

مکان‌یابی QTL های کنترل کننده برخی صفات مورفولوژیکی در

لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم نان

QTL mapping for some morphological traits in recombinant inbred lines of bread wheat

النا خبیری^۱، علی اصغری^{۲*}، سید ابوالقاسم محمدی^۳، علی رسولزاده^۴، مجتبی نور آئین^۵

۱- دانشجوی دکتری تخصصی اصلاح نباتات مولکولی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و

منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۳- استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز

۴- دانشیار، گروه مهندسی آب، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۵- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه

Khabiri E¹, Asghari A^{*2}, Mohammadi SA³, Rasolzadeh A⁴, Nouraein M⁵

1- PhD Student of Molecular Plant Breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili

2- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

3- Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz

4- Associate Professor, Department of Water Engineering, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

5- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

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

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰۳/۰۴ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۶/۲۳)

چکیده

به‌منظور شناسایی های کنترل کننده صفات مورفولوژیکی در گندم نان، ۱۴۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo (زودرس و پاکوتاه به‌عنوان والد پدری با منشاء آمریکا) و ژنوتیپ No.49 (دیررس و پابلند به‌عنوان والد مادری با منشاء سیستان و بلوچستان) به‌همراه والدین مورد مطالعه قرار گرفتند. صفات مورد مطالعه شامل طول پداتکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله بود. نقشه پیوستگی براساس ۲۰۲ نشانگر (۱۷۷ نشانگر ریزوماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون) در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفت که طول نقشه حدود ۶۹۱/۳۶ سانتی‌مورگان با میانگین فاصله ۳/۴۲ بین هر جفت نشانگر بود و ۲۱ کروموزوم گندم نان را پوشش می‌داد. تجزیه QTL بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) انجام شد و برای QTL های شناسایی شده، اثرات افزایشی برآورد شد. نتایج تجزیه QTL نشان داد که برای ارتفاع بوته طول پداتکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله یک QTL به‌ترتیب روی کروموزوم‌های 3A، 4A، 3A، 5A، 7B و 3A و 3A و دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله بر روی کروموزوم‌های 3A و 2D و برای وزن سنبله سه QTL بر روی کروموزوم‌های 2A، 5D و 7D شناسایی و مکان‌یابی شد. در بین QTL های شناسایی شده QSNS3A بیشترین اثر افزایشی را داشت. برای صفات طول پداتکل، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله اثر افزایشی منفی QTL های مکان‌یابی شده نشان‌دهنده توارث الی مطلوب در این جایگاه از والد No.49 به نتاج بود. واریانس فنوتیپی توجیه شده توسط این QTL ها از ۴/۹۳ تا ۱۳/۶۳ درصد متغیر بود. در این مطالعه تعداد QTL های شناسایی شده برای خصوصیات مرتبط با سنبله گندم بسیار کم بودند که می‌تواند به‌دلیل تعداد بالای QTL های با اثر کم، وجود اثرات متقابل و هم‌چنین اثرات محیطی باشد.

واژه‌های کلیدی

اثرات افزایشی

صفات مورفولوژیکی

گندم نان

مکان‌یابی

نشانگر

گندم یکی از غلات و گیاهان زراعی مهم محسوب می‌شود و به‌همراه برنج و ذرت بخش اعظم رژیم غذایی مردم جهان را به خود اختصاص داده است (Zohary and Hopf 2000, Ignaciuk and Mason-D'Croz 2014). این غله با تولید سالانه ۷۴۹ میلیون تن و سطح زیر کشت ۲۲۰ میلیون هکتار اولین غله مهم جهان به حساب می‌آید. کشور ایران نیز به ترتیب ۱۲ میلیون و ۴۰۰ هزار تن از تولید سالانه و ۵ میلیون و ۴۳۰ هزار هکتار از سطح زیر کشت جهانی را به خود اختصاص داده است (FAOSTAT 2017).

مکان یابی ژن های کنترل کننده صفات کمی از روش هایی است که در دهه اخیر برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی توسعه یافته است. در این روش تفرق همزمان صفت کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می‌شود و در نهایت تعداد ژن‌ها، نوع عمل آن‌ها و میزان اثر هر یک برآورد شده و مکان QTL ها روی ژنوم شناسایی می‌شود. از این رو می‌توان از نتایج آن در گزینش به کمک نشانگر استفاده کرد (Kato et al. 2000, Liu 2017). مکان یابی QTL ها نیازمند یک نقشه ی پیوستگی از مکان های نشانگری چندشکل با پوشش ژنومی کامل و تغییرات صفات کمی در داخل یا بین جمعیت یا نژادها می‌باشد. به‌طور ایده‌آل، مکان های نشانگری باید چندشکلی بالایی داشته باشند و لاین های والدینی ال های مختلفی را در هر مکان ژنی حمل کنند. باید تعداد نشانگر زیاد باشد، تا پوشش ژنومی کامل به دست آید و هم پارزی باشند. به طوری که، تمام ژنوتیپ های ممکن در یک مکان نشانگری مشخص قابل شناسایی باشند (Falconer and MacKay 1996).

روش های آماری زیادی برای مکان یابی ژن های کنترل کننده صفات کمی توسعه یافته است (Li and Chen 2009). یکی از این روش های آماری روش مکان یابی فاصله ای مرکب می باشد که پایه و اساس آن مکان یابی فاصله ای است. این روش با جایگذاری دیگر نشانگرهای ژنتیکی در مدل آماری به عنوان کوفاکتور، زمانی که مکان یابی فاصله ای در حال انجام است، صورت می‌گیرد (Zeng 1994). نقشه یابی ژنتیکی در گندم در سال ۱۹۶۰ هنگامی که گری هارت بر روی شناسایی و نقشه یابی آیزوزیم ها مطالعه

می‌کرد، آغاز شد. پیوستگی RFLP و نقشه های فیزیکی نشان داد که گندم دارای بیش از ۲۰۰۰ نشانگر DNA است (Xie et al. 1996, Gill et al. 1993) که تمام هفت گروه هومولوگ را در ژنوم گندم پوشش می‌دهند. پیشرفت های اخیر در تکنیک های نقشه یابی ژنوم مبتنی بر PCR، به سیستم های جدید نشانگرهای DNA از جمله SSR شتاب بخشید (Tautz et al. 1986). به طوری که، نشانگرهای SSR سطوح بالایی از چندشکلی را در گندم هگزاپلوئید نسبت به سایر سیستم های نشانگری نشان می‌دهند (Röder et al. 1995, Bryan et al. 1997). بهبود صفات مرتبط با عملکرد می‌تواند راه کاری قابل توصیه برای افزایش تعداد دانه و شاخص برداشت در گندم باشد (Gaju et al. 2009). بنابراین، مطالعات مختلفی برای شناسایی QTL های کنترل کننده این صفات در گندم انجام گرفته است. (Marza et al. 2006). این صفات در گندم طول سنبله بر روی کروموزوم های 1A, 1B, 2B, 2BL, 3B, 4B, 5B, 7A و 7B مکان یابی کردند. (Börner et al. 2002). پژوهش گسترده ای برای شناسایی QTL های مربوط با صفات مورفولوژیکی، عملکرد و کیفیت در جمعیت ITMI انجام دادند. در این تحقیق ۲۱۰ QTL با LOD بالاتر از ۲ تشخیص داده شدند. نامبردگان برای ارتفاع بوته، طول پدانکل و طول خوشه به ترتیب ۲۱، ۶ و ۱۰ مکان ژنی شناسایی کردند. (Ma et al. 2007). لاین اینبرد نوترکیب را مورد بررسی قرار دادند و یک QTL بزرگ اثر بر روی کروموزوم 7D و یک QTL کوچک اثر بر روی کروموزوم های 1A, 2D, 4A و 5A و 5B مکان یابی کردند. هم چنین (Chu et al. 2008). یک QTL بر روی کروموزوم 3D, 4A و 5A مکان یابی کردند. (Cuthbert et al. 2008). پنج QTL بر روی کروموزوم 1A, 2D, 3B, 5A و 7A برای تعداد دانه در سنبله و QTL دیگر برای طول سنبله بر روی کروموزوم 5A مکان یابی کردند (Sourdille et al. 2003). در سال ۲۰۰۳ در مطالعه مکان های ژنی کنترل کننده صفات مهم زراعی گندم، چهار QTL برای ارتفاع بوته مکان یابی کردند. هم چنین، (Huang et al. 2003). چندین QTL را بر روی کروموزوم های 1BL, 2AL, 2DL, 3BS, 4DS, 5DL, 6DL و 7AS برای تعداد سنبله شناسایی کردند. با توجه به اهمیت و نقش صفات مورفولوژیک در تعیین عملکرد نهایی، شناسایی QTL های مرتبط

برنامه WindowsQTL Cartographer V.2.5_009 و بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام و برای QTL‌های شناسایی شده اثر افزایشی برآورد شد. حداقل LOD برای شناسایی QTL‌ها ۲/۵ در نظر گرفته شد. علاوه بر تعیین جایگاه و میزان اثر هر QTL، واریانس فنوتیپی که توسط هر یک از QTL‌ها (R^2) در یک مدل رگرسیون چندگانه توجیه می‌شد، محاسبه شد.

مواد و روش‌ها

جمعیت متشکل از ۱۴۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49 به همراه والدین در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفتند. رقم YecoraRojo، زودرس و پاکوتاه به‌عنوان والد پدری با منشاء آمریکا و ژنوتیپ No.49، دیررس و پابلند به‌عنوان والد مادری با منشاء سیستان و بلوچستان می‌باشد (Ehdaie et al. 2016). جمعیت فوق در دانشگاه ریورساید تولید و از طریق قطب علمی اصلاح مولکولی غلات دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز در اختیار این پژوهش قرار گرفت. ارزیابی‌های مزرعه‌ای لاین‌ها به‌همراه والدین، در بهار ۱۳۹۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه محقق اردبیلی انجام شد. این منطقه بر اساس تقسیم‌بندی کوسن دارای اقلیم کوهستانی سرد و معتدل است. بر اساس آمار هواشناسی، این منطقه دارای زمستان‌های بسیار سرد و تابستان‌های معتدل می‌باشد. هر لاین در کرت‌های دو ردیفی به‌طول ۲/۵ متر و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی‌متر با تراکم ۵۰۰ بذر در متر مربع کشت شد. کلیه عملیات داشت شامل کوددهی، وجین علف‌هرز و آبیاری براساس نیاز گیاه انجام شد و در پایان فصل رشد، صفات مورفولوژیکی شامل طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله اندازه‌گیری شدند. برای تجزیه QTL از نقشه پیوستگی موجود جمعیت متشکل بر ۱۷۷ نشانگر ریزماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون استفاده شد. در این نقشه ۲۰۲ نشانگر در ۳۶ گروه پیوستگی با طول نقشه ۶۹۱/۳۶ سانتی‌مورگان قرار داشتند و ۲۶ نشانگر به هیچ گروه پیوستگی منتسب نشده است. براساس نقشه‌های پیوستگی ارائه شده برای گندم، ۳۴ گروه پیوستگی با ۱۹ کروموزوم از ۲۱ کروموزوم گندم مطابقت داشت و متوسط فاصله دو نشانگر مجاور در نقشه برابر ۳/۴۲ سانتی‌مورگان بود (Röder et al. 1995). تجزیه QTL با

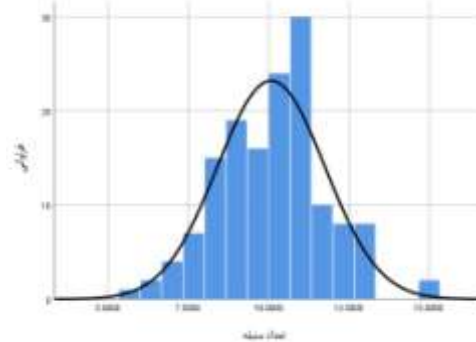
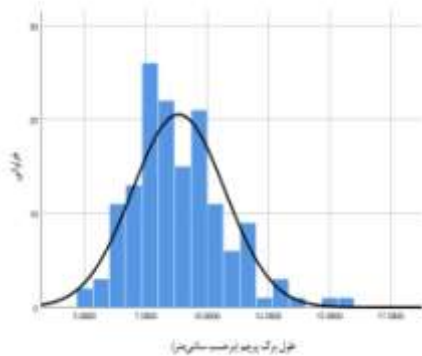
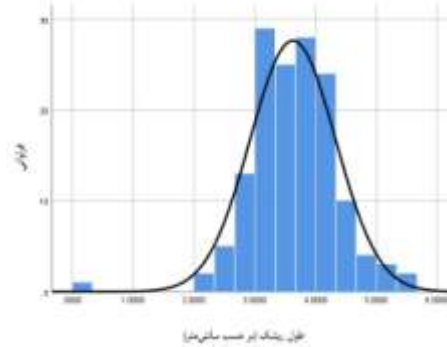
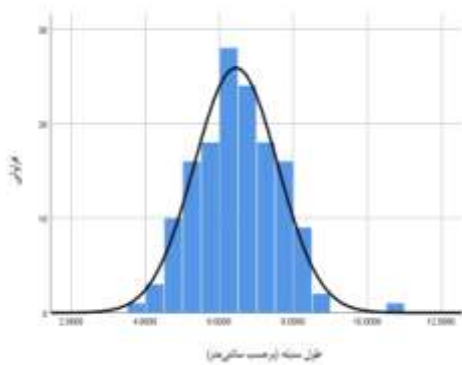
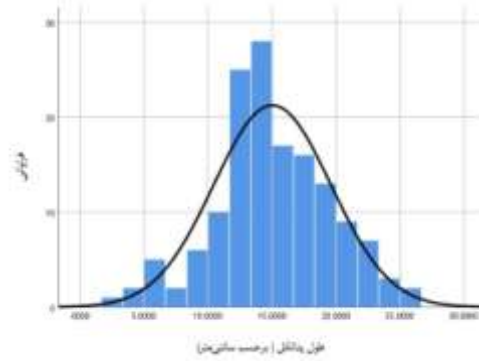
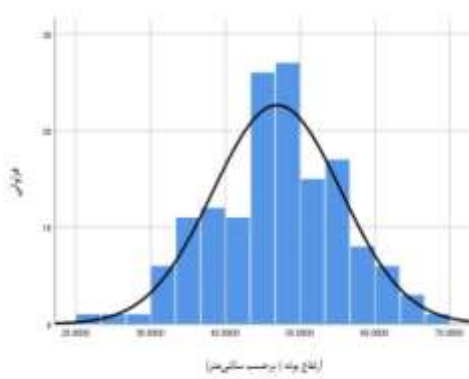
نتایج و بحث

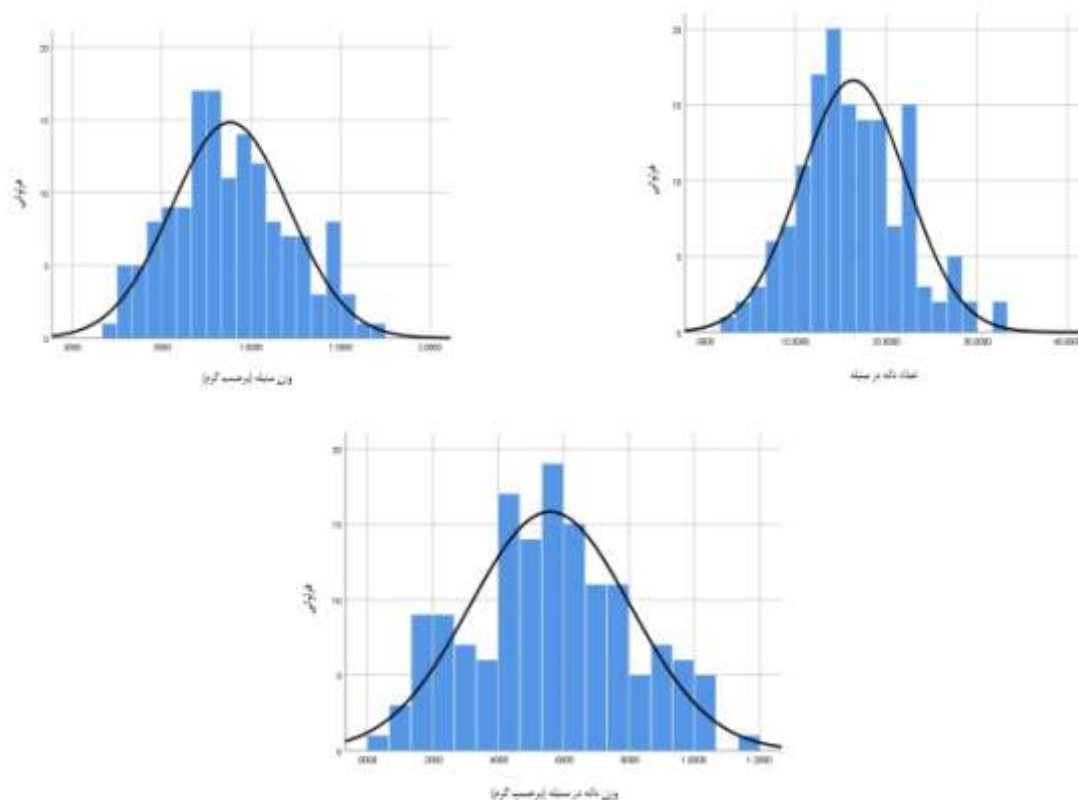
بررسی پارامترهای فنوتیپی (جدول ۱) و توزیع فراوانی صفات مورد ارزیابی (شکل ۱) حاکی از آن بود که همه صفات از تنوع کمی و پیوسته برخوردار بوده و توزیع نرمال داشتند. زیرا، برای تمامی صفات مقادیر چولگی و کشیدگی منحنی‌های توزیع نرمال (به‌جز طول ریشک و طول برگ پرچم) کمتر از یک بود. نتایج نشان داد که میانگین صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول برگ پرچم، وزن سنبله، تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله برای والد No.49 بیشتر از والد Yecora Rojo بود. ژنوتیپ فوق دیررس و پابلند بوده و می‌تواند طول دوره رشد بیشتری داشته باشد (Ehdaie et al. 2016). این درحالی است که برای صفات طول سنبله، طول ریشک و تعداد سنبله، والد Yecora Rojo میانگین بیشتری نسبت به والد No.49 داشت. این نشان‌دهنده تمایز واضح بین والدین برای صفات مورد مطالعه می‌باشد. در این آزمایش برای برخی صفات تفکیک متجاوز یا تفرق برتر از والدین مشاهده گردید که بیانگر ماهیت کمی صفات است. علاوه بر این، نتایج نشان داد که طول سنبله و طول برگ پرچم لاین‌های اینبرد نوترکیب نسبت به والدین کاهش یافته است. وجود تفکیک متجاوز مثبت و منفی در مطالعات (Hamza et al. 2019) نیز با استفاده از جمعیت فوق گزارش شده است.

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی (جدول ۲) با استفاده از نقشه ژنتیکی حاصل از جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه (شکل ۲) انجام شد و تعداد یک QTL برای هر یک از صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله، تعداد دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله و سه QTL برای صفت وزن سنبله و در مجموع ۱۳ QTL شناسایی شد.

جدول ۱- پارامترهای فنوتیپی برای صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

وزن دانه در سنبله (gr)	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله (gr)	تعداد سنبله	طول برگ پرچم (cm)	طول ریشک (cm)	طول سنبله (cm)	طول پدانکل (cm)	ارتفاع بوته (cm)	
۰/۲۶	۹/۵	۰/۵۹	۱۲/۷۵	۱۰/۱۵	۳/۹۵	۷/۴۵	۱۶/۱۲	۲۹/۶	Yecora Rojo
۰/۵۱	۱۷/۰۰	۰/۷۹	۹/۷۵	۱۱/۶۲	۲/۸۲	۶/۷	۲۲/۵	۶۲/۳	No.49
۰/۰۶۰	۳۴/۱۶	۰/۱۰۷	۲/۷۹	۳/۵۷	۰/۴۹۳	۱/۲۶	۲۰/۸۶	۷۳/۵۸	اختلاف والدین
۰/۵۵	۱۶/۳۳	۰/۸۸	۱۰/۰۷	۸/۸۳	۳/۶۲	۶/۴۴	۱۵/۰۱	۴۶/۹۱	میانگین اینبرید لاین های نوترکیب
۰/۰۲۲	۲/۷۵	۰/۲۴	۵/۷۵	۵/۱۷	۰/۲۵	۳/۸۷	۳/۱۰	۲۱/۷۵	کمینه لاین های اینبرید
۱/۱۶	۳۲/۰۰	۱/۶۸	۱۵/۲۵	۱۵/۷۵	۵/۶۰	۱۰/۹۰	۲۶/۶۵	۶۷/۱۲	بیشینه لاین های اینبرید
۰/۲۴	۵/۸۴	۰/۳۲	۱/۶۷	۱/۸۹	۰/۷۰	۱/۱۲	۴/۵۶	۸/۵۷	انحراف استاندارد
۰/۰۸۳	۰/۳۱۴	۰/۲۲۸	۰/۰۵۹	۰/۷۷۸	-۰/۴۰۴	۰/۳۲۲	-۰/۰۴۱	-۰/۱۷۷	چولگی
-۰/۵۰۸	-۰/۰۹۶	-۰/۵۰۹	۰/۱۹۱	۱/۰۷	۳/۱۱	۰/۶۸۴	۰/۲۵۷	-۰/۰۵۳	کشیدگی





شکل ۱- فراوانی صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی در جمعیت گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

آماره LOD متعلق به QTL‌های مربوط به وزن سنبله به دست آمد. بر اساس نتایج حاصل از آزمایش، تعداد یک QTL برای صفت ارتفاع بوته روی کروموزوم 7B شناسایی شد که در فاصله نشانگری Cfa2174.2 و Wms573 قرار داشت. مقدار LOD این QTL برابر ۲/۴۲ و ۲/۱۷ بود و به نام *QPH7B* نام‌گذاری شد. برای صفت طول پدانکل یک QTL بر روی کروموزوم 5A با LOD برابر ۲/۰۳ در محدوده ۸/۳ سانتی‌مورگان شناسایی شد. این QTL با نام *QPL5A* در فاصله نشانگری Gwm304 و Gwm443 قرار داشت و مقدار اثر افزایشی آن برابر ۱/۰۵- بود. مقدار توجیه واریانس فنوتیپی این QTL برابر ۵ درصد بود و الل افزایش‌دهنده این جایگاه از طریق والد No.49 در نتاج به ارث رسیده بود. (Börner et al. (2002) برای طول پدانکل یک QTL روی کروموزوم 6A گزارش کردند که در جمعیت مورد مطالعه در حال تفکیک نبوده است. در این بررسی یک QTL روی کروموزوم شماره 3A برای طول سنبله مکان‌یابی شد. QTL مذکور در بین نشانگرهای 5LTR.2/Sukkula و Wms566 و در موقعیت ۲۲/۶۰

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی (جدول ۲) با استفاده از نقشه ژنتیکی حاصل از جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه (شکل ۲) انجام شد و تعداد یک QTL برای هر یک از صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله، تعداد دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله و سه QTL برای صفت وزن سنبله و در مجموع ۱۳ QTL شناسایی شد. (Mahdinejad et al. (2014) و Fakhri and Babaki (2014) در تجزیه QTL صفات مختلف مورفولوژیک با استفاده از جمعیت‌های دیگر گندم نان، ده‌ها ناحیه واجد QTL شناسایی کردند. برای سیزده QTL شناسایی شده بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی توجیه شده از ۴/۹۳ تا ۱۳/۶۳ درصد متغیر بود و مربوط به QTL‌های وزن سنبله بودند. (Reif et al. (2010) مبنای توصیف یک QTL به‌عنوان QTL بزرگ اثر را توجیه بیش از ۱۰ درصد واریانس فنوتیپی صفت مربوطه در نظر گرفتند. لذا، به غیر از یک QTL شناسایی شده، بقیه QTL‌ها کوچک اثر بودند. هم‌چنین بیشترین و کمترین مقدار

افزایش تعداد دانه و شاخص برداشت در گندم می‌باشد. بنابراین، اصلاح سنبله جهت افزایش تعداد سنبله‌چه و تعداد دانه از طریق به‌نژادی نیاز به درک درستی از ساختار ژنتیکی این صفت دارد (Gaju et al. 2009). در مطالعه حاضر نیز برای صفت تعداد دانه در سنبله یک QTL بر روی کروموزوم 3A با LOD ۳/۰۴ در محدوده ۱۸/۵۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد. این QTL با نام *Gwm666* و *Nikita/ISSR5.620* در فاصله نشانگری قرار داشت و مقدار اثر افزایشی آن برابر ۱/۶۵- بود.

در این آزمایش دو QTL روی کروموزوم 3A برای وزن دانه در سنبله مکان‌یابی شد. QTL‌های مذکور به ترتیب در موقعیت ۱/۰۰ و ۱۷/۵۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. مقدار اثر افزایشی این QTL‌ها به ترتیب برابر ۰/۰۷ و ۰/۰۸- و LOD آن‌ها برابر ۲/۸۹ و ۴/۰۰ بود. نتایج نشان داد که بیشترین اثر افزایشی مثبت و منفی به ترتیب مربوط به QTL‌های موجود بر روی کروموزوم‌های 7B و 3A برای صفات ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله بود که الی مربوط به این QTL‌ها به ترتیب از والد *Yecora Rojo* و No.49 به ارث رسیده است. نتایج حاصل از این آزمایش بار دیگر این فرضیه را تقویت کرد که ژن‌ها به‌طور یکسان روی ژنوم توزیع نشده و اکثر ژن‌ها در نواحی خاصی متمرکز هستند (Sourdille et al. 2003). به‌عنوان مثال، QTL‌های شناسایی شده برای طول برگ پرچم و وزن سنبله در نقاط مشابه و بین نشانگرهای *Gwm2* و *Barc45* قرار گرفته بودند که نشان‌دهنده همبستگی بین صفات فوق بود. در این مطالعه اکثریت QTL‌ها برای صفات مورد مطالعه در ژنوم A شناسایی شدند. به‌گونه‌ای که بالای هشتاد درصد QTL‌ها روی ژنوم A قرار داشتند. در این ژنوم نیز اکثر QTL‌ها روی کروموزوم 3A واقع شده بودند. بنابراین، به‌نظر می‌رسد که این کروموزوم نقش تعیین‌کننده در کنترل صفات طول سنبله، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن سنبله داشته باشد. به‌علاوه، نتایج نشان داد که جمعیت حاصل از تلاقی رقم *Yecora Rojo* و ژنوتیپ No.49 برای شناسایی QTL‌های گندم یک جمعیت در حال تفرق مناسب به‌شمار می‌رود. با توجه به این که QTL‌های شناسایی شده در این پژوهش با تبیین درصد بالاتری از تغییرات فنوتیپی صفات مورد مطالعه، به‌عنوان QTL‌های بزرگ اثری شناخته شدند که نشانگرهای پیوسته با این

سانتی‌مورگان قرار داشت. مقدار اثر افزایشی این QTL برابر ۰/۲۸ و LOD آن برابر ۲/۲۳ بود. مجموع سهم واریانس فنوتیپی توجیه‌شده به‌وسیله QTL مربوط به طول سنبله ۶ درصد بود. (Sourdille et al. 2003) یک QTL برای طول سنبله در یک جمعیت دیگر گزارش کردند که روی کروموزوم 2D با نشانگر *Xgm261* پیوستگی داشت. همچنین، (Mohammadi et al. 2005) دو QTL بر روی کروموزوم‌های 2D و 6B برای صفت طول سنبله مکان‌یابی کردند که ۱۶/۸ درصد تغییرات این صفت را تبیین می‌کردند. بر روی کروموزوم 4A یک QTL برای صفت طول ریشک مکان‌یابی شد. این QTL در موقعیت ۸/۳۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. QTL مکان‌یابی شده در بین دو نشانگر *Barc170* و *Gwm397* قرار داشت و مقدار اثر افزایشی و LOD آن به ترتیب برابر ۰/۱۸ و ۲/۱۱ بود. الی افزایش‌دهنده این جایگاه از طریق والد *Yecora Rojo* در نتاج به ارث رسیده بود. برای طول برگ پرچم یک QTL روی کروموزوم 3A شناسایی شد که در بین نشانگرهای *Gwm2* و *Barc45* و در موقعیت ۰/۰۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. این QTL با نام *QFL3A* دارای اثر افزایشی ۰/۴۳ بود و مقدار LOD آن برابر ۲/۰۴ برآورد شد. QTL منفرد فوق ۵ درصد از کل واریانس طول برگ پرچم را توجیه می‌کرد. برای طول برگ پرچم اثر افزایشی مثبت QTL‌های مکان‌یابی شده نشان‌دهنده توارث الی مطلوب در این جایگاه از والد *Yecora Rojo* به نتاج بود. در مطالعه حاضر برای تعداد سنبله دو QTL با نام‌های *QSN2A* و *QSN2D* روی کروموزوم‌های 3A و 2D در موقعیت‌های ۱/۶۰ و ۵ سانتی‌مورگان شناسایی شد. (Mahdinejad et al. 2014) نیز یک جایگاه واجد QTL برای صفت تعداد سنبله شناسایی کردند.

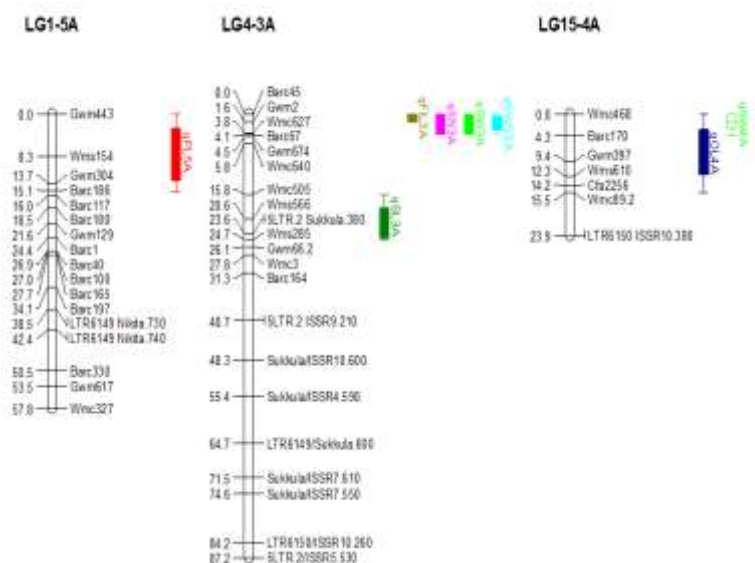
سه QTL، *QSW3A*، *QSW4A* و *QSW3A* برای صفت وزن سنبله روی کروموزوم‌های 3A، 4A و 3A به ترتیب با اثر افزایشی برابر ۰/۰۷، ۰/۰۷- و ۰/۱۲- شناسایی شد که در موقعیت‌های ۱/۰۰، ۲/۰۱ و ۱۷/۵۰ قرار داشتند و مقدار LOD آن‌ها برابر ۲/۱۳، ۲/۰۱ و ۴/۲۹ بود. از بین سه QTL شناسایی شده برای وزن سنبله، *QSW7D* با بیشترین LOD نسبت به سایر QTL‌های انفرادی این صفت و سایر صفات مورد مطالعه قوی‌ترین QTL شناسایی شده بود. افزایش تعداد دانه در سنبله راهکاری قابل توصیه برای

بیان QTL ها مشخص شود. هم چنین، با توجه به احتمال وجود اثر متقابل بین QTL و محیط، پیشنهاد می شود، تجزیه QTL در چند سال و مکان صورت گیرد تا اثر متقابل QTL ها با محیط نیز مشخص شود.

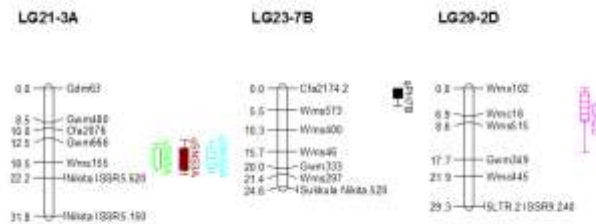
QTL ها به ویژه QTL های وزن سنبله، تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله در صورت تایید مجدد می تواند در گزینش به کمک نشانگر و انتقال آلل های مطلوب به کار گرفته شوند. QTL های شناسایی شده در این تحقیق باید در توده های در حال تفرق یا جمعیت های نقشه یابی دیگر نیز مورد بررسی قرار گیرند تا اثر زمینه ژنتیکی در

جدول ۲- جایگاه ژنومی QTL های صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی و نشانگرهای مولکولی پیوسته با آن در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora No.49 و ژنوتیپ Rojo

صفت	کروموزوم	نام QTL	نشانگر راست	نشانگر چپ	موقعیت (cM)	LOD	اثرات افزایشی	R ² (%)
ارتفاع بوته	7B	<i>QPH7B</i>	Cfa2174.2	Wms573	۰/۰۰	۲/۴۲	۲/۱۷	۶/۲۶
طول پدانکل	5A	<i>QPL5A</i>	Gwm304	Gwm443	۸/۳	۲/۰۳	-۱/۰۵	۵/۲۹
طول سنبله	3A	<i>QSL3A</i>	5LTR.2/Sukkula	Wms566	۲۲/۶۰	۲/۲۳	۰/۲۸	۶/۴۵
طول ریشک	4A	<i>QOL4A</i>	Gwm397	Barc170	۸/۳۰	۲/۱۱	۰/۱۸	۶/۵۳
طول برگ پرچم	3A	<i>QLL3A</i>	Gwm2	Barc45	۰/۰۰	۲/۰۴	۰/۴۳	۵/۲۴
تعداد سنبله	3A	<i>QSN3A</i>	Wmc627	Barc45	۱/۶۰	۲/۳۲	۰/۴۱	۵/۸۵
	2D	<i>QSN2D</i>	Wms102	Wmc18	۵/۰۰	۲/۲۵	۴۷/۷۰	۷/۵۳
	3A	<i>QSW3A</i>	Gwm2	Barc45	۱/۰۰	۲/۱۳	۰/۰۷	۵/۷۰
وزن سنبله	4A	<i>QSW4A</i>	Barc170	Wmc468	۰/۰۰	۲/۰۱	-۰/۰۷	۴/۹۳
	3A	<i>QSW3A</i>	Wms155	Gwm666	۱۷/۵۰	۴/۲۹	-۰/۱۲	۱۳/۶۳
تعداد دانه در سنبله	3A	<i>QSNS3A</i>	Nikita/ISSR5.620	Gwm666	۱۸/۵۰	۳/۰۴	-۱/۶۵	۷/۸۶
وزن دانه در سنبله	3A	<i>QSW3A</i>	Gwm2	Barc45	۱/۰۰	۲/۸۹	۰/۰۷	۸/۱۰
	3A	<i>QSW3A</i>	Wms155	Gwm666	۱۷/۵۰	۴/۰۰	-۰/۰۸	۱۲/۴۹



شکل ۲- نقشه پیوستگی نشانگرهای مولکولی مطالعه شده در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49



ادامه شکل ۲

سپاسگزاری

از آقایان دکتر بهنام فیروزی دانش آموخته دانشگاه محقق اردبیلی و مهندس آرمن واحد رضایی دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی

گیاهی دانشگاه محقق اردبیلی بخاطر ارائه نظرات سازنده سپاسگزاری می‌شود.

منابع

- Börner A, Schumann E, Fürste A, Cöster H, Leithold B, Röder M, Weber W (2002) Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 105:921-936.
- Bryan G, Collins A, Stephenson P, Orry A, Smith J, Gale M (1997) Isolation and characterisation of microsatellites from hexaploid bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 94:557-563.
- Chu CG, Xu S, Friesen T, Faris J (2008) Whole genome mapping in a wheat doubled haploid population using SSRs and TRAPs and the identification of QTL for agronomic traits. *Molecular breeding* 22:251-266
- Cuthbert JL, Somers DJ, Brûlé-Babel AL, Brown PD, Crow GH (2008) Molecular mapping of quantitative trait loci for yield and yield components in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 117:595-608.
- Ehdaie B, Mohammadi SA, Nouraein M (2016) QTLs for root traits at mid-tillering and for root and shoot traits at maturity in a RIL population of spring bread wheat grown under well-watered conditions. *Euphytica* 211:17-38.
- Fakheri, B, Babaki A (2014) Mapping genomic regions controlling physiological and morphological traits associated with seedling stage of bread wheat under normal and osmotic stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science* 45:119-133.
- Falconer D, MacKay T (1996) *Introduction to quantitative genetics*. Burnt Mill, Harlow, UK: Longman Scientific and Technical.
- FAO (2017) FAOSTAT. Agriculture Organization of the United Nations Statistical Database (<http://www.fao.org>). Ultima consulta 26.
- Gaju O, Reynolds M, Sparkes D, Foulkes M (2009) Relationships between large-spike phenotype, grain number, and yield potential in spring wheat. *Crop Science* 49:961-973.
- Gill KS, Gill BS, Endo TR, Boyko EV (1996) Identification and high-density mapping of gene-rich regions in chromosome group 5 of wheat. *Genetics* 143:1001-1012.
- Hamza H, Asghari A, Mohammadi SA, Sofalian O, Mohammadi S, Nouraein M, Khalili M (2019) Mapping main and epistatic QTL and their interaction with environment for traits related to spike characteristics in recombinant inbred lines of spring wheat 8:81-91.
- Huang X, Cöster H, Ganai M, Röder M (2003) Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 106:1379-1389.
- Ignaciuk A, Mason-D'Croz D (2014) Modelling adaptation to climate change in agriculture.
- Kato K, Miura H, Sawada S (2000) Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 101:1114-1121.
- Li W, Chen Z (2009) Multiple-interval mapping for quantitative trait loci with a spike in the trait distribution. *Genetics* 182:337-342.
- Liu BH (2017) *Statistical genomics: linkage, mapping, and QTL analysis*, CRC press.
- Ma Z, Zhao D, Zhang C, Zhang Z, Xue S, Lin F, Kong Z, Tian D, Luo Q (2007) Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F2 populations. *Molecular Genetics and Genomics* 277:31-42.

- Mahdinejad N, Omid M, Jalalkamali M, Naghavi M, Fakheri B (2014) QTL analysis of some phenological and morphological traits in Babax and Seri M82 recombinant inbred line population of wheat during salinity stress 9:207-218.
- Marza F, Bai GH, Carver B, Zhou WC (2006) Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840× Clark. *Theoretical and Applied Genetics* 112:688-698.
- Mohammadi V, Ghanadha M, Zali A, Yazdi Samadi B, Byrne P, (2005) Mapping QTLs for morphological traits in wheat. *Iranian Journal of Agricultural Science* 36:145-157.
- Reif JC, Liu W, Gowda M, Maurer HP, Möhring J, Fischer S, Schechert A, Würschum T (2010) Genetic basis of agronomically important traits in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) investigated with joint linkage association mapping. *Theoretical and Applied Genetics* 121:1489-1499.
- Röder MS, Plaschke J, König SU, Börner A, Sorrells ME, Tanksley SD, Ganal MW (1995) Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Molecular and General Genetics MGG* 246:327-333.
- Sourdille P, Cadalen T, Guyomarç'h H, Snape J, Perretant M, Charmet G, Boeuf C, Bernard S, Bernard M (2003) An update of the Courtot× Chinese Spring intervarietal molecular marker linkage map for the QTL detection of agronomic traits in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 106:530-538.
- Tautz D, Trick M, Dover GA (1986) Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. *Nature* 322:652-656.
- Xie D, Devos K, Moore G, Gale M (1993) RFLP-based genetic maps of the homoeologous group 5 chromosomes of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*.
- Zeng ZB (1994) Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics* 136:1457-1468.
- Zohary D, Hopf M (2000) Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley, Oxford University Press.