبارت دیگر میزان تنوع ممکن است در درجات متفاوت شوری متنوع باشد و موجب ناپایداری QTL‌ها شدن. علاوه بر این مقادیر متفاوت خطأ در آزمایشات متفاوت نیز ممکن است موجب ناپایداری QTL شود. لذا برای اینکه بتوان از QTL‌ها 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

Clark تعداد ۸ QTL را برای تعداد دانه بر روی کروموزوم‌های 1A، 2A، 3B، 2B، 1B و 4B شناسایی کردند. Ghaderi et al. (2008) نیز سه QTL بر روی کروموزوم‌های 1D، 4D و 6B با اثرات افزاینده الی نشات گرفته از هر دو والد Babax و Seri M82 در شرایط تنفس خشکی مشاهده کردند. تعداد یک QTL برای شرایط نرمال، دو QTL برای شرایط تنفس شوری و یک QTL برای میانگین دو شرایط نرمال و شوری برای شاخص برداشت شناسایی شد که بر روی کروموزوم‌های 3B و 2D و 7A قرار گرفته است. این QTL‌ها به ترتیب در جایگاه ۹۹/۳۱، ۷۰/۷۱، ۱۱۸/۵۱ و ۹۹/۳۱ برای شرایط نرمال، شوری و میانگین دو شرایط واقع شده است و به ترتیب دارای اثر افزایشی ۱/۴۷، ۱/۲۲، ۱/۳۵ و ۱/۱۶ برای شرایط نرمال، شوری و میانگین دو شرایط بود. Quarrie et al. (2006) نیز با بررسی بر روی یک جمعیت هاپلوبید مضاعف Chinese Spring×SQ1 یک QTL برای شاخص برداشت را بر روی کروموزوم 7A گزارش کردند که افزایش شاخص برداشت در این QTL با کترل- Ghaderi et al. (2008) کننده عملکرد دانه بالا همپوشانی داشت. نیز تعداد ۵ QTL برای شاخص برداشت بر روی کروموزوم‌های 1B، 5A، 1D، 6B و 7A لینه‌های اینبرد حاصل از تلاقی دو والد Babax و Seri M82 در شرایط تنفس خشکی شناسایی کردند. آنها عنوان کردند که الی افزاینده برای QTL‌های شناسایی شده صفت شاخص برداشت، از هر دو والد Babax و Seri M82 به ارث رسیده‌اند که حکایت از داشتن الی افید هر دو والد برای این دو صفت دارند. در شرایط نرمال سه QTL برای عملکرد بیولوژیک بر روی کروموزوم‌های 4A و 6B به ترتیب در جایگاه ۲۰/۶۳۱ و ۱۹/۱۱ و ۲۷/۶۱ شناسایی شد که در مجموع ۲۰۰۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این QTL wpt-2095 ها به ترتیب با نشانگرهای aac-caa-2, actcag-4 و piosstgی داشتند و دارای اثر افزایشی ۱۰۸/۷۲ و ۱۲۴/۳۷ بودند. برای عملکرد بیولوژیک در شرایط میانگین دو شرایط یک QTL روی کروموزوم 6B شناسایی شد. از مهمترین اهداف اصلاح‌گران نباتات، اصلاح ژنتیکی‌های با عملکرد بالا و کیفیت برتر است که در محیط‌های متفاوت از پایداری لازم

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

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

(DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ (DAnth) تعداد روز تا گرده اشنانی؛ (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.

دو ژن یا اثر پلیوتروپی یک ژن است. پلیوتروپی به طور همزمان دو یا چند صفت (اجزای فرعی صفات) را کنترل می‌کند و وقتی یک صفت انتخاب شود، موجب کاهش یا افزایش همزمان صفات همبسته می‌شود. در پلیوتروپی همبستگی بین صفات هرگز شکسته نمی‌شود (Siahzar and Narouei 2010).

همبستگی‌های مثبت و منفی موجود بین صفات بود (جدول‌های ۴ و ۵). به عبارت دیگر، آثار آللی هم علامت موجب همبستگی مثبت و آثار آللی با علامت مخالف موجب همبستگی منفی صفات شد. هم مکانی چند QTL‌ها موجب همبستگی‌های بالای صفات شده است. هم مکانی بین QTL‌ها بواسطه لینکاژ بین

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

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

(DHE) تعداد روز تا سنبله دهی؛ (DAnth) تعداد روز تاگرده افسانی؛ (PLH) ارتفاع گیاه؛ (GN 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.

Babax به منظور اصلاح و جدا سازی لاینهای برتر جهت آزاد سازی برای استفاده 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.

(Siahzar et al. 2008). همچنین ژنهای خوشای صفات متفاوت ممکن است موجب همپوشانی QTL ها شوند. با این وجود، برای فهم این که ماهیت نواحی کنترل کننده بیشتر از یک صفت، ناشی از پلیوتروپی، لینکاز ژنی یا ژنهای خوشای است، نقشه با چگالی بالا برای نقشه یابی مورد نیاز می باشد. اگرچه برای صفات فنولوژیک و فیزیولوژیک لاینهای اینبرد گندم در این تحقیق QTL های زیادی در دو شرایط نرمال و تنش سوری تعیین شد و پارهای از آنها از پایداری لازم برخوردار بودند، ولی به نظر می رسد 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 فنتیپی صفات دارد و جامعه حاصل از Seri M82 و

- 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.
- Börner 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, Franck 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 (*Triticum 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 Review of Plant Biology* 59:651-681
- Nourkhaj 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 Biology* 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 recombinant inbred lines. *Heredity* 90: 56-63.
- Siahzar 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).
- Siahzar 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.
- Siahzar 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.
- Suzuki 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 Applied Genetics* 121:1001-1021.

- Taleei A, Siahzar BA, Peighambari SA (2009) QTL mapping of forage quality-related traits in barley. In: Bio-Science and Bio-Technology. 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 Applied 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)