ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ٤، زمستان ١٣٩٧
صفحه ٥٠٢ - ٤٨٩

ساختار ژنتیکی برخی صفات زراعی جو تحت شرایط نرمال و تنش شوری

Genetic Structure of some Agronomic Traits of Barley under Normal and Salinity Conditions

ساناز غفاری مقدم[1]، حسین صبوری*[1]،عبداللطیف قلیزاده[1]، حسینعلی فلاحی[2]

١- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، استادیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

٢- استادیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

Ghaffari moghadam S[1], Sabouri H[*1], Gholizadeh A[1], Fallahi H[2]

1- MSc Student, Associate Professor, Assistant Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran

2- Assistanc Professor, Department of Agronomic and Horticultural Research, Research and Education Center of Agriculture and Natural Resource in Mazandaran, Agricultural Extension and Education Research Organization, Sari, Iran

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

(تاریخ دریافت: ٩٦/١٢/٢٥ - تاریخ پذیرش: ٩٧/٧/١٥)

چکیده

شوری یکی از اصلی‌ترین تنش‌های اسمزی است، که رشد و تولید گیاهان را از طریق تغییر در تعادل یونی و اسمزی محدود می‌کند. به‌منظور مکان‌یابی نواحی ژنومی کنترل‌کننده صفات کمی (QTLs) مرتبط به تحمل به شوری در جو و ارزیابی شاخص‌های مربوط به آن، آزمایشی در سال ١٣٩٦-١٣٩٥ با استفاده از ١٠٠ خانواده به‌همراه والدین آن‌ها (بادیا × کومینو) در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار انجام شد. اعمال تنش در مرحله چهار برگی جو، به‌صورت آبیاری با آب شور با فاصله ١٠ روز اعمال شد. آبیاری با آب شور ٥ دسی زیمنس بر مترمربع شروع شد و در مراتب بعدی، شوری آب آبیاری افزایش و در سطوح ١٠، ١٥ و ٢٠ دسی زیمنس بر متر صورت گرفت. در مجموع ١٢ عدد QTL در شرایط نرمال و ٨ عدد QTL در شرایط تنش شناسایی شد. واریانس فنوتیپی کل توجیه شده به‌وسیله این QTLها از ٩ تا ١٤/٣ درصد متغیر بود، که کم‌ترین آن برای صفت طول ساقه و محتوای کلروفیل در شرایط نرمال و بیش‌ترین آن مربوط به صفت تعداد کل برگ‌ها در شرایط تنش بود. بیش‌ترین LOD مربوط به صفت وزن کل برگ‌ها در شرایط تنش بود (٣/٣٥٤). از QTLهای پایدار و نشانگرهای پیوسته به آن‌ها پس از تعیین اعتبار می‌توان برای بهبود صفات مورد مطالعه در شرایط تنش شوری در روش گزینش به‌کمک نشانگر (MAS) استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی

تنش شوری

جو

رویشی و زایشی

مکان‌یابی

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

مقدمه

جو یکی از گیاهان مهم تیره *Gramineae*، طایفه *Hordeae* و جنس *Hordeum* با نام علمی *Hordeum vulgar* L. است. جو جزو گیاهان مقاوم به شوری به‌شمار می‌آید. شوری از جمله خطرهای جدی تهدید کننده محیط و کشاورزی در بخش‌های زیادی از جهان می‌باشد که عملکرد محصولات مخصوصاً در مناطق خشک و نیمه‌خشک را تحت تأثیر قرار می‌دهد. تحمل به تنش شوری در واقع به توانایی گیاهان برای رشد و تکمیل چرخه زندگی در حضور غلظت بالایی از نمک‌های محلول برمی‌گردد (Parida et al. 2005). بررسی و بازبینی مراحل جوانه‌زنی و گیاهچه برای مشخص کردن تحمل گیاهان به شوری مؤثر و کاربردی‌تر بوده و مرحله مناسبی برای شناسایی گیاهان متحمل به شوری است (Greenway and Munns. 1980; Blum 1988). میزان تحمل به شوری یک گیاه زراعی بایستی در مراحل مختلف رشد به‌خصوص در مرحله جوانه‌زنی، رشد گیاهچه و مراحل رویشی و زایشی بررسی شود (Mohamadi 2003). به‌طورکلی گیاهان در طول دوران زندگی خود دارای سه مرحله رشد جوانه زدن، رشد رویشی و رشد زایشی می‌باشند. حساسیت گیاه به شوری، طی فصل رشد دائماً تغییر می‌کند. بیش‌تر گیاهان در مرحله جوانه زدن مقاوم هستند لیکن در دوره ظهور گیاهچه و مراحل اولیه رشد گیاهچه حساس بوده و در معرض آسیب می‌باشند (Rhoades 1999). از آثار اولیه شوری، تأخیر در جوانه زدن و ظهور گیاهچه و ضعیف شدن جوانه است. زیان وارد شده در این مرحله حساس ممکن است تراکم گیاه را در واحد سطح کاهش داده و نهایتاً مقدار عملکرد را به‌گونه‌ای معنی‌دار کاهش دهد. معمولاً با افزایش سن گیاه، مقاومت آن به شوری افزایش می‌یابد (Homaee 2002). از روش‌های مؤثر مقابله با شوری معرفی و اصلاح ارقام متحمل می‌باشد که در ترکیب با برنامه‌های مدیریتی امکان بهره‌برداری از زمین‌های شور را فراهم می‌کند (Mohamadi 2003). یکی از چالش‌های اصلاح‌نباتات نبود اطلاعات کافی در مورد ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی است. در بررسی QTLهای کنترل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه اولیه در ۹۰ دابل هاپلوئید گندم بهاره، درمجموع سی‌وهشت QTL برای کلیه صفات موردمطالعه شناسایی شدند (IIona et al. 2014). آبسیزیک اسید تحت وضعیت تنش محیطی تولید می‌شود و نقش مهمی در تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی ایفا می‌کند. در تجزیه QTL صفات فنولوژیک جمعیت حاصل از تلاقی ارقام BCD47 و Baronesse جو ۱۸ مکان واجد QTL نقشه‌یابی شدند (Castro et al. 2008). در مطالعه صفات فنولوژیک ۷۲ لاین هاپلوئید مضاعف جو حاصل از تلاقی استپتو و مورکس در شرایط تنش شوری ۳۱ جایگاه واجد QTL مکان‌یابی شدند (Shahraki et al. 2013). افزایش روز افزون جمعیت کره زمین منجر به افزایش تقاضا و مصرف محصولات زراعی شده است. برای نیل به این هدف امروزه به‌نژادگران گیاهی دو هدف اصلی افزایش عملکرد و کیفیت محصولات زراعی و حفاظت آن‌ها از تنش‌های زیستی و غیر زیستی را دنبال می‌نمایند. هدف از این تحقیق مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده صفات مرفولوژیک و فنولوژیک جو، تحت تنش شوری در مرحله رشدی رویشی و زایشی در جمعیت F_3 حاصل از تلاقی رقم‌های بادیا و کومینو، بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور مکان‌یابی صفات مرفوفنولوژیک ژن‌های کنترل‌کننده تحمل به شوری در گیاه جو در مرحله رویشی و زایشی از ۱۰۰ خانواده F_3 حاصل از تلاقی دو رقم بادیا × کومینو در قالب طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار استفاده شد. این تحقیق در سال زراعی ۱۳۹۵-۱۳۹۶ در گلخانه تحقیقاتی دانشگاه گنبد کاووس انجام گرفت. از ویژگی‌های برجسته والد بادیا می‌توان به عملکرد بالاتر در شرایط نرمال، حساس به ورس و تنش و والد کومینو عملکرد پایین‌تر و تحمل به ورس و تنش اشاره کرد.

به‌منظور بررسی‌های بیشتر اثر تنش شوری در مراحل رشدی دیگر، بذور ۱۰۰ خانواده به همراه والدین در گلدان جهت بررسی در مرحله گیاهچه نیز کشت شدند. ابتدا برای کشت بذور در گلدان در دو سطح شاهد و شوری به تعداد ژنوتیپ‌ها در سه تکرار گلدان‌های ۳ کیلویی در گلخانه قرار داده شد، سپس در گلدان‌ها خاک (با خصوصیات خاک مزرعه) با مقدار مساوی ریخته شد و در هر گلدان تعداد ۱۰ بذر قرار داده شد. سپس مراقبت‌های زراعی تا مرحله‌ی گیاهچه‌ی جو انجام شد. اعمال تنش در مرحله چهار برگی جو، به‌صورت آبیاری با شور با فاصله

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

۱۰ روز اعمال شد. آبیاری با آب شور به میزان ۵ دسی زیمنس شروع شد و در مراتب بعدی، شوری آب آبیاری افزایش و در سطوح ۱۰، ۱۵ و ۲۰ دسی زیمنس بر متر صورت گرفت. اسکوردهی با استفاده از روش Yoshida et al. (1976) بعد از اعمال هر دور آبیاری با آب شور صورت گرفت (جدول ۱). قبل از کشت و بعد از برداشت نمونه‌ی خاک تهیه و EC خاک محاسبه شد. با توجه به اینکه بافت خاک لوم رسی سیلتی (Si – C – L) بود، EC خاک قبل از کشت ۱/۱۸ دسی زیمنس و بعد از برداشت به ۱۰/۷۵ دسی زیمنس افزایش یافت. قبل از کشت سطح خاک در گلدان‌های شاهد همیشه مرطوب نگه‌داشته شد. بعد از برداشت اندازه‌گیری‌ها برای ۷ بوته انجام شد. ارتفاع گیاهچه، طول ساقه، طول سنبله (با در نظر گرفتن ریشک)، طول پدانکل (فاصله‌ی بین انتهای سنبله تا اولین گره)، طول، عرض برگ پرچم و طول ریشه با خط‌کش اندازه‌گیری شد (میلی‌متر). قطر ساقه، طول دانه، قطر دانه، قطر ریشه (توسط کولیس)، تعداد بوته، تعداد سنبله، حجم ریشه (بر حسب سانتی‌متر مکعب)، وزن تر و خشک گیاهچه وزن تر و خشک سنبله، وزن کل برگ‌های بوته، وزن تر و خشک برگ پرچم و وزن تر و خشک سنبله و وزن تر و خشک ریشه (بر حسب گرم با استفاده از ترازو با دقت ۰/۰۰۱) اندازه‌گیری شدند. همچنین محتوای کلروفیل برگ‌ها با استفاده از دستگاه کلروفیل‌متر (Chlorophyll Content Meter) مدل CL-01 محاسبه شد.

محتوای آب نسبی برگ (RWC) با استفاده از روش Ritchie et al. (1990) اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری صفات مربوط به ریشه، در پایان دوره رشد و برداشت، گیاهچه‌ها از گلدان پلاستیکی خارج و تمامی ریشه‌ها به‌طور کامل با رعایت حداقل آسیب‌دیدگی با استفاده از آب جاری شسته شدند. بدین منظور خاک هر گلدان درون تشتک آبی جداگانه‌ای خیسانده شد و با استفاده از محلول هگزا متا فسفات سدیم ذرات خاک چسبیده به ریشه‌ها از آن‌ها جدا شدند. حجم ریشه از طریق اختلاف حجم ایجاده شده پس از قرار دادن ریشه در حجم مشخصی از آب محاسبه شد. طول ریشه با استفاده از رابطه (۱) محاسبه شد:

رابطه (۱) طول ریشه = (وزن ریشه ها) ×۰/۸۹۰

سطح ریشه از روش اتکینسون با استفاده از رابطه (۲) محاسبه شد.

رابطه (۲) سطح ریشه = (طول ریشه×π×حجم ریشه)$^{۰/۵}$

با داشتن وزن تر ریشه (RFW) و وزن خشک‌ریشه (RDW)، سطح ریشه (RA) و سایر صفات ریشه‌ای از قبیل نسبت وزن خشک‌ریشه به حجم ریشه (چگالی ریشه) (RDW/RV)، و چگالی سطح ریشه (RSD) محاسبه شدند (Ganjali et al.2003; Hajabbasi 2001).

رابطه (۳) چگالی سطح ریشه = (طول ریشه×قطرریشه×π)

ارزیابی‌های مولکولی در آزمایشگاه ژنتیک دانشگاه گنبد کاووس انجام گرفت. استخراج DNA به روش CTAB انجام گرفت (Saghai Maroof 1994). کمیت و کیفیت نمونه‌ها به‌ترتیب با انجام الکتروفورز روی ژل آگارز ۰/۸ درصد تعیین شد. برای تفکیک باندها از ژل آگارز ۱/۵ درصد و ژل آکریل آمید ٦ درصد استفاده شد. از ۲۸ نشانگر چند شکل SSR، ۱۰ نشانگر چند شکل ISSR و ۹۰ نشانگر چند شکل iPBS برای اشباع نقشه پیوستگی استفاده شد (Kaviani et al. 2017). مبنای انتخاب نشانگرهای تصادفی میزان چندشکلی آن‌ها در مطالعات قبل بود. نشانگرهای SSR نیز به‌صورت تصادفی روی هر کروموزوم به‌صورت جداگانه انتخاب شدند با توجه به‌نظر Lander and (1989) Botstein چون میانگین فاصله بین دو نشانگر در تحقیق حاضر کمتر از ۲۰ سانتی مورگان بود این تعداد نشانگر برای نقشه‌یابی مناسب تشخیص داده‌شد. واکنش زنجیره‌ای پلی مراز در حجم ۱۰ میکرولیتر برای هر نمونه DNA انجام پذیرفت. جهت انجام PCR ابتدا به میزان ۲ میکرولیتر DNA ژنومی رقیق شده، در هر تیوپ PCR تقسیم شد، سپس ۸ میکرولیتر از محلول PCR (غیر از DNA ژنومی) به هر تیوپ اضافه و به‌آرامی تکان داده شد. قابل‌توجه است که برای تهیه مخلوط واکنش در یک میکروتیوپ ۱/۵ میلی‌لیتری به‌ترتیب آب دوبار تقطیر، محلول مادری (با ترکیب Taq DNA Polymerase با غلظت ۰/۰٤ واحد بر میکرولیتر، بافر PCR با غلظت نهایی 1x، MgCl2، با غلظت ۵۰ میلی‌متر، dNTPs، با غلظت ۱۰ میلی‌مولار، و DNA رقیق شده با غلظت ۷۵/۰–۰/۵ نانوگرم)، آغازگر مستقیم و معکوس هر کدام با غلظت ٦۰ نانوگرم اضافه شد. سپس مخلوط واکنش سانتری‌فیوژ شد و در تیوپ‌های PCR حاوی DNA تقسیم شد.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

در نهایت ٤ میکرولیتر روغن معدنی جهت جلوگیری از تبخیر مواد در درون هر تیوپ اضافه شد. تیوپ‌های PCR در دستگاه ترموسایکلر مدل iCycler (BIORAD ساخت کشور آمریکا) قرار داده شدند. چرخه‌های حرارتی برای نشانگرهای SSR، شامل یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه به مدت پنج دقیقه در دمای ۹٤ درجه سانتی‌گراد، ۳۵ چرخه با واسرشت‌سازی در دمای ۹٤ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه، اتصال آغازگر به مدت یک دقیقه در دمای اختصاصی آن‌ها و بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت دو دقیقه و نهایتاً مرحله تکثیر نهایی به مدت ۵ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد بود. چرخه‌های حرارتی برای نشانگرهای ISSR و iPBS شامل یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه به مدت پنج دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد، مرحله واسرشت‌سازی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ٤۵ ثانیه، ۱۰ چرخه اتصال آغازگرها در دمای ٦٤-۵۲ به مدت ٤۵ ثانیه، و بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ٤۵ ثانیه، ۲۵ چرخه اتصال آغازگرها در دمای اختصاصی آن‌ها به مدت ٤۵ ثانیه و نهایتاً یک مرحله تکثیر نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه بود. فرآورده‌های واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از الکتروفورز ژل پلی اکریل آمید واسرشته‌ساز شش درصد تفکیک، و نمایان‌سازی قطعات تکثیر شده با روش موسوم به روش سریع رنگ‌آمیزی نقره (Caetano Anolles and Gresshoff 1994) انجام شد.

تجزیه واریانس صفات مختلف در ژنوتیپ‌ها، تحت وضعیت تنش خشکی و وضعیت نرمال با استفاده از نرم‌افزار SAS صورت گرفت، سپس میانگین صفات در والدین مقایسه شد تا علاوه بر بررسی آثار تنش خشکی بر صفات مختلف، والد متحمل و حساس نیز تعیین شود. برای تهیه نقشه ژنتیکی در جمعیت F3 از نرم‌افزار Map Manager QTX استفاده شد. فـواصل نشانگری در این نقشه نیز براساس تابع کوزامبی محاسبه شد (Kosambi 1994). برای پیدا کردن QTLها از (QGENE) استفاده شد (Nelson 1997). برای تعیین QTLها و برآورد اندازه اثرات آن‌ها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب CIM استفاده شد و نقطه‌ای که واجد بالاترین مقدار LOD بود به‌عنوان ناحیه با بیشترین احتمال وجود QTL شناسایی شد. در کلیه موارد از پرمیوتیشن و 1000، Resampling استفاده شد و برای هر پایش ۰/۵ سانتی‌مورگان در نظر گرفته شد و براساس آن لود ۲/۵ به‌عنوان حد بحرانی در نظر گرفته شد. نظر به اینکه برخی از صفات دارای توزیع نرمال نبودند. از تبدیل داده ها و همچنین روش حداکثر درستنمایی برای جلوگیری از اریبی نتایج استفاده‌شد (Haley and Knott 1992). جهت تهیه نقشه ژنتیکی از اسکورهای یک (برای وجود قطعه تکثیر شده) و دو (برای عدم وجود قطعه تکثیر شده) در نشانگرهای ریزماهواره استفاده شد. در مورد نشانگرهای iPBS از اسکورهای یک (برای وجود قطعه تکثیر شده) و سه (برای عدم وجود قطعه تکثیر شده) در مواقعی که قطعه تکثیر شده در والد اول یافت شده بود، استفاده شد. همچنین در مورد نشانگرهای iPBS از نمره‌های ۲ (برای وجود قطعه تکثیر شده) و ٤ (برای عدم وجود بند) در مواقعی که قطعه تکثیر شده در والد دوم تکثیر یافته بود استفاده شد. خاطر نشان می‌شود که برچسب زدن نشانگرهای تصادفی به نشانگرهای ریزماهواره برای کروموزوم‌ها جداگانه انجام‌شد.

جدول ۱- کددهی بعد از اعمال تنش شوری

کد ژنوتیپی	مشاهده	تحمل
۱	رشد نرمال بدون علائم برگی	بسیار مقاوم
۳	رشد تقریبا نرمال، برگ‌ها در نوک سفید شده و تعداد کمی از برگ‌ها سفید و لوله شده	مقاوم
۵	رشد عقب افتاده، بسیاری از برگ‌ها لوله شده، تعدادی از برگ‌ها بلندند	نسبتا مقاوم
۷	رشد متوقف، بسیاری از برگ‌ها خشک و تعدادی از برگ‌ها مرده‌اند	حساس
۹	همه گیاهان مرده و خشک‌اند	بسیار حساس

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

نتایج و بحث

قبل از انجام هر گونه تجزیه، نتایج حاصل از آزمون بارتلت حاکی از یکنواخت بودن واریانس خطای آزمایشی بود. با توجه به نرمال بودن خطای آزمایشی، نتایج تجزیه واریانس صفات در تنش شوری و نرمال در جداول ۲ و ۳ ارائه شده‌است. ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد داشتند. اختلاف آماری معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها بیانگر وجود تنوع بالا بین مواد گیاهی مورد ارزیابی و احتمالا مکانیسم‌های متفاوت بین آن‌ها در واکنش به تنش شوری است که می‌توانند در انتخاب ژنوتیپ مناسب و تولید جمعیت‌های در حال تفرق جهت مکان‌یابی ژنی مورد استفاده قرار گیرند. اثر ژنوتیپ در تجزیه آزمایش گلدانی و مزرعه‌ای برای ۱۰٤ لاین خالص گندم و والدین آن‌ها برای تمام صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک معنی‌دار اعلام شده‌است (Chalish and Houshmand 2011). طبق نتایج به‌دست آمده توزیع فنوتیپی صفات به‌صورت نرمال بود. در کددهی به ژنوتیپ‌ها واکنش‌های متفاوتی از آن‌ها در وضعیت شوری مشاهده شد. مقایسه میانگین صفات مورد بررسی در دو والد بادیا و کومینو با استفاده روش آزمون t انجام و نتایج آن در جدول ٤ نشان داده شده‌است. برای اکثر صفات مورد ارزیابی در مرحله رشد رویشی و زایشی مشاهده ارزش‌های بیش‌تر و کمتر از والدین مبین تفکیک متجاوز برای صفات مورد مطالعه بود. وجود تفکیک متجاوز احتمال شناسایی QTLها برای صفات را افزایش داده و نشان می‌دهد که هر دو والد شامل آلل‌های مطلوب و نامطلوب در صفات مختلف هستند. این امر نشان داد که والدین از نظر ژن‌های کنترل‌کننده صفت مزبور متفاوت هستند. علاوه بر این، این نتیجه بیانگر ماهیت کمی صفت بوده و به معنای آن است که آلل‌های افزایش دهنده و کاهش دهنده مقدار صفت همزمان در هر کدام از دو والد حضور دارند و در برخی از نتاج، تعداد بیشتری آلل افزاینده یا کاهنده نسبت به والدین جمع شده و ترکیب آن‌ها منتج به مقادیر بالاتر و پایین‌تر از والدها شده‌است. Tian et al. (2005) در پژوهشی در برنج برای تمامی صفات مورد مطالعه تفکیک متجاوز مشاهده کردند اظهار داشتند این پدیده می‌تواند به‌دلیل نوترکیبی QTLهای کوچک اثر، اپیستازی، اثر متقابل ژنوتیپ با محیط و جهش در طول فرآیند کشت بافت برای تولید جمعیت هاپلوئید مضاعف شده باشد.

با توجه به نتایج حاصل از مکان‌یابی ژنی، ۱۲ فاصله واجد QTL برای صفات ارزیابی شده در مرحله‌ی رویشی و زایشی تحت شرایط نرمال شناسایی شد که کنترل ۱۱ صفت را بر عهده داشتند (جدول ۵). یک جایگاه واجد QTL برای صفت طول گیاهچه بر روی کروموزوم پنج شناسایی شد که مقدار ۱۲/۲ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه نمود. اثر افزایشی نیز برابر با ۲/۵۳- بود و آلل‌های والد بادیا باعث کاهش طول گیاهچه شدند. چهار QTL برای این صفت بر روی کروموزوم‌های ۲، ٤، ٦ و ۷ در منطقه تل هادیا شناسایی شد (Baom and Mohammadi 2008).

دو جایگاه واجد QTL برای طول ساقه بر روی کروموزوم ۲ یافت شد که در مجموع ۱۸/۲ درصد از تنوع کل این صفت را تبیین نمودند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب برابر با ۲/۲۹۳ و ۱/۹٤ بود و آلل‌های والد کومینو باعث افزایش طول ساقه شدند. برای صفت طول برگ پرچم، فقط یک QTL روی کروموزوم ٦ (qFLL-6a در فاصله IPBS2077-1 – IPBS2241-4) مکان‌یابی شد که ۱۰ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه کرد. پیش از این برای صفت طول برگ پرچم یک QTL بزرگ اثر شناسایی شده‌است که به تنهایی بیش از ۳٤ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کند (Rahimi et al. 2013). بنابراین نتایج این تحقیق با پژوهش حاضر مطابقت نداشت. برای صفت وزن خشک برگ پرچم، یک QTL مکان‌یابی شد که بر روی کروموزوم ۱ در فاصله نشانگری ISSR16-1 – iPBS2232-5 قرار داشت. در این QTL آلل‌های والد کومینو باعث افزایش این صفت شد. این QTL تنها ۹/۹ درصد از واریانس فنوتیپی صفت وزن خشک برگ پرچم را توجیه نمود. برای صفت محتوای نسبی آب برگ (RWC) یک جایگاه واجد QTL بر روی کروموزوم ۵ در جایگاه ۷۰ سانتی مورگان در مجاورت نشانگرهای iPBS2221-1 – GMS001 نقشه‌یابی شد که ۱۰/۸ درصد از تنوع کل این صفت را توجیه نمود. یک QTL برای صفت طول ریشه روی کروموزوم ۷ (qRL-7a) شناسایی شد. ضریب تبیین این QTL برابر با ۹/۱ بود. اثر افزایشی این QTL برابر ۱/۸۸ بود که جهت مثبت آن

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

نشان می‌دهد که آلل‌های افزایش دهنده از والد کومینو به نتاج منتقل شد. پیش از این برای طول ریشه سه QTL بر روی کروموزوم‌های 3B، 2A و 2D مکان‌یابی شده‌است که این سه QTL در مجموع ٤٨/٨ درصد از تغییرات فنوتیپی طول ریشه را توجیه نمودند (Khalili et al. 2017) که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت نداشت. از مهم‌ترین دلایل مطابقت نداشتن نتایج دیگر تحقیقات با تحقیق حاضر می‌توان به تفاوت ژنوتیپ‌ها، تفاوت در شرایط آزمایش و تغییر در شرایط محیطی اشاره کرد.

یک QTL برای صفت وزن تر ریشه روی کروموزوم ۷ (در فاصله iPBS2231-1 – iPBS2274-5) شناسایی شد که ۹/۱ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه نمود. یک QTL برای صفت وزن خشک ریشه بر روی کروموزوم ٤ (qRDW-4) شناسایی شد. ضریب تبیین این QTL برابر با ۱۱ بود. اثر افزایشی این QTL نیز ۰/۰۳۵ شد که جهت مثبت آن نشان می‌دهد آلل‌های افزایش دهنده از والد کومینو به نتاج منتقل شده‌است. (2011) Mardani et al. در تحقیقی مشابه نیز عنوان داشتند که QTLهای تعیین شده برای صفت وزن تر ریشه جزء QTLهای کوچک اثر محاسبه می‌شوند. با توجه به اینکه بخش زیادی از تغییرات فنوتیپی صفت توجیه نشده باقی می‌ماند، احتمالاً QTLهای دیگری در کنترل این صفت دخالت داشته‌اند.

یک QTL مرتبط با چگالی سطح ریشه روی کروموزوم ۷ (qRSD-7a) مکان‌یابی شد که در فاصله نشانگری iPBS2231-1 – iPBS2274-5 قرار داشت و ۹/۲ درصد از کل تنوع فنوتیپی را توجیه نمود. برای صفت چگالی ریشه، تنها یک QTL بر روی کروموزوم شماره ٤ و جایگاه ۱۲۰ سانتی مورگان شناسایی شد. این QTL در مجاورت نشانگرهای iPBS2241-6 – iPBS2241-1 قرار داشت و ضریب تبیین این QTL ۱۰/۳ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه نمود.

برای صفت محتوای کلروفیل برگ یک QTL بر روی کروموزوم شماره ۳ با فاصله نشانگری iPBS2077-3 – iPBS2077-8 قرار داشت. این QTL دارای اثر افزایشی ۰/۱۷٤- به سمت والد بادیا بود. ضریب تبیین این QTL ۹ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه کرد. در مطالعه‌ای برای صفت محتوای کلروفیل برگ چهار مکان ژنی بر روی کروموزوم‌های 1H، 2H، 5H و 6H شناسایی شد که این نواحی ژنومی توانستند در مجموع نزدیک به ۷۰ درصد از واریانس این صفت را توجیه نمایند (Rahimi et al. 2013).

هشت QTL برای صفات ارزیابی شده تحت شرایط تنش شناسایی شد (جدول ۵). یک QTL برای صفت وزن تر گیاهچه بر روی کروموزوم ٤ مکان‌یابی شد. qFSW-4a در فاصله نشانگری iPBS2240-8 – iPBS2400-1 قرار داشت و ۱۲/۵ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه نمود. اثر افزایشی برای این مکان مثبت و از والد کومینو گرفته شد. یک QTL برای صفت طول ساقه بر روی کروموزوم ۷ مکان‌یابی شد. qSL-7a، ۱۰/۸ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد. اثر افزایشی برای این صفت مثبت و آلل‌های والد کومینو به نتاج منتقل شد. (2013) Shahraki et al. در تحقیقی در شرایط تنش شوری برای این صفت شش جایگاه واجد QTL روی کروموزوم‌های ۱، ۱، ۲، ۵، ۵ و۷ در مکان‌های ۹۳/۳، ٦۷/۰، ٤۱/٦، ۵۸/۵، ٦۵/۳ و۹۳/۳ سانتی‌مورگان شناسایی کردند.

یک QTL با شماره کروموزوم ٤ برای صفت قطر ساقه مکان‌یابی شد که در فاصله نشانگری iPBS2241-6 – iPBS2241-1 قرار داشت. میزان LOD برای این QTL برابر با ۲/۵۱۵، و توانست مقدار ۱۰/۹ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه نمود. برآورد اثر افزایشی نشان داد اثر افزایشی کاهشی و از والد بادیا گرفته شده است. یک QTL نیز برای صفت طول برگ پرچم بر روی کروموزوم ۲ مکان‌یابی شد. qFLL-2a دارای میزان LOD =۲/۰۷۷ بود و مقدار ۹/۱ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه نمود. اثر افزایشی برای این مکان مثبت و از آلل‌های والد کومینو باعث افزایش طول برگ پرچم شد. در تحقیقی که به‌منظور تجزیه ساختار ژن‌های کمی کنترل کننده صفات زراعی و اجزای عملکرد تحت شرایط تنش شوری در برنج از جمعیت F2:4 حاصل ازتلاقی ارقام طارم محلی و خزر و نقشه ژنتیکی حاصل از ۷٤ نشانگر ریزماهواره استفاده شد، درمجموع ۳۱ QTL برای صفات وزن دانه، تعدادخوشه، طول خروج خوشه از غلاف، طول خوشه، تعداد دانه پر، تعدادخوشه‌چه و طول برگ پرچم شناسایی شد. QTLهای qPL-3، qFL-8، qGY-8، qPL-4، qPL-1B و qBR-1B به‌ترتیب با تبیین ۲۵/۷۳ و ۹۷/۲۲ و ۱۷/۲۲ و ۱٤/۲۲و ۲۱/۲۱

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

و ۱۱/۲۱ درصد از تنوع فنوتیپی طول خوشه، وزن دانه، طول برگ پرچم و تعدادخوشه‌چه به‌عنوان QTLهای بزرگ اثرمعرفی شدند (Sabouri et al. 2010).

یک QTL برای صفت تعداد کل برگ‌ها بر روی کروموزوم ٤ مکان‌یابی شد که در فاصله نشانگری iPBS2241- iPBS2239-2 – 1 قرار داشت. این QTL ١٤/٣ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کرد. اثر افزایشی مثبت و آلل‌های والد کومینو به نتاج منتقل شد. یک QTL برای صفت وزن کل برگ‌ها بر روی کروموزوم‌های ٤ مکان‌یابی شد. اثر افزایشی این QTL ۱/۲۲۱ بود. آلل‌های والد کومینو باعث افزایش این صفت شدند. qTLW-4 در فاصله نشانگری iPBS2240-8 – iPBS2400-1 قرار داشت و با LOD = ٣/٣٥٤، ١٤/٣ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد. یک QTL نیز برای صفت چگالی ریشه بر روی کروموزوم ٥ شناسایی شد و ۱۰/۲ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه نمود. اثر افزایشی برای مکان شناسایی شده مثبت و آلل‌های والد کومینو به نتاج منتقل شد. برای صفت وزن خشک برگ پرچم نیز یک QTL بر روی کروموزوم ٦ در فاصله نشانگری MGB371 – IPBS2074-4 با ۹/۵ درصد از توجیه تغییرات فنوتیپی و میزان LOD برابر با ۲/۱۷۳ مکان‌یابی شد. یک QTL نیز برای صفت چگالی ریشه بر روی کروموزوم ٥ شناسایی شد و ۱۰/۲ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه نمود. اثر افزایشی برای مکان شناسایی شده مثبت و آلل‌های والد کومینو به نتاج منتقل شد.

QTLهای مربوط به صفات ارتفاع گیاهچه (qSL-5) و محتوای نسبی آب برگ (qRWC-5) که در فاصله نشانگری به‌ترتیب iPBS2074-1 – iPBS2077-4 و iPBS2221-1 – GMS001 قرار داشتند و با توجیه تغییرات فنوتیپی به‌ترتیب با میزان ۱۲/۲ و ۱۰/۸ مهم‌ترین مکان‌های شناسایی شده در شرایط نرمال می‌باشند. در شرایط تنش شوری نیز سه QTL مربوط به صفات وزن کل برگ‌ها (qTLW-4)، وزن تر گیاهچه (qFSW-4) و قطر ساقه (qSD-4) به‌عنوان مهم‌ترین QTLها با بیش‌ترین درصد توجیه تغییرات فنوتیپی شناسایی شدند که در فاصله نشانگری به‌ترتیب iPBS2240-8 – iPBS2400-1 و iPBS2241-6 – iPBS2241-1 و موقعیت به‌ترتیب ٧٦ و ١٢٦ قرار داشتند. ضریب تبیین برای این مکان‌ها به‌ترتیب برابر با ١٤/٣، ١٢/٥ و ١٠/٩ بود. بیشترین ضریب همبستگی بین RWC در شرایط نرمال و RWC در شرایط تنش (۰/۸٦۷**) بود. همچنین QTLهای qTLW-4 و qFSW-4 را می‌توان به‌عنوان QTLهای هم مکان نیز معرفی کرد زیرا در کروموزوم و فاصله نشانگری مشترک قرار دارند. با توجه به مطالب ذکر شده در جدول ٥ و شکل ١ می‌توان به کروموزوم‌های شماره چهار و پنج و مکان ژنی iPBS2074-1 – iPBS2077-4 به‌عنوان مهم‌ترین کروموزوم‌ها و مکان ژنی به‌دلیل قرار گرفتن QTLهای با ضریب تبیین بالا بر روی آن‌ها اشاره کرد.

در این بررسی برای صفات مورد بررسی تعداد زیادی QTL ردیابی شد اما با توجه به تست جایگشت‌ها (۱۰۰۰ مورد)، بسیاری از QTL دارای LOD پایین‌تر از حد بحرانی بودند و در این بررسی گزارش نشدند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در مرحله رویشی و زایشی تحت شرایط نرمال

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد بوته	طول گیاهچه	وزن تر گیاهچه	وزن خشک گیاهچه	طول ساقه	قطر ساقه	طول برگ پرچم	عرض برگ پرچم	وزن تر برگ پرچم	وزن خشک برگ پرچم	تعداد کل برگ	وزن کل برگ	RWC	تعداد سنبله	طول سنبله	وزن تر سنبله	وزن خشک سنبله	طول پدانکل	طول ریشه	قطر ریشه	حجم ریشه	وزن تر ریشه	وزن خشک ریشه	سطح ریشه	چگالی سطح ریشه	چگالی ریشه	محتوای کلروفیل
شرایط نرمال																												
ژنوتیپ	101	34.40**	73.77**	11.89**	8.30**	41.51**	1.40**	16.95**	0.01**	0.001**	0.0001**	590.94**	2.72**	51.86**	37.57**	8.18**	0.02**	0.00008**	3.93**	24.18**	4.26**	27.13**	30.53**	0.002**	320.74**	34702.29**	0.00001**	0.26**
خطا	204	0.69	12.50	0.0002	0.0001	2.31	0.01	0.87	0.0004	0.0009	0.00001	4.56	0.0001	1.64	0.59	0.02	0.0001	0.00008	0.010	0.83	0.14	0.96	1.05	0.0006	11.09	1248.62	0.00002	0.01
ضریب تغییرات		8.63	9.27	0.32	0.050	11.92	4.98	14.18	8.70	2.21	3.31	5.62	0.62	13.92	10.45	1.57	7.46	8.44	14.44	11.10	5.26	11.65	11.10	5.82	11.28	17.92	10.60	3.04

** معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در مرحله رویشی و زایشی تحت شرایط تنش شوری

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد بوته	طول گیاهچه	وزن تر گیاهچه	وزن خشک گیاهچه	طول ساقه	قطر ساقه	طول برگ پرچم	عرض برگ پرچم	وزن تر برگ پرچم	وزن خشک برگ پرچم	تعداد کل برگ	وزن کل برگ	RWC	تعداد سنبله	طول سنبله	وزن تر سنبله	وزن خشک سنبله	طول پدانکل	طول ریشه	قطر ریشه	حجم ریشه	وزن تر ریشه	وزن خشک ریشه	سطح ریشه	چگالی سطح ریشه	چگالی ریشه	محتوای کلروفیل
شرایط شوری																												
ژنوتیپ	101	6.92**	154.67**	2.03**	0.38**	49.71**	0.94**	18.54**	0.03**	0.0004**	0.00002**	354.66**	0.69**	23.54**	4.26**	69.16**	0.008**	0.00001**	1.33**	31.45**	10.71**	42.54**	39.70**	0.0007**	437.21**	30596.46**	0.00006**	0.65**
خطا	204	0.59	21.75	0.0002	0.000002	3.53	0.05	2.53	0.001	0.00004	0.00002	5.69	0.0005	1.93	0.18	0.26	0.0009	0.00002	0.0006	0.34	0.07	0.80	0.42	0.00002	4.58	447.87	0.000004	0.004
ضریب تغییرات		17.01	16.57	0.91	0.90	21.51	16.24	20.70	19.92	4.65	7.08	8.77	2.72	16.75	45.07	13.21	24.88	36.53	24.83	10.80	4.88	15.82	10.74	6.36	11.10	18.62	11.68	2.45

** معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

جدول ٤- مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در جمعیت حاصل از تلاقی بادیا × کومینو

نرمال			تنش شوری				نرمال			تنش شوری		
صفات	بادیا	کومینو	آماره	بادیا	کومینو	آماره	صفات	بادیا	کومینو	آماره	بادیا	کومینو	آماره
تعداد بوته	6	12	**	3	3	ns	وزن تر سنبله	0	0.573	*	0	0.065	**
طول گیاهچه	46	47	ns	15.7	36.5	**	وزن خشک سنبله	0	0.21	**	0	0.002	**
وزن تر گیاهچه	5.420	6.993	*	0.937	1.345	**	طول پدانکل	0	0.8	**	0	0	ns
وزن خشک گیاهچه	3.012	3.572	ns	0	0.076	**	طول ریشه	7.2	8.1	*	2.008	7.231	**
طول ساقه	6.7	15.2	**	2.6	6	**	قطر ریشه	6.85	7.26	*	3.59	6.81	**
قطر ساقه	1.56	3.50	**	1	1.34	*	حجم ریشه	7	8.5	*	5.0	7.5	**
طول برگ پرچم	11.2	8.7	**	6	12.5	**	وزن تر ریشه	8.200	9.203	*	2.253	8.123	**
عرض برگ پرچم	0.2	0.4	*	0.13	0.23	*	وزن خشک ریشه	0.032	0.045	*	0.017	0.028	*
تعداد کل برگ‌ها	38	38	ns	18	26	**	سطح ریشه	25.330	29.568	*	11.228	26.037	**
وزن کل برگ‌ها	2.143	3.273	*	0.817	1.135	**	چگالی سطح ریشه	157.013	186.767	**	22.643	155.178	**
وزن تر برگ پرچم	0.033	0.063	*	0.001	0.011	**	چگالی ریشه	0.005	0.005	ns	0.003	0.004	**
وزن خشک برگ پرچم	0.002	0.004	*	0	0	ns	محتوای کلروفیل	3.615	4.180	**	3.410	3.730	ns
محتوای نسبی آب برگ	12.831	23.826	**	0.025	0.025	ns	میزان خسارت ۷ روز بعد از اعمال آبیاری اول	1	1		*2*	*1*	**
تعداد سنبله	3	9	**	0	1	**	میزان خسارت ۷ روز بعد از اعمال آبیاری دوم	1	1		*4*	*1*	**
طول سنبله	11.2	12.5	*	0	6.5	**	میزان خسارت ۷ روز بعد از اعمال آبیاری سوم	1	1		*6*	*3*	**
							میزان خسارت ۷ روز بعد از اعمال آبیاری چهارم	1	1		*8*	*5*	**

**, *, Ns به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد، پنج درصد و غیر معنی‌دار

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

جدول ۵- QTLهای کنترل‌کننده صفات در جمعیت حاصل از تلاقی Badia × comino تحت شرایط نرمال و تنش.

صفت	QTL	شماره کروموزومی	موقعیت	نشانگرهای مجاور	LOD	فاصله QTL تا نزدیکترین نشانگر	اثر افزایشی	ضریب تبیین	جهت آلل
شرایط نرمال									
ارتفاع گیاهچه	qSL-5	5	82	iPBS2077-4 iPBS2074-1	2.816	-0.7	-2.53	12.2	بادیا
طول ساقه	qSL-2a	2	14	iPBS2240-7 - iPBS2077-5	2.091	-0.3	2.293	9.2	کومینو
	qSL-2b	2	16	iPBS2077-5 - EBmao624	2.051	1.7	1.94	9	کومینو
طول برگ پرچم	qFLL-6	6	0	iPBS2241-4 - iPBS2077-1	2.293	0	-580918	10	کومینو
وزن خشک برگ پرچم	qFLDW-1	1	30	iPBS2232-5 - ISSR16-1	2.267	-0.8	0.001	9.9	کومینو
محتوای نسبی آب برگ	qRWC-5	5	70	iPBS2221-1 - GMS001	2.48	-0.3	-1.681	10.8	بادیا
طول ریشه	qRL-7	7	4	iPBS2231-1 – iPBS2274-5	2.069	-0.2	1.88	9.1	کومینو
وزن تر ریشه	qRFW-7	7	4	iPBS2231-1 – iPBS2274-5	2.069	-0.2	2.112	9.1	کومینو
وزن خشک ریشه	qRDW-4	4	120	iPBS2241-1 - iPBS2241-6	2.539	1.7	0.035	11	کومینو
چگالی سطح ریشه	qRSD-7	7	4	iPBS2231-1 - iPBS2274-5	2.095	-0.3	71.611	9.2	کومینو
چگالی ریشه	qRD-4	4	120	iPBS2241-1 - iPBS2241-6	2.369	1.7	0.002	10.3	کومینو
محتوای کلروفیل	qCH-3	3	0	iPBS2077-8 - iPBS2077-3	2.046	0	-0.174	9	بادیا
شرایط تنش									
وزن تر گیاهچه	qFSW-4	4	76	iPBS 2400-1- iPBS2240-8	2.896	4.5	1.876	12.5	کومینو
طول ساقه	qSL-7	7	84	iPBS 2241-3 - MGB318	2.471	4.7	35.67	10.8	کومینو
قطر ساقه	qSD-4	4	126	iPBS 2241-1 - iPBS 2241-6	2.515	-0.4	-0.343	10.9	بادیا
طول برگ پرچم	qFLL-2	2	6	iPBS 2083-4 - iPBS 2221-4	2.077	-1.4	20.537	9.1	کومینو
تعداد کل برگ	qTNL-4	4	118	iPBS 2239-2 - iPBS 2241-1	2.084	-0.3	28.685	9.1	کومینو
وزن کل برگ‌ها	qTLW-4	4	76	iPBS 2400-1 - iPBS 2240-8	3.354	46	1.221	14.3	کومینو
وزن خشک برگ پرچم	qFLDW-6	6	32	MGB371 - iPBS 2074-4	2.173	0.7	0	9.5	کومینو
چگالی ریشه	qRD-5	5	0	iPBS 2239-4 - GBM S0032	2.325	0	2420.87	10.2	کومینو

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

جایگاه کروموزومی QTLهای مکان‌یابی شده مشترک برای صفات مورد مطالعه در جدول (٦) ارائه شده‌است. مقایسه جایگاه کروموزومی QTLهای شناسایی شده در مراحل جوانه‌زنی و رویشی و زایشی نشان داد، برخی دارای مکان کروموزومی مشترک بودند. این موضوع احتمالا به‌دلیل پیوستگی ژنتیکی و یا اثر پلیوتروپیک ژنی است. با توجه به نتایج به‌دست آمده کروموزوم شماره هفت و نواحی ژنومی iPBS2231-1 – iPBS2274-5 و GBMS0183 – iPBS2077-2 به‌دلیل شناسایی بیش‌ترین QTLهای کنترل‌کننده صفات مورد بررسی در مرحله رشدی رویشی و زایشی در این نواحی به‌عنوان مکان و نواحی مهم و تعیین کننده در جهت اصلاح و برنامه‌های به نژادی می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند. حضور یک QTL در شرایط مختلف بیانگر ثبات ژن است و این که بین QTL و شرایط مختلف محیطی اثر آنتاگونیستی وجود نداشته است، بنابراین به نظر می‌رسد که بتوان این QTLها را در زمره QTLهای پایدار و اصلی کنترل‌کننده صفات مورد بررسی محسوب کرد و با اطمینان بیشتری از آن‌ها در برنامه گزینش به کمک نشانگر به‌عنوان مکمل روش‌های اصلاح کلاسیک استفاده کرد. هر چند در بین سایر QTLهای کنترل‌کننده همین صفات یا سایر صفات، QTLهای پر اثری شناسایی شده که به یک محیط اختصاص داشته‌اند و استفاده از آن‌ها در برنامه‌های به نژادی منطقه‌ای مؤثر خواهد بود.

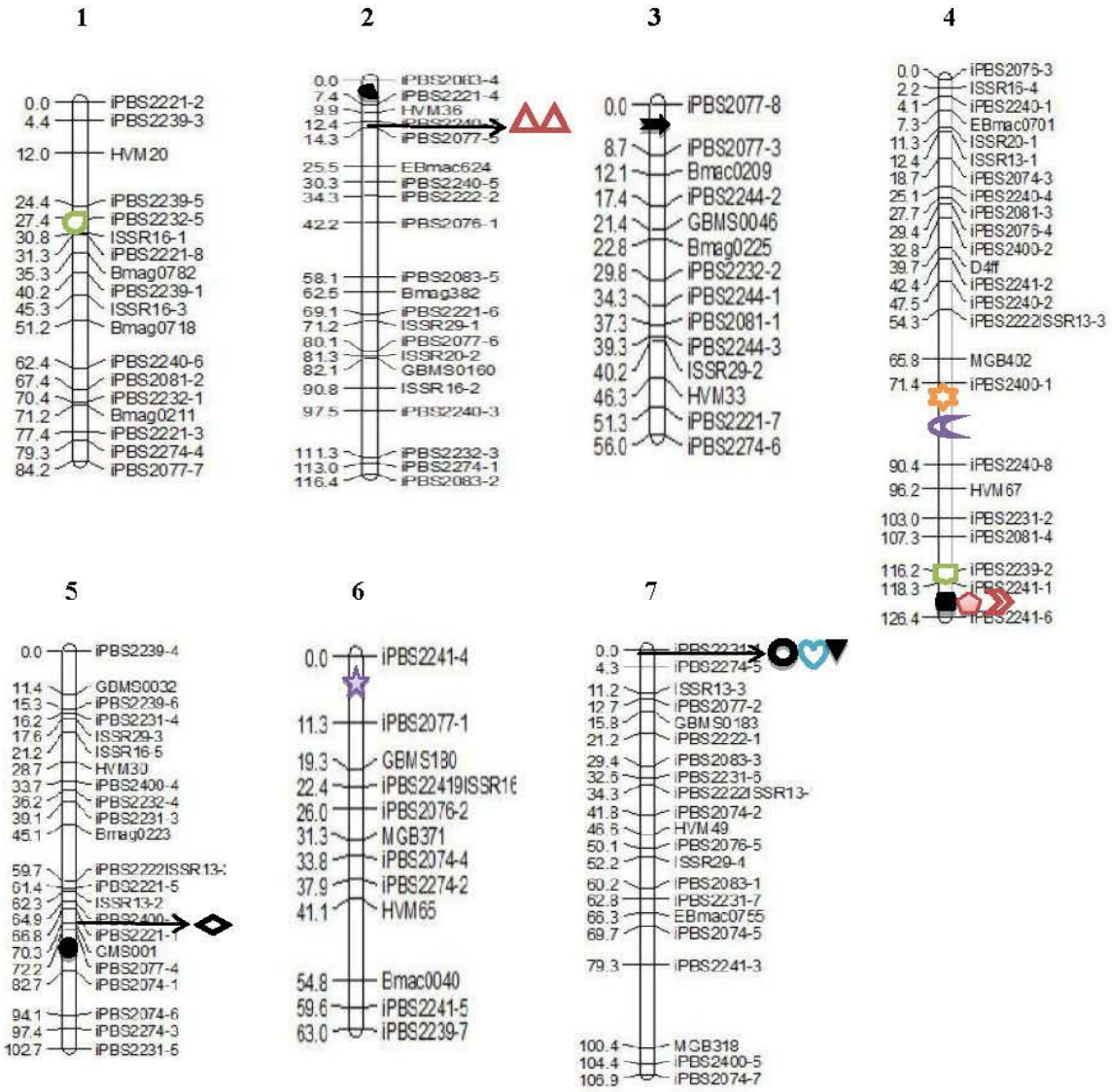
نتیجه‌گیری کلی

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که تمامی صفات ارزیابی شده در مرحله رویشی و زایشی در سطح احتمال یک درصد اختلاف بسیار معنی‌داری داشتند. از این رو می‌توان خاطر نشان کرد تنوع ژنتیکی مطلوبی در بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. در بین فواصل نقشه ژنتیکی، IPBS2241-6 – IPBS2241-1 و iPBS2231-1 – iPBS2274-5 به‌دلیل شناسایی بیشترین QTL در این مکان‌ها به‌عنوان مهم‌ترین فواصل نشانگری شناسایی شدند که استفاده از QTLهای هم‌مکان در شرایط مختلف محیطی پس از تعیین اعتبار در نسل‌های پیشرفته می‌تواند موجب افزایش کارایی انتخاب به کمک نشانگر و پیشبرد برنامه‌های به‌نژادی گیاهی شود. با توجه به نتایج به‌دست آمده در این تحقیق در مرحله رویشی و زایشی سه QTL بزرگ اثر qSL-5 در وضعیت شاهد، qFSW-4 و qTLW-4 در وضعیت تنش شوری به‌ترتیب در موقعیت ۸۲ و ۷٦ سانتی‌مورگان توانستند تغییرات فنوتیپی صفات ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه و وزن کل برگ‌ها را به‌ترتیب به میزان ۱۲/۲، ۱۲/۵ و ۱٤/۳ درصد توجیه کنند که شکل (۲) نمای گرافیکی این سه QTL را نمایش می‌دهد. از این مکان‌های ژنی می‌توان برای اصلاح ارقام و در نهایت تولید ارقام متحمل به شوری استفاده کرد.

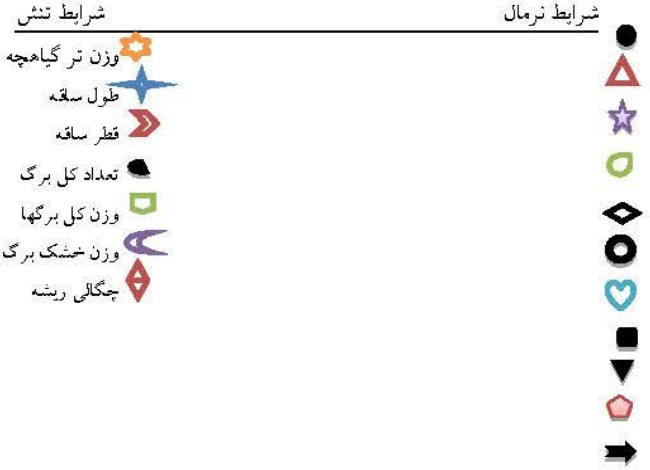
جدول ٦- QTLهای مشترک برای صفات مورد مطالعه

	رویشی و زایشی	
فاصله نشانگری	شماره کروموزوم Normal	stress
iPBS2077-5 – EBMAC624	2 طول ساقه	
iPBS2240-7 – Ipbs2077-5	2 طول ساقه	وزن کل برگ‌ها
iPBS2240-4 – iPBS2081-3	4	
iPBS2400-1 – iPBS2240-8	4	وزن تر گیاهچه + وزن کل برگ‌ها
iPBS2239-2 – iPBS2241-1	4	تعداد کل برگ‌ها
iPBS2241-1 – iPBS2241-6	4 وزن خشک ریشه + چگالی ریشه	قطر ساقه
iPBS2241-4 - iPBS2077-1	6 طول برگ پرچم	
HVM65 – Bmac0040	6	
iPBS2231-1 – iPBS2274-5	7 طول ریشه + وزن تر ریشه + چگالی سطح ریشه	
ISSR13-3 – iPBS2077-2	7	
iPBS2077-2 – GBMS0183	7	

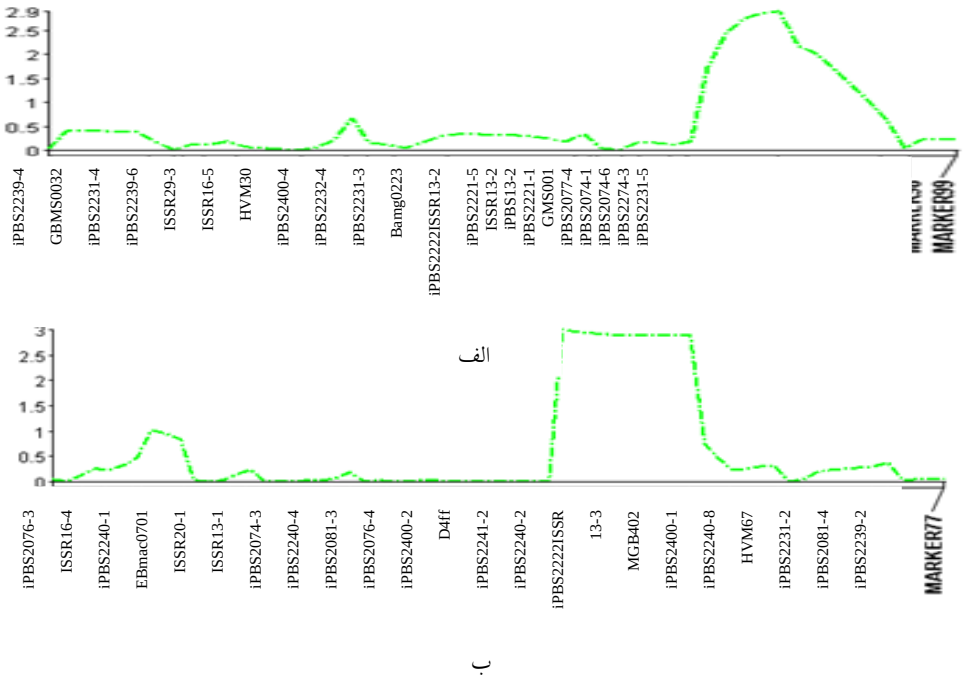
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]



شکل ۱- نقشه پیوستگی حاصل از نشانگرهای SSR، ISSR و IPBS در نسل F_3 جو حاصل از تلاقی Badia × Comino



[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]



شکل۲- نمایش گرافیگی QTLهای شناسایی شده و مقادیر LOD برای صفات مورد مطالعه (الف-طول گیاهچه و ب-وزن تر گیاهچه)

منابع

Agrawal R (2005) Seed technology. I B H Publishing Co, Oxford, London, GB, 82.

Caetano–Anolles G, Gresshoff PM (1994) Staining Nucleic Acids with silver. An Alternative to Radioisotopic and Fluorescent Labeling. Promege Notes Magazine 45:13-21.

Castro A, Hayes JP, Viega L, Vales I (2008) Trance gressive segregation for phonological Traits in barley explained by two major QTL alleles withadditivity. Plant Breeding 127:561-568.

Chalish L, Houshmand S (2011) Estimate of Heritability and Relationship of Some Durum Wheat Characters Using Recombinant Inbred lines. Electronic Journal of Crop Production 4:223-238.

Dadshani SAW, Weidner A, Buck-Sorlin GH, Börner A, Asch F (2004) QTL Analysis for Salt University of Bonn, Institute of Plant Tolerance in Barley. Crop Physiology 5:71-86.

FAO. 2013. FAOSTAT. Food and agricultural commodities production. Available at http://faostat.fao.org/site/. FAO, Rome, Italy.

Greenway H, Munns R (1980) Mechanisms of salt tolerance in nonhalophytes. Annual Review of Plant Physiology 31:149-190.

Ganjali A, Kafi M, Bagheri AR, ShahriariAhmadi F (2003) Allometric relationship for root and shootcharacteristics of chickpea seedlings (*Cicer arietinum*). Journal of Agricultural Science and Technology 18:67-80.

Hajabbasi MA (2001) Tillage effects on soil compactness and wheat root morphology. Journal of Agricultural Science and Technology 3:67-77.

Haley CS, Knott SA (1992) A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. Heredity 69:315-24.

Homaee M (2002) Plants response to salinity. Iranian National Committee on Irrigation and Drainage (IRNCID). 58. (In Farsi).

Czyczy IIona, Mysza I, IzabelaMarcinSka I, EdytaSkrzypek S, Cyganek K, Juzon 1 K, Karbarzm (2014) QTL Mapping for Germination of Seeds Obtained from Previous Wheat Generation under Drought. Central European Journal of Biology 94:374-382.

Kavianicharati A, Sabouri H, Falahi HA, Jorjani E (2016) QTL Mapping of Spike Characteristics in Barley using F_3 and F_4 Families Derived from Badia × Komino Cross. Plant Genetic Research Journal 3:13-28. (In Farsi).

Kosambi DD (1944) The estimation of map distances from recombination values. Annals at Eugenics 12:172-175.

Khalili M, JavaheriKhashani F, Ebrahimi MA (2017) Evaluation of genetic diversity and identification of QTL Controlling seed germination and seedling establishment traits in wheat. Iranian Agriculture Drought Journal 1:121-145. (In Farsi).

Lander ES, Botstein D (1989) Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics 121:185-199.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]

Liang C, Lou QJ, Sun ZX, Xing YZ, Yu XQ, Luo LJ (2006) QTL Mapping of low Temperature on Germination rate of rice. Rice Science 13:93-98.
Li Z, Mu P, Li C, Zhang H, Li Z, Gao Y, Wang X (2005) QTL Mapping of Root Traits in a Doubled Haploid Population from a Cross between upland and low land japonica rice in three environments. Theoretical and Applied Genetics 110:1244-1252.
Manly KF, Olson JM (1999) Overview of QTL mapping software and introduction to map manager QTL. Mammalian Genome 10:327-334.
Mardani Z (2011) Identification of continuous molecular markers with salinity genes in germination stage in rice. dissertation, University of Gilan, IRI. (In Farsi).
Mohamadi S (2003) Investigation of physiological aspects of production of cold wheat in saline lands. dissertation, Islamic Azad University, IRI. (In Farsi).
Mohammadi M, Baom M (2008) QTL analysis for morphologhical traits in the Population of double Haploide barley. Agriculture and Natural Resources 451:111-120.
Miunns R, James RA (2003) Screening methods for salt tolerance: A case study with tetraploid wheat. Plant and Soil 253:239-250.
Miura K, Lin SY, Araki H, Nagamine T, Kuroki M, Shimizu H, Ando L. Yano M (2004) Genetical Studies on germination of seed and seedling establishment for breeding of improved rice varieties suitable for direct seedling culture. Japan Agricultural Research Quarterly 38:1-5.
Nelson J (1997) QGENE: Software for marker–based analysis and breeding. Mol Breeding 3:239-245.
Parida AK, Das AB (2005) Salt tolerance and salinity effects on plants: a review. Ecotoxicology and Environmental Safety 60:324-349.
Rabei B, Mardani Z, Ghomi Kh, Sabori H, Sabori A (2014) The Effect of Rice Chromosome 1 on Traits Associated with Drought and Salinity Tolerance at Germination and Seedling Stages. Journal of Seed and Plant Seedlings 30:1-16 (In Farsi).
Rabiei B, Mardani Z, Sabouri H. Sabouri A (2013) Mapping of QTLs controlling tolerance to drought and salt stress at germination stage of rice. Iranian Journal of Field Crop Science 444:585-596. (In Farsi).
Rahimi M, Abrahim Pour F, Eshghi R (2013) Inheritance and QTL Mapping of Agronomical Traits in barley. Crop Biotechmnology 2:35-48 (In Farsi).
Rhoades JD (1999) Use of saline drainage water for irrigation In: Skaggs RW. and Van Shilfgarde J. (Eds), Agricultural Drainage. Agronomy Monograph. No. 38. CSSA. Madison WI, 615-657.
Ritchie SW, Nguyen HT (1990) Leaf Water content and gas exchange parameters of two wheat genotypes differing in drought resistance. Crop Science 30:105-111.
Sabouri H, Biabani A, Sabouri A, Mohammad Esmaili M (2010) The study of QTLs related to seed vigour under stress caused to Sorbitol in rice. Journal of Plant Production 17:123-136. (In Farsi).
Sabouri A, Sabouri H, Mohammadi-Nezhad gh, Biabani A (2010) Genetic analysis of yield components and rice cultivars using QTL mapping. Proceedings of 5th Agronomy and Plant Breeding congress. Iran, Tehran Shahid-Beheshti University. (In Farsi).
SaghiMaroof MA, Biyaoshev RM, Yang GP, Zhang Q, Allard RW (1994) Extra ordinarily polymorphic microsatellites DNA in barlyspeciesdiversity, chromosomal location, and population dynamics. Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America 91:5466-5470.
Shahraki H, Fakheri BA, Allahdou M (2013) Genimic regions mapping for some phonological traits associated with salt tolerance in doubled haploid lines of barley (*Hordeumvulgare* L.). International Journal of Agriculture and Crop Science 67:403-409.
Sohani M (1996) Seed Control,Certification. Gilan university press. Rasht, Iran. (In Farsi).
Tekrony DM, Egli DB (1991) Relation Ship of seed vigor to crop yield. Crop Science 31:816-822.
Tian R, Jiang GH, Shen LH, Wang LQ, He YQ (2005) Mapping quantitative loci underlying the Cooking and Eating quality of Rice using a DH Population. Molecular Breeding 15:117-124.
Yoshida S, Forno DA, Cock JH, Gomez, KA (1976) Laboratory manual for physiological studies of rice. IRRI. Los Babos. Philippines.
Zhang ZH, Yu SB, Yu T, Huang Z, Zhu YG (2005) Mapping quantitative trait loci (QTLs) for seedling vigour using recombinant inbred lines of rice (*Oryza sativa* L.). Field Crops Research 91:161-170.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-24]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.4.4.7]