ژنتیک نوین
دوره شانزدهم، شماره ۱، بهار ۱۴۰۰
صفحه ۹۰ – ۸۵

«مقاله کوتاه»

بررسی وجود ارتباط بین نشانگرهای SSR با صفات مرتبط با عملکرد در گندم نان

Assessment of SSR marker-trait association for yield related characters in bread wheat

زینب ملکی‌راد[۱]، خلیل زینلی‌نژاد*[۱]، محمدهادی پهلوانی[۱]

۱- به‌ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استادیار، دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گلستان، ایران

Maleki Rad Z[1], Zaynali Nezhad Kh*[1], Pahlavani MH[1]

1- Graduated MSc Student, Assistant, Associate Proffesor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Golestan, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:khalil1381@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۸/۱۲/۱۴ – تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۹/۱۸)

چکیده

نشانگرهای مولکولی می‌تواند نقش مهمی در بهبود عملکرد گندم از طریق اصلاح نباتات مولکولی داشته باشد. در این مطالعه به‌منظور پیدا نمودن نشانگر پیوسته با صفات مورفولوژیک بر روی ۳۴ ژنوتیپ گندم نان و یک ژنوتیپ گندم بهاره چینی از ۱۳ نشانگر SSR استفاده شد. این ژنوتیپ‌ها در شرایط مزرعه کشت شدند و از نظر ۱۲ صفت کمی شامل عرض دانه، طول دانه، وزن صد دانه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، طول برگ پرچم، طول ریشک، عرض برگ پرچم، روز تا گلدهی، ارتفاع گیاه و طول پدانکل مورد بررسی قرار گرفت. ابتدا ساختار جمعیت به‌عنوان پیش نیازی برای انجام تجزیه ارتباط با استفاده از نرم‌افزار Structure بررسی شد. سپس تجزیه ارتباط برای آنالیز ارتباط نشانگرها با صفات مورفولوژیکی با استفاده از نرم‌افزار Tassel v.5 و مدل خطی عمومی (GLM) صورت گرفت. بررسی ساختار جمعیت با استفاده از داده‌های ISSR وجود دو زیر گروه احتمالی (K=۲) را نشان داد. نتایج مربوط به بررسی وجود ارتباط بین نشانگرهای SSR و صفات مورد مطالعه نشان داد که نشانگرهای Xgwm998-4B با صفات طول دانه، وزن صد دانه، عرض دانه، تعداد دانه در سنبلچه، ارتفاع گیاه و طول پدانکل، Xgwm925-4B با صفات عرض دانه، تعداد دانه در سنبلچه، روز تا گرده افشانی، Xgwm910-4B با صفات طول دانه، طول ریشک، عرض دانه، Xgwm891-4B با صفات طول ریشک، روز تا گرده افشانی، Xgwm898-4B با صفات طول دانه، روز تا گرده افشانی، طول پدانکل، Xgwm710-4B با صفت ارتفاع گیاه، Xgwm888-4B با صفت روز تا گرده افشانی، Xgwm930-4B با صفت طول پدانکل، Xgwm1084-4B با صفت طول ریشک، Xgwm295-7D با صفات طول ریشک، طول برگ پرچم، روز تا گرده افشانی و ارتفاع گیاه، Xgwm44-7D با صفات وزن صد دانه، روز تا گرده افشانی، عرض برگ پرچم و عرض برگ پرچم، Xgwm885-7D با صفات طول دانه، وزن صد دانه و طول سنبله ارتباط معنی‌داری نشان دادند. از این نتایج می‌توان در برنامه‌های اصلاحی گندم نان استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی

اصلاح مولکولی
تجزیه ارتباطی
روش GLM
گندم نان
SSR

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]

در گندم نان، نقشه‌یابی QTL برای بسیاری از صفات زراعی مهم از جمله عملکرد، کیفیت، مقاومت به تنش‌های زنده و غیرزنده انجام شده است و اطلاعات ارزشمندی در این مورد موجود است (Yao et al. 2009). شناسایی و معرفی نشانگرهای دارای ارتباط با صفات زراعی می‌تواند به متخصصین اصلاح گندم کمک نماید تا انتخاب ژنوتیپ‌های مورد نظر را بر اساس این نشانگرها انجام دهند تا زمان و هزینه اجرای برنامه اصلاحی کاهش و در نهایت کارایی انتخاب افزایش یابد.

Ramya et al. (2010) در نقشه‌یابی QTLهای وزن هزار دانه، طول دانه و عرض دانه در گندم نان، برای وزن هزار دانه، ده QTL روی کروموزوم‌های 1A، 1D، 2B، 2D، 4B، 5B و 6B و نه QTL برای عرض دانه روی کروموزم‌های 1D، 2B، 2D، 4B، 5B و 5D یافتند Kuchel et al. (2007) در بررسی تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه در گندم نان روی یک جمعیت دابل هاپلوییید، QTLهای مرتبط با عملکرد دانه روی کروموزوم‌های 1B، 4D و 7D شناسایی نمود. Zaynali Nezhad (2010) در مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات زراعی در گندم نان کروموزوم 4B را برای صفات وزن هزار دانه، سطح دانه، عرض دانه، طول دانه، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع گیاه و کروموزوم 7D را برای صفات وزن هزار دانه، سطح دانه، عرض دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، طول سنبله، روز تا گلدهی و ارتفاع گیاه معرفی نمود. مطالعات فوق حاکی از اهمیت دو کروموزوم 4B و 7D در گندم نان به‌عنوان جایگاه‌های در برگیرنده ژن‌های کنترل‌کننده صفات مهم در گندم نان می‌باشد.

این پژوهش در نظر دارد نقشه‌یابی ارتباطی را در دو کروموزوم 4B و 7D در یک جمعیت طبیعی شامل تعداد متنوعی از ژنوتیپ‌های گندم نان انجام دهد تا امکان یافتن آلل‌های جدید از ژن‌های مورد نظر و نشانگرهای نزدیک‌تر به این ژن‌ها را بررسی نمایید.

در این مطالعه ۳٤ ژنوتیپ گندم نان بیشتر شامل ژنوتیپ‌های بومی ایران و خاورمیانه ارزیابی شدند. در این پژوهش از یک ژنوتیپ گندم بهار چینی (Chinese Spring) نیز که دارای آلل‌های مشخص برای آغازگرهای SSR مورد نظر در این تحقیق بود، به‌عنوان کنترل و برای تایید آلل‌های مشاهده شده استفاده شد. ژنوتیپ‌های مورد نظر در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در دی ماه سال ۱۳۹٤ در کنار ۷۵۰ ژنوتیپ دیگر طبق طرح آگمنت[1] همراه چهار رقم از گندم‌های نان رایج منطقه گرگان شامل گنبد، دریا، کوه‌دشت و مروارید (به‌عنوان ارقام کنترل برای طرح آگمنت) مطابق طرح بلوک‌های کامل تصادفی به‌منظور برآورد خطای آزمایشی کشت شدند. ارقام مورد بررسی در طرح آگمنت دارای یک تکرار بودند و فقط شاهدها در قالب طرح بلوک کامل تصادفی و با تکرار کشت شدند. در این پژوهش یازده صفت کمی شامل روز تا گرده افشانی، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، طول پدانکل، ارتفاع گیاه، طول سنبله، طول ریشک، تعداد دانه در سنبله، طول دانه، عرض دانه و وزن ۱۰۰ دانه ارزیابی شد. استخراج DNA به‌روش CTAB[2] (Doyle and Doyle1990) انجام شد. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده توسط الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد تعیین شد.

محتوای چندشکلی نشانگرهای SSR با استفاده از فرمول $PIC = 1 - \sum p_i^2$ (Chesnokov and Artemyeva 2015) محاسبه شد. برای بررسی رابطه صفات با نشانگر باندهای حاصل از نشانگرها به صورت صفر و یک امتیازدهی شد. با توجه به این‌که بررسی رابطه صفات با نشانگر SSR در منطقه‌ای خاص از کروموزوم 4B و 7D بود، از ماتریس حاصل از داده‌های ISSR که بر روی همین جمعیت مورد بررسی قرار گرفته بود برای بررسی ساختار جمعیت مورد استفاده قرار گرفت. ساختار جمعیت با استفاده از داده‌های حاصل از تلفیق نشانگرهای ISSR با نرم‌افزار Structure v2.3.4 (Pritchard et al. 2000) در حالت admixture با مقادیر Burn-in ۳۰۰۰۰ و MCMC ۳۰۰۰۰ در مقادیر مختلف K از ۱ تا ۲۰ و تعداد تکرار ۱۰ بررسی شد. برای محاسبه deltak و تعیین K بهینه از نرم‌افزار Structure harvester (Earl. 2012) طبق روش Evanno (Evanno et al. 2005) استفاده شد. تجزیه ارتباط با استفاده از نرم‌افزار TASSEL v5.0 به روش GLM انجام شد. نشانگرهای مرتبط با صفات مورفولوژیکی با توجه به مقادیر P-value کمتر از ۰/۰۵ انتخاب شدند.

[1] Augment
[2] CethylTrimethyl Ammonium Bromide

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]

جدول ۱ نتایج آنالیز واریانس برای ژنوتیپ‌های شاهد کشت شده طبق طرح آگمنت بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی را نشان می‌دهد. طبق این جدول ژنوتیپ‌های شاهد برای صفات عرض دانه، طول دانه، وزن صد دانه، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و طول پدانکل تفاوت معنی‌دار در سطح یک درصد نشان دادند و فقط از نظر صفت ارتفاع گیاه تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد. بین بلوک‌ها تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد که نشان‌دهنده یکنواختی شرایط آزمایش برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. از بین ۱۳ نشانگر ریزماهواره مورد استفاده نشانگر *Xgwm163-4B* تکثیر مناسبی رروی ژنوتیپ‌های مورد بررسی نداشت و در نتیجه از ادامه آنالیزها حذف شد. بیشترین محتوای چند شکلی مربوط به نشانگر *Xgwm44-7D* و کمترین میزان محتوای چند شکلی مربوط به نشانگر *Xgwm888-4B* به‌ترتیب ۰/۷۶ و ۰/۴۵ بود.

بررسی ارتباط نشانگرهای SSR با صفات فنوتیپی

جدول ۱- تجزیه واریانس برای ارقام شاهد برای صفات مورد مطالعه

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات										
		عرض دانه (cm)	طول دانه (cm)	وزن صد دانه (gr)	تعداد سنبلچه	تعداد دانه در سنبله	طول سنبله (cm)	طول ریشک (cm)	طول برگ پرچم (cm)	عرض برگ پرچم (cm)	ارتفاع گیاه (cm)	طول پدانکل (cm)
بلوک	۸	۰/۰۴	۰/۰۶	۰/۳۷	۰/۶۴	۶۳/۸۷	۰/۳۹	۰/۰۸	۶/۹۲	۰/۰۲	۴۴/۷۲	۴/۴۵
ژنوتیپ	۳	۰/۱۶**	۰/۸**	۲/۶**	۴۴/۲۳**	۶۴۴/۳۲**	۳۵/۸۸**	۰/۸۳**	۳۳/۳۴**	۰/۳۰**	۱۱۵/۵۹ns	۱۴۴/۳۲**
خطا	۲۴	۰/۰۲	۰/۰۵	۰/۲۴	۱/۴۵	۶۱/۱۳	۰/۸۵	۰/۱۲	۳/۶۹	۰/۰۳	۸۰/۹۰	۱۰/۰۲
ضریب تغییرات		۴/۶۳	۳/۰۹	۱۱/۶۴	۵/۶۲	۱۱/۹۳	۷/۴۳	۴/۴۷	۷/۵۷	۱۰/۲۶	۱۱/۱۷	۹/۶۴

** معنی‌داری در سطح یک درصد، n.s غیر معنی‌دار

جدول ۲- نشانگرهای پیوسته با صفات مورد مطالعه

Marker	آلل	P-value	R^2	Effect
عرض دانه				
Xgwm910-4B	۱۵۰	۰/۰۴	۰/۱۳	-۰/۰۳
Xgwm925-4B	۱۸۶	۰/۰۵	۰/۱۱	-۰/۰۳
Xgwm998-4B	۲۲۵	۰/۰۳	۰/۱۳	-۰/۰۲
Xgwm998-4B	۲۵۰	۰/۰۰۷	۰/۲۰	۰/۰۵
وزن صد دانه				
Xgwm910-4B	۱۴۸	۰/۰۲۲	۰/۱۱	۰/۶۱
Xgwm910-4B	۱۵۴	۰/۰۴۳	۰/۰۹	-۰/۶۶
Xgwm885-7D	۱۷۲	۰/۰۰۸	۰/۱۴	۰/۶۶
تعداد دانه در هر سنبله				
Xgwm998-4B	۲۲۵	۰/۰۰۱	۰/۲۸	-۰/۸۲
Xgwm998-4B	۱۹۹	۰/۰۰۱	۰/۲۹	۰/۷۵
Xgwm885-7D	۱۷۲	۰/۰۰۰۰۸	۰/۳۹	۰/۹۴
Xgwm44-7D	۱۸۰	۰/۰۴	۰/۱۲	۰/۵۱
Xgwm44-7D	۱۸۶	۰/۰۳	۰/۱۳	-۰/۷۵
طول سنبله				
Xgwm885-7D	۱۷۲	۰/۰۳	۰/۱۳	۱/۴۵
روز تا گرده افشانی				
Xgwm888-4B	۱۹۵	۰/۰۳	۰/۱۴	-۷/۰۶
Xgwm891-4B	۱۱۰	۰/۰۳	۰/۱۴	-۸/۲۰
Xgwm891-4B	۱۲۰	۰/۰۳	۰/۱۴	۷/۰۳

Marker	آلل	P-value	R^2	Effect
طول دانه				
Xgwm898-4B	۱۰۰	۰/۰۳	۰/۱۴	۰/۰۶
Xgwm910-4B	۱۴۸	۰/۰۵	۰/۱۱	۰/۰۵
Xgwm910-4B	۱۵۴	۰/۰۳	۰/۱۳	-۰/۰۵
Xgwm998-4B	۱۹۹	۰/۰۴	۰/۱۳	۰/۰۵
Xgwm885-7D	۱۷۲	۰/۰۳	۰/۱۴	۰/۰۶
تعداد سنبلچه				
Xgwm710-4B	۱۴۴	۰/۰۲۳	۰/۱۶	۳/۷۵
Xgwm710-4B	۱۴۸	۰/۰۴۴	۰/۱۳	-۴/۰۳
تعداد دانه در سنبلچه				
Xgwm925-4B	۱۸۸	۰/۰۱	۰/۱۷	۱۸/۷۴
Xgwm998-4B	۲۵۰	۰/۰۰۰۰۳	۰/۳۹	۳۲/۸۱
طول ریشک				
Xgwm891-4B	۱۰۰	۰/۰۰۸	۰/۲۰	۷/۲۲
Xgwm891-4B	۱۰۴	۰/۰۰۰۴	۰/۳۳	-۶/۸۲
Xgwm910-4B	۱۴۸	۰/۰۲	۰/۱۵	۳/۰۴
Xgwm1084-4B	۱۲۰	۰/۰۵	۰/۱۱	-۴/۲۴
Xgwm295-7D	۲۵۰	۰/۰۴	۰/۱۳	-۳/۹۱
Xgwm295-7D	۲۵۶	۰/۰۴	۰/۱۳	۳/۸۰
طول برگ پرچم				
Xgwm295-7D	۲۵۰	۰/۰۰۳	۰/۲۳	-۴/۶۱
Xgwm295-7D	۲۵۳	۰/۰۱	۰/۱۷	۳/۰۴
Xgwm44-7D	۱۸۶	۰/۰۲	۰/۱۶	-۳/۸۶

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]

Xgwm925-4B	۱۸۸	۰/۰۰۷	۰/۲۰	-۹/۳۸
Xgwm295-7D	۲۵٦	۰/۰٤	۰/۱۲	٦/۳٤
Xgwm44-7D	۱۸٤	۰/۰۲	۰/۱٦	۸/۰۲
عرض برگ پرچم				
Xgwm44-7D	۱۸۰	۰/۰٥	۰/۱۱	۰/۱۹
Xgwm44-7D	۱۸٦	۰/۰٤	۰/۱۲	-۰/۲۸
طول پدانکل				
Xgwm898-4B	۱۰۰	۰/۰۲	۰/۱٥	٥/۰۰
Xgwm930-4B	۱۸٦	۰/۰٤	۰/۱۱	۳/۹۱
Xgwm998-4B	۲۲٥	۰/۰٥	۰/۱۱	-٤/۱۳
Xgwm998-4B	۱۹۹	۰/۰۰۱	۰/۲٥	٥/۷٦
ارتفاع گیاه				
Xgwm710-4B	۱٤٤	۰/۰۰۱	۰/۲۳	۱۹/۰٤
Xgwm710-4B	۱٤۸	۰/۰۰٤	۰/۱۸	-۲۱/٥٤
Xgwm998-4B	۱۹۹	۰/۰۰۹	۰/۱٦	۱۲/۷۰
Xgwm295-7D	۲٥٦	۰/۰۳	۰/۱۱	-۱٤/٥۲

با توجه به نتایج به‌دست آمده از نشانگرهای SSR بر روی کروموزوم 4B، نشانگرهای *Xgwm998-4B* با صفات طول دانه، وزن صد دانه، عرض دانه، تعداد دانه در سنبلچه، ارتفاع گیاه و طول پدانکل، *Xgwm925-4B* با صفات عرض دانه، تعداد دانه در سنبلچه، روز تا گرده افشانی، *Xgwm910-4B* با صفات طول دانه، طول ریشک، عرض دانه، *Xgwm891-4B* با صفات طول ریشک، روز تا گرده افشانی، *Xgwm898-4B* با صفات طول دانه، روز تا گرده افشانی، طول پدانکل، *Xgwm710-4B* با صفت ارتفاع گیاه، *Xgwm888-4B* با صفت روز تا گرده افشانی، *Xgwm930-4B* با صفت طول پدانکل، *Xgwm1084-4B* با صفت طول ریشک، پیوستگی نشان دادند.

با توجه به نتایج به‌دست آمده از نشانگرهای SSR بر روی کروموزوم 7D نشانگرهای *Xgwm295-7D* با صفات طول ریشک، طول برگ پرچم، روز تا گرده افشانی و ارتفاع گیاه، *Xgwm44-7D* با صفات وزن صد دانه، روز تا گرده افشانی، عرض برگ پرچم و عرض برگ پرچم، *Xgwm885-7D* با صفات طول دانه، وزن صد دانه و طول سنبله، پیوستگی نشان دادند. مطابق جدول ۲ در این پژوهش برای صفات وزن صد دانه یک نشانگر، برای صفات تعداد دانه در سنبلچه و ارتفاع گیاه دو نشانگر، برای صفات طول و عرض دانه، طول ریشک، روز تا گرده افشانی و طول پدانکل سه نشانگر با رابطه معنی‌دار شناسایی شد. از آن‌جایی که نشانگرهای مورد استفاده از مکانی نزدیک به‌هم روی کروموزوم 4B انتخاب شدند، معنی‌دار شدن هم زمان چندین نشانگر مجاور هم برای یک صفت حاکی از تایید نتایج یکدیگر می‌باشند و نشان می‌دهد که ژن‌های کنترل کننده صفات فوق در این ناحیه کروموزومی قرار دارد. Ramya et al. (2010) در نقشه‌یابی QTLهای وزن هزار دانه، طول دانه و عرض دانه در گندم نان، برای وزن هزار دانه، ده QTL روی کروموزوم‌های 1A، 1D، 2B، 2D، 4B، 5B و 6B، برای طول دانه شش QTL روی کروموزوم‌های 1A، 2B، 2D، 5A، 5B و 5D، و نه QTL برای عرض دانه روی کروموزم‌های 1D، 2B، 2D، 4B، 5B و 5D یافتند. Quarri et al. (2005) برای صفت تعداد دانه در سنبله چندین QTL روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 4A، 4B، 5B، 5D، 5A، 7B و 7A گزارش نمودند. Fan et al. (2015) در بررسی QTLهای اندازه برگ پرچم و تأثیر آن‌ها بر صفات مرتبط بر عملکرد در گندم نان بر روی یک جمعیت نوترکیب اینبرد با ۱۸۸ لاین از تلاقی Kenong9204 با Jing411 تحت شرایط تیمار نیتروژن کم و زیاد، دو QTL برای صفت عرض برگ پرچم روی کروموزوم‌های 4B و 6B پیدا کرد. Liu et al. (2018) در مکان‌یابی QTL صفات مرتبط با برگ پرچم در گندم نان روی یک جمعیت اینبرد لاین نوترکیب ۲۳ QTL مربوط به صفات طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، سطح برگ پرچم و زاویه برگ پرچم روی کروموزوم‌های 1B، 2B، 3A، 4B، 5A، 6B، 7B و 7D پیدا کرد. Zaynali Nezhad (2010) در مکان‌یابی ژن‌های کنترل کننده صفات زراعی در گندم نان، کروموزوم 4B را برای صفات وزن هزار دانه، سطح دانه، عرض دانه، طول دانه و تعداد دانه در سنبله معرفی نمود.

برای صفات طول دانه، طول سنبله، طول ریشک، عرض برگ پرچم و ارتفاع گیاه یک نشانگر، برای صفات وزن صد دانه، روز تا گرده افشانی و طول برگ پرچم دو نشانگر روی کرموزوم 7D

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]

معنی داری نشان دادند. Röder et al. (2008) برای صفت ارتفاع گیاهQTL روی کروموزوم 7D گزارش کرد که با نتایج حاصل از نشانگرهای این تحقیق مطابقت دارد. Zaynali Nezhad (2010) در مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات زراعی در گندم نان، کروموزوم 7D را برای صفات وزن هزار دانه، سطح دانه، عرض دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، طول سنبله، روز تا گرده افشانی و ارتفاع گیاه معرفی نمود. از آن‌جایی که مطالعه حاضر روی تعدادی از ژنوتیپ‌های طبیعی و متنوع انجام شد، نتایج حاصل ضمن تایید مطالعات قبلی مبنی بر اهمیت مناطق مورد نظر در کروموزوم‌های4B و 7D، توانست برای هر یک از صفات طول و عرض دانه، وزن صد دانه، تعداد سنبلچه، طول سنبله، طول ریشک، روز تا گرده افشانی، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، طول پدانکل و ارتفاع گیاه علاوه بر معرفی ژنوتیپ‌های مناسب، بر اساس نشانگرهای SSR آلل مطلوب برای انتخاب را نیز معرفی نماید.

از بین ٤٢ نشانگر معنی‌دار ۲۵ نشانگر دارای اثر مثبت و ۱۷ نشانگر دارای اثر افزایشی منفی بودند. از میان ۲۵ نشانگر که دارای اثر افزایشی مثبت هستند، نشانگرهای *Xgwm998-4B* برای صفات ارتفاع گیاه، تعداد دانه در سنبلچه، طول پدانکل، طول و عرض دانه و وزن صد دانه، *Xgwm930-4B* برای صفت طول پدانکل، *Xgwm925-4B* برای صفت تعداد دانه در سنبلچه، *Xgwm910-4B* برای صفات طول دانه و طول ریشک، *Xgwm891-4B* برای صفات روز تا گرده افشانی و طول ریشک، *Xgwm898-4B* برای صفات طول پدانکل و طول دانه، *Xgwm710-4B* برای صفت ارتفاع گیاه، *Xgwm44-7D* برای صفات روز تا گرده افشانی، وزن صد دانه و عرض برگ پرچم، *Xgwm885-7D* برای صفات طول دانه، وزن صد دانه و طول سنبله، *Xgwm295-7D* برای صفات روز تا گرده افشانی، طول برگ پرچم و طول ریشک دارای اثر مثبت در جهت افزایش صفت بودند. Zanke and eal (2015) در بررسی اثر اصلی QTL روی وزن هزار دانه در گندم های نان پاییزه اروپایی با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی گزارش کرد که نشانگر *Xgwm1276*-7D با صفت وزن هزار دانه دارای پیوستگی و اثر افزایشی مثبت می‌باشد. از آن‌جایی که افزایش عرض و طول دانه، وزن صد دانه، تعداد دانه درسنبلچه، طول و عرض برگ پرچم صفاتی مطلوب در گندم محسوب می‌شود می‌توان از این نشانگرها در جهت بهبود و افزایش این صفات در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد. از میان ۱۷ نشانگر که دارای اثر افزایشی منفی هستند، *Xgwm710-4B* برای صفت ارتفاع گیاه، *Xgwm891-4B* برای صفات روز تا گرده افشانی و طول ریشک، *Xgwm888-4B* برای صفت روز تا گرده افشانی، *Xgwm910-4B* برای صفات طول و عرض دانه، *Xgwm925-4B* برای صفات عرض دانه و روز تا گرده افشانی، *Xgwm998-4B* برای صفات طول پدانکل، عرض دانه و وزن صد دانه، *Xgwm1084-4B* برای صفت طول ریشک، *Xgwm44-7D* برای صفات طول و عرض برگ پرچم و وزن صد دانه، *Xgwm295-7D* برای صفات ارتفاع گیاه، طول برگ پرچم و طول ریشک دارای اثر منفی در جهت کاهش صفت بودند. از آن‌جایی که کوتاه شدن روز تا گرده افشانی و زودرس شدن گیاه گندم، کاهش ارتفاع در راستای کاهش ورس و خسارات ناشی از خوابیدگی بوته و کاهش طول پدانکل از صفات مطلوب در گندم به‌شمار می‌آید. نشانگرهای پیوسته با این صفات در جهت کاهش آن‌ها، می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی گندم مورد استفاده قرار گیرند.

بدین‌وسیله از حمایت‌های"دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان"برای انجام این پژوهش سپاسگزاریم.

منابع

Doyle JJ, Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12: 13-15.

Earl DA (2012) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources 4: 359-361.

Evanno G, RegnautS, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology 14: 2611-2620.

Fan X , Cui F, Zhao C, Zhang W, Yang L , Zhao X, Han J, Su Q, Ji J, Zhao Z, Tong Y, Li J (2015) QTLs for flag leaf

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]

size and their influence on yield-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). Molecular Breading 35: 24.
Kuchel H, Williams KJ, Langridge P, Eagles HA, Jefferies SP (2007) Genetic dissection of grain yield in bread wheat. I. QTL analysis. Theoretical and Applied Genetics 115: 1029-1041.
Liu K, Xu H, Liu G, Guan P, Zhou X, Peng H, Yao Y, Ni ZH, Sun Q, Du J (2018) QTL mapping of flag leaf‐related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics.
Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of populationstructure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959.
Quarri SA, Steed A, Calestani C, Semikhodskii A, Lebreton C, Chinoy C, Steele N, Pljevljakusić D, Waterman E, Weyen J, Schondelmaier J (2005) A high-density genetic map of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) from the cross Chinese Spring× SQ1 and its use to compare QTLs for grain yield across a range of environments. Theoretical and Applied Genetics 110: 865-880.
Ramya P, Chaubal A, Kulkarni K, Gupta L, Kadoo N, Dhaliwal HS, Chhuneja P, Lagu M, Gupt V (2010) QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Applied Genetics 51: 421-9.
Yao J, Wang L, Liu L, Zhao Ch, Zheng Y (2009) Association mapping of agronomic traits on chromosome 2A of wheat. Genetica 137: 67-75.
Zanke CD, Ling J, Plieske J, Kollers S, Ebmeyer E, Korzun V, Argillier O, Stiewe G, Hinze M, Neumann F, Eichhorn A (2015) Analysis of main effect QTL for thousand grain weight in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) by genome-wide association mapping. Frontiers in Plant Science 6: p644.
Zaynali Nezhad K (2010) Genetic linkage map construction and identification of Quantitative Trait Loci (QTLs) determining post anthesis drought tolerance and other agronomic traits in bread wheat. Doctoral dissertation Halle (Saale), Martin- Luther-Universität Halle- Wittenberg Diss.
Chesnokov YuV, Artemyeva AM (2015) Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. Agricultural Biology 50: 571-578.
Röder MS, Huang XQ, Börner A (2008) Fine mapping of the region on wheat chromosome 7D controlling grain weight. Functional and Integrative Genomics 8: 79-86.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-12]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.1.3.1]