



مکان‌یابی QTL‌های عملکرد و اجزای عملکرد دانه در لاین‌های خالص حاصل از تلاقی ارقام روشن و

فلات گندم نان (*Triticum aestivum* L.) در شرایط کم‌آبی

مریم درانی نژاد^۱، قاسم محمدی نژاد^{۲*}، بابک ناخدا^۳

^۱دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات و عضو انجمن پژوهشگران جوان دانشگاه شهید باهنر کرمان.

^۲دانشیار اصلاح نباتات، قطب علمی تنش‌های محیطی در غلات، دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان.

^۳استادیار اصلاح نباتات، بخش فیزیولوژی مولکولی، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، کرج.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۰۴/۲۱، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۱۱/۰۱

چکیده

با هدف شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد دانه در گندم نان در شرایط کم‌آبی با استفاده از روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب جامع (ICIM)، ۳۰۵ لاین خالص نسل F₈ گندم حاصل از تلاقی ارقام روشن و فلات به همراه چهار شاهد روشن، فلات، مهدوی و شاه پسند در قالب طرح آگمنت بررسی شدند. به منظور اعمال تنش، آبیاری در مرحله سنبله‌دهی قطع گردید و عملکرد دانه به همراه برخی صفات زراعی مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج تجزیه واریانس نشان داد بین لاین‌های مورد مطالعه از نظر تمامی صفات مورد نظر تفرق قابل توجهی وجود دارد. نقشه ژنتیکی با استفاده از ۸۰۸ نشانگر دارت ایجاد شد. طول نقشه ۵۳۹۵/۶۹ سانتی‌مورگان با متوسط فاصله ۷ سانتی‌مورگان بین نشانگرهای مجاور بود. در مجموع تعداد ۲۴ QTL روی ۱۳ کروموزوم مختلف برای ۱۲ صفت با اثر افزایشی مکان‌یابی شد. چهار QTL، ضریب تبیین بالای ۱۰ درصد داشتند. مکان ژنی qAL6A به عنوان یک QTL بزرگ‌اثر برای صفت طول ریشک شناسایی شد که به تنهایی ۲۶/۲۴ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه کرد. ۱۷/۱۵ درصد از واریانس فنوتیپی صفت طول پدانکل توسط qPL4B توجیه شد. این QTL با یکی از QTL‌های کنترل‌کننده صفت طول غلاف برگ پرچم در موقعیت کروموزومی تقریباً یکسان قرار داشت، این امر می‌تواند ناشی از اثر پلیوتروپی یا به دلیل پیوستگی ژن‌های کنترل‌کننده دو صفت باشد. نواحی ژنومی بزرگ‌اثر مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد دانه در شرایط کم‌آبی پس از تعیین اعتبار می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی و انتخاب به کمک نشانگر برای ایجاد ارقام پرمعملکرد و متحمل مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: تنش رطوبتی، گندم نان، QTL.

مقدمه

آزمایش که در دو شهر کرمان و یزد انجام شد QTLهایی برای صفت تعداد دانه در سنبله واقع بر کروموزومهای ۱A، ۱B، ۱D، ۲A، ۲B، ۳A، ۳B، ۴A، ۵B، ۶A، ۶B و ۷A و ۷B برای وزن هزاردانه روی کروموزومهای ۲B، ۲D، ۳B، ۴A، ۵A و ۷D، برای صفت طول سنبله روی کروموزومهای ۴B و ۷A و برای عملکرد بیولوژیک دو QTL روی کروموزوم ۲D گزارش شد (Azadi et al., 2014). در پژوهشی با هدف نقشه‌یابی QTLهای کنترل‌کننده صفات مورفولوژیکی در گندم سه QTL برای صفت ارتفاع بوته واقع بر کروموزومهای ۲B، ۴B و ۴D شناسایی شد که ۴۱ درصد از واریانس فنوتیپی ارتفاع بوته را توجیه می‌کردند. سه QTL هم در همین مکان‌های ژنی برای صفت طول پدانکل گزارش شد که ۲۴/۱ درصد از تنوع فنوتیپی طول پدانکل را توجیه کردند. همچنین در این پژوهش دو QTL برای صفت طول سنبله روی کروموزومهای ۲D و ۶B مکان‌یابی شد که ۱۶/۸ درصد از تغییرات این صفت را توجیه می‌نمود (Mohammadi et al., 2005). در پژوهشی دیگر هفت QTL بزرگ اثر مرتبط با وزن هزاردانه واقع بر کروموزومهای ۱B، ۲A، ۲D، ۶A و ۷A مکان‌یابی شد (Wei et al., 2014). نتایج بررسی‌های مولکولی برای یافتن ژن‌های کنترل‌کننده صفات مهم زراعی در گندم، تعدادی QTL کنترل‌کننده صفت ارتفاع بوته را روی کروموزوم ۳A نشان داد (Shah et al., 1999). طی یک

گندم یکی از مهم‌ترین محصولات غذایی است که ۴۰ درصد از انرژی و غذای موردنیاز مردم جهان را تامین می‌کند. با افزایش جمعیت جهان تقاضای جهانی برای گندم قبل از سال ۲۰۲۰ تا ۴۰ درصد افزایش خواهد یافت (Wei et al., 2014). خشکی یکی از موانع جدی برای تولید محصولات کشاورزی در جهان است (Mir et al., 2012). بیش از ۴۵ درصد از زمین‌های کشاورزی در مناطق خشک قرار گرفته است (Ashraf & Foolad, 2007). کاهش نزولات جوی در سال‌های اخیر و افزایش تقاضا برای گندم، تولید ارقامی از گندم با پتانسیل عملکرد بالا و متحمل به خشکی را ضروری می‌نماید. استفاده از برنامه‌های به‌نژادی برای بهبود ژنتیکی تحمل به خشکی بر اساس عملکرد و پایداری آن در سال‌ها و مکان‌های متفاوت وقت‌گیر می‌باشد لذا گزینش را براساس سایر صفات انجام داده (Manickavelu et al., 2006). بدین منظور نیازمند اطلاعاتی در خصوص محل و اثر مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این صفات بوده تا بتوان با دست‌کاری آن‌ها، صفت مورد نظر را بهبود بخشید. جهت شناسایی این صفات می‌توان از روش گزینش به وسیله نشانگر استفاده کرد (Cattivelli et al., 2008). استفاده از نشانگرهای مولکولی پیوسته با صفات کمی و کیفی مرتبط با عملکرد در سال‌های اخیر کمک شایانی به متخصصان اصلاح نبات نموده است. در یک

بررسی در گندم نان QTLهایی برای ارتفاع بوته روی کروموزومهای ۲A و ۲B و برای وزن دانه روی کروموزومهای ۱A، ۲B و ۷A شناسایی شد (Gupta et al., 2007). نتایج یک مطالعه در گندم نان مکانهای ژنی کنترلکننده صفت تعداد دانه در سنبله را روی کروموزومهای ۲D و ۴A و برای صفت ارتفاع بوته روی کروموزومهای ۱A، ۲D، ۴A و ۶A نشان داد (Borner et al., 2002). با توجه به اهمیت گندم در تغذیه بشر و کاهش تولید آن به دلیل اقلیم خشک و نیمه‌خشک کشور و کاهش بارندگی در سال‌های اخیر، تولید ارقامی از گندم با پتانسیل عملکرد بالا و متحمل به خشکی دارای اهمیت بسیار زیادی می‌باشد. از آنجایی که عملکرد یک صفت کمی است و به دلیل پلی‌ژن بودن از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار می‌باشد، مطلوب است جهت بهبود عملکرد، گزینش از طریق سایر صفات انجام گیرد. بنابراین شناسایی ژن‌های کنترلکننده عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد در شرایط کم‌آبی به منظور اصلاح ژنتیکی گندم مهم می‌باشد. در این راستا، این مطالعه با هدف مکان‌یابی ژن‌های کنترلکننده عملکرد و اجزای عملکرد در شرایط کم‌آبی در یک جمعیت لاین خالص حاصل از تلاقی گندم رقم روشن با رقم فلات انجام شد.

مواد و روش‌ها

مطالعه حاضر به منظور شناسایی مکان‌های ژنی مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد در ۳۰۵ لاین خالص نسل F₈ حاصل از تلاقی ارقام

روشن و فلات گندم نان انجام شد. لاین‌ها به همراه چهار شاهد روشن، فلات، مهدوی و شاه-پسند در قالب طرح آگمنت با ۱۷ بلوک در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه شهید باهنر کرمان در سال زراعی ۹۳-۱۳۹۲ کشت شدند. این منطقه دارای طول جغرافیایی ۵۷ درجه و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه بوده و در ارتفاع ۱۷۵۶ متری از سطح دریا قرار دارد. بافت خاک آن از نوع لومی شنی با اسیدیته ۷/۹ و هدایت الکتریکی ۲/۱۱ دسی زیمنس بر متر می‌باشد. مراقبت‌های لازم در طول دوره رشد مانند کوددهی، وجین علف‌های هرز با دست صورت گرفت. به منظور اعمال تنش قطع آبیاری در مرحله سنبله‌دهی صورت گرفت. صفات طول دوره پرشدن دانه، وزن دانه‌های سنبله اصلی، تعداد دانه‌های سنبله اصلی، وزن دانه‌های تک بوته، تعداد دانه‌های تک بوته، وزن کاه، وزن هزار دانه، تعداد سنبله در بوته، وزن سنبله اصلی، تعداد گره، ارتفاع بوته، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، طول غلاف برگ پرچم، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، وزن تک بوته، عملکرد بیولوژیک و اقتصادی در واحد سطح و شاخص برداشت مورد ارزیابی قرار گرفتند. در تهیه نقشه ژنتیکی برای این جمعیت، از اطلاعات مولکولی ۸۵۸ نشانگر دارت استفاده شد که ۸۰۸ نشانگر پلی مورفیسم بین والدین نشان دادند. تهیه نقشه و تجزیه QTL با استفاده از نرم‌افزار ICIM (Inclusive composite interval mapping) و بر اساس مکان‌یابی

های B1، A2، D2، A5، B5، A7 و D7 با یک QTL مکان‌یابی شدند. برای نیمی از صفات مورد مطالعه، بیش از یک QTL شناسایی شد که نشان‌دهنده ماهیت چندژنی بودن این صفات است (جدول ۲). بیشترین QTL های کنترل‌کننده صفات مورد مطالعه در این جمعیت بر روی ژنوم B مکان‌یابی شدند که می‌تواند با شرایط موجود نشان‌دهنده نقش بالای این ژنوم در شرایط کم‌آبی باشد.

QTL های طول ریشک: برای صفت طول

ریشک سه QTL شناسایی شد. qAL6A به عنوان یک QTL بزرگ‌اثر با $LOD=18/96$ به تنهایی ۲۶/۲۴ درصد از واریانس این صفت را توجیه کرد. این QTL دارای اثر افزایشی ۱/۴- می‌باشد که در فاصله ۲۲۶/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارد و از آنجایی که والد روشن بدون ریشک می‌باشد، لذا اثر کاهشنده این QTL مربوط به الل‌های والد روشن می‌باشد. qAL1D و qAL3B با LOD بالای ۲/۵ به ترتیب ۳/۸ و ۴/۲ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این دو QTL به ترتیب با اثر افزایشی ۰/۶۴ و ۰/۵۹ در فاصله ۴۲/۵ و ۴۳۱/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارند. اثر افزایشنده این دو QTL، مربوط به الل‌های والد فلات می‌باشد. حدود ۳۴/۲۴ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت در جمعیت مورد مطالعه ناشی از اثر الل‌های این سه QTL می‌باشد.

فاصله‌ای مرکب جامع انجام شد. آستانه LOD برای شناسایی QTL ها ۲/۵ در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد دو والد صرفاً از نظر سه صفت وزن کاه، ارتفاع بوته و طول ریشک اختلاف معنی‌دار داشتند، اما بین لاین‌های مورد مطالعه از نظر تمامی صفات مورد نظر تفرق قابل توجهی دیده شد (جدول ۱)، دلیل این امر می‌تواند پخشیدگی ژنی باشد، بدین معنی که در هر یک از والدین، ترکیب مکان‌های ژنی با اثرات افزایشی مثبت و منفی به گونه‌ای است که در نهایت اثرات یکدیگر را خنثی و در حد معین ثابت نگه می‌دارند. در اثر تفرق این مکان‌های ژنی و به وجود آمدن ترکیبات جدیدتر، تفرق فرارونده و توزیع صفت اتفاق می‌افتد و در نهایت احتمال مکان‌یابی QTL بالا می‌رود (Fotokian et al., 2010). نقشه ژنتیکی این جمعیت با استفاده از ۸۰۸ نشانگر DArT ایجاد شد که ۵۳۹۵/۶۹ سانتی‌مورگان از ژنوم را پوشش داد، به طور متوسط هر ۷ سانتی‌مورگان یک نشانگر استفاده شد. در مجموع تعداد ۲۴ QTL واقع بر ۱۳ کروموزوم مختلف برای ۱۲ صفت مکان‌یابی شد. همه QTL های شناسایی شده اثر افزایشی داشتند، حدود ۳۳ درصدشان با اثر افزایشی منفی بودند. از QTL های شناسایی شده، چهار QTL، ضریب تبیین بالای ۱۰ درصد داشتند. حداکثر تعداد QTL در کروموزوم B ۴ با چهار QTL و حداقل تعداد QTL در کروموزوم-

درانی نژاد و همکاران، ۱۳۹۵

جدول ۱- میانگین والدین و بیشینه و کمینه جمعیت برای صفات مورد مطالعه.

Table 1- Mean of parents and max and min of population for under studied traits.

میزان LSD	ضریب پراکندگی coefficient of variation	کمینه جمعیت Population min	بیشینه جمعیت Population max	میانگین والدین Mean of parents		صفات Traits
				روشن Roshan	فلات Falat	
8.94	0.08	24.04	46.54	39.45	38.31	طول دوره پرشدن دانه Grain filling period
47.74	0.03	18.00	101.00	49.11	67.78	تعداد دانه‌های سنبله اصلی Grain No. of main spike
5.88	0.15	1.1	10.57	13.56	4.37	وزن کاه (تن در هکتار) Straw weight (ton/ha)
15.78	0.16	17.09	56.13	44.44	31.50	وزن هزاردانه (گرم) Thousand-grain weight (g)
29.67	0.1	71.99	169.24	136.11	89.56	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)
11.41	0.05	14.00	34.50	21.06	23.25	طول برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf length (cm)
0.64	0.08	1.00	2.70	1.87	1.92	عرض برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf width (cm)
6.4	0.07	15.50	33.00	23.33	19.56	طول غلاف برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf sheath length (cm)
14.51	0.14	23.03	65.40	45.43	33.13	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length
4.33	0.08	8.50	18.00	12.68	12.58	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)
5.85	0.52	0.00	19.00	1.00	7.82	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length (cm)
0.13	0.23	0.05	0.72	0.36	0.45	شاخص برداشت Harvest Index

میزان LSD : LSD محاسبه شده بر اساس تجزیه واریانس شاهدها برای مقایسه والدین و لاین‌ها.

2010). در بررسی دیگری در گندم نان نشانگرهای پیوسته به QTL برای صفت وزن هزاردانه روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 2D، 5B، 5D، 6D و 7B شناسایی شد (Mir Drikvand et al., 2015).

QTL‌های طول پدانکل: دو QTL برای

طول پدانکل با مقادیر LOD به ترتیب ۹/۴ و ۲/۷ در موقعیت‌های ۷۶ و ۱۷۴/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم‌های 4B و 6B با اثر افزایشی ۳/۷۳ و ۱/۵۷- مکان‌یابی شدند. اثر افزایشنده qPL4B، مربوط به الل‌های والد روشن و اثر کاهشنده qPL6B مربوط به الل‌های والد فلات می‌باشد. این دو QTL جمعاً ۲۱/۵۶ درصد از واریانس فنوتیپی مربوط به این صفت را توجیه کردند. مکان ژنی qPL4B با یکی از QTL‌های صفت طول غلاف برگ پرچم در یک منطقه کروموزوم 4B قرار دارند، قرارگیری در موقعیت کروموزومی تقریباً یکسان این دو QTL می‌تواند ناشی از پلیوتروپی باشد یا در اثر پیوستگی ژن‌های کنترل‌کننده دو صفت مورد نظر باشد. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بالای این دو صفت ($r_g=0/71$ و $r_{ph}=0/62^{**}$) و انطباق محل کروموزومی این دو QTL تاییدکننده یکدیگر می‌باشند. در یک مطالعه QTL‌های کنترل‌کننده طول پدانکل در گندم روی کروموزوم‌های 2D، 4B و 5D گزارش شد (Heidari et al., 2012).

QTL‌های طول برگ پرچم: برای این

صفت چهار QTL شناسایی شد. دو عدد مستقر

سهم سایر عوامل ناشناخته محیطی و همچنین سهم سایر QTL‌های با LOD کمتر از ۲/۵ که در جدول ۲ ارائه نشده است، در تنوع فنوتیپی این صفت حدود ۶۵ درصد بوده است (Fotokian et al., 2010). در پژوهشی QTL‌های کنترل‌کننده صفت طول ریشک را روی کروموزوم‌های 4A و 6B شناسایی کردند (Sourdille et al., 2002).

QTL‌های وزن هزاردانه: سه QTL برای

وزن هزاردانه مکان‌یابی شد. qTGW3B با $LOD=7$ ، ۱۳/۷۹ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه کرد که دارای اثر افزایشی ۳/۰۵- و در فاصله ۳۹/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارد و منشا آن الل‌های والد فلات می‌باشد. qTGW2B و qTGW4B با LOD بالای ۲/۵ به ترتیب ۴/۴ و ۷/۳ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این دو QTL به ترتیب با اثر افزایشی ۱/۵۳ و ۱/۹۹ در فاصله ۱۰۵/۵ و ۱۲ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارند. منشا این دو QTL، الل‌های والد روشن می‌باشد از آنجایی که صفت وزن هزاردانه از اجزای اصلی عملکرد دانه می‌باشد لذا با انتخاب ژنوتیپ‌های دارای وزن هزاردانه بیشتر می‌توان به ارقام با عملکرد بالا دسترسی پیدا کرد. در یک بررسی در جمعیت لاین‌های نوترکیب گندم نان ده QTL شناسایی شده برای صفت وزن هزاردانه واقع بر کروموزوم‌های 1D، 2B، 2D، 4B، 5B و 5D گزارش شد (Ramya et al.,

بر روی کروموزوم ۲B که در فاصله ۹۸ و ۲۳۳/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارند. منشاء آن‌ها به ترتیب الل‌های والد روشن و الل‌های والد فلات می‌باشد. QTL سوم بر روی کروموزوم ۲D و در فاصله ۷۶/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم واقع است و مربوط به والد فلات می‌باشد. QTL چهارم بر روی کروموزوم ۵B و در فاصله ۱۴۹/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارد و مربوط به والد فلات می‌باشد. این چهار QTL جمعاً ۱۹/۹ درصد از تغییرات فنوتیپی طول برگ پرچم را توجیه کردند. در پژوهشی QTL های کنترل‌کننده طول برگ پرچم واقع بر کروموزوم‌های ۳B و ۵B مکان‌یابی شدند (Mason et al., 2010).

۹۱/۵۱ واقع بر کروموزوم ۱D تشخیص داده شد که در فاصله ۸۶/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارد و تأثیر بسیار زیادی روی این صفت دارد به طوری که ۱۶/۶ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه کرد. منشا این QTL الل‌های والد روشن می‌باشد.

QTL های طول سنبله: دو مکان ژنی برای

طول سنبله روی کروموزوم‌های ۱B و ۳B با LOD بالای ۲/۵ به ترتیب با ضریب تبیین ۶/۱۷ و ۹/۰۳ درصد، اثر افزایشی ۰/۴۱ و ۰/۵۵- شناسایی شدند. این دو QTL در فاصله ۲۰۳ و ۱۳۶/۵ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم قرار دارند. منشاء qSpL1B والد روشن و منشاء qSpL3B والد فلات می‌باشد. در یک بررسی QTL‌هایی برای طول سنبله بر روی کروموزوم‌های ۱B، ۴A و ۵A مکان‌یابی شد (Borner et al., 2002). در مطالعه دیگر QTL‌هایی برای این صفت بر روی کروموزوم‌های ۱A، ۱B، ۱D، ۲D، ۴A، ۵A و ۵D شناسایی شد (Gupta et al., 2007).

QTL های طول غلاف برگ پرچم: ۱۳/۷۹

درصد از تنوع فنوتیپی این صفت توسط دو QTL مکان‌یابی شده توجیه شد که به ترتیب با اثر افزایشی ۰/۶۱- و ۰/۸۴، ضریب تبیین ۵/۶۹ و ۸/۱ درصد، با فاصله ۱۳۰ و ۷۴ سانتی‌مورگان از ابتدای کروموزوم ۱D و ۴B قرار دارند. اثر کاهنده qFLSL1D مربوط به الل‌های والد فلات و اثر افزایشنده qFLSL4B مربوط به الل‌های والد روشن می‌باشد. برای هر یک از صفات تعداد دانه‌های

QTL های ارتفاع بوته: برای صفت ارتفاع

بوته سه QTL مستقر در کروموزوم‌های ۴B، ۵A و ۷A با LOD بالای ۲/۵ مکان‌یابی شد. این QTL‌ها به ترتیب دارای اثر افزایشی ۵/۳۶، ۴/۳۸ و ۳/۴۱ بودند و در مجموع ۱۹/۴۸ درصد از تنوع فنوتیپی ارتفاع بوته را توجیه کردند. با توجه به اینکه والد روشن از نظر ارتفاع بلندتر از والد فلات می‌باشد نتیجه می‌گیریم اثر افزایشنده این سه QTL مربوط به الل‌های والد روشن می‌باشد که باعث افزایش ارتفاع بوته شده است. در مطالعه‌ای QTL‌های مرتبط با ارتفاع بوته واقع بر کروموزوم‌های ۴B، ۴D، ۷A و ۷B گزارش شدند (Sourdille et al., 2002).

QTL وزن کاه: برای صفت وزن کاه یک

QTL بزرگ‌اثر با LOD=۱۱/۳۶ و اثر افزایشی

شدند (Mason *et al.*, 2010). در پژوهشی دیگر QTL های مرتبط با دوره پرشدن دانه بر روی کروموزوم های ۳B، ۵A، ۶A و ۷A تشخیص داده شدند (Golabadi *et al.*, 2012). در مطالعه‌ای دیگر QTL های مرتبط با زمان پرشدن دانه بر روی کروموزوم های ۵A و ۵B مکان‌یابی شدند (Borner *et al.*, 2002).

شناسائی نواحی ژنومی بزرگ‌اثر مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد دانه در شرایط تنش خشکی پس از تعیین اعتبار می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی و انتخاب به کمک نشانگر برای ایجاد ارقام پرعملکرد و متحمل مورد استفاده قرار گیرد.

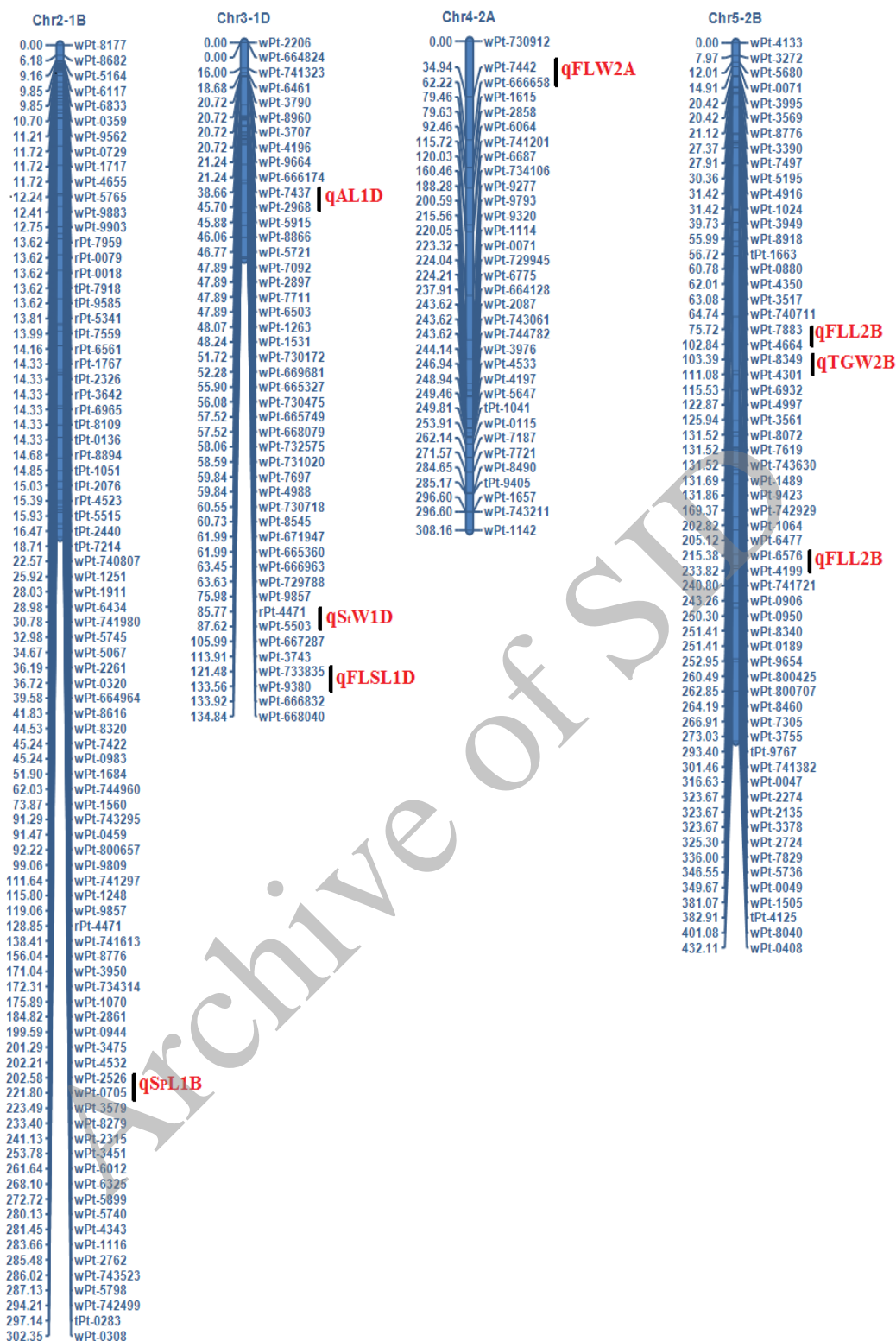
سنبله اصلی، شاخص برداشت، عرض برگ پرچم و طول دوره پرشدن دانه یک QTL با مشخصات مندرج در جدول ۲ شناسایی شد. طی یک بررسی در گندم نان برای صفت تعداد دانه‌های سنبله اصلی QTL هایی واقع بر کروموزوم های ۱A، ۱B، ۲B، ۲D، ۳B، ۳D و ۷D و برای شاخص برداشت روی کروموزوم های ۲D، ۳B، ۴B و ۶A مکان‌یابی شد (Gupta *et al.*, 2007).

همچنین در یک بررسی دیگر QTL های کنترل‌کننده عرض برگ پرچم روی کروموزوم های ۱D، ۲B و ۷A و طول دوره پرشدن دانه روی کروموزوم های ۱B، ۲A و ۲D شناسایی

جدول ۲- جایگاه‌های کروموزومی شناسایی شده برای صفات مختلف در شرایط کم‌آبی با استفاده از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب جامع ICIM.

Table 2- Identified QTLs for different traits under limited irrigation condition using ICIM method.

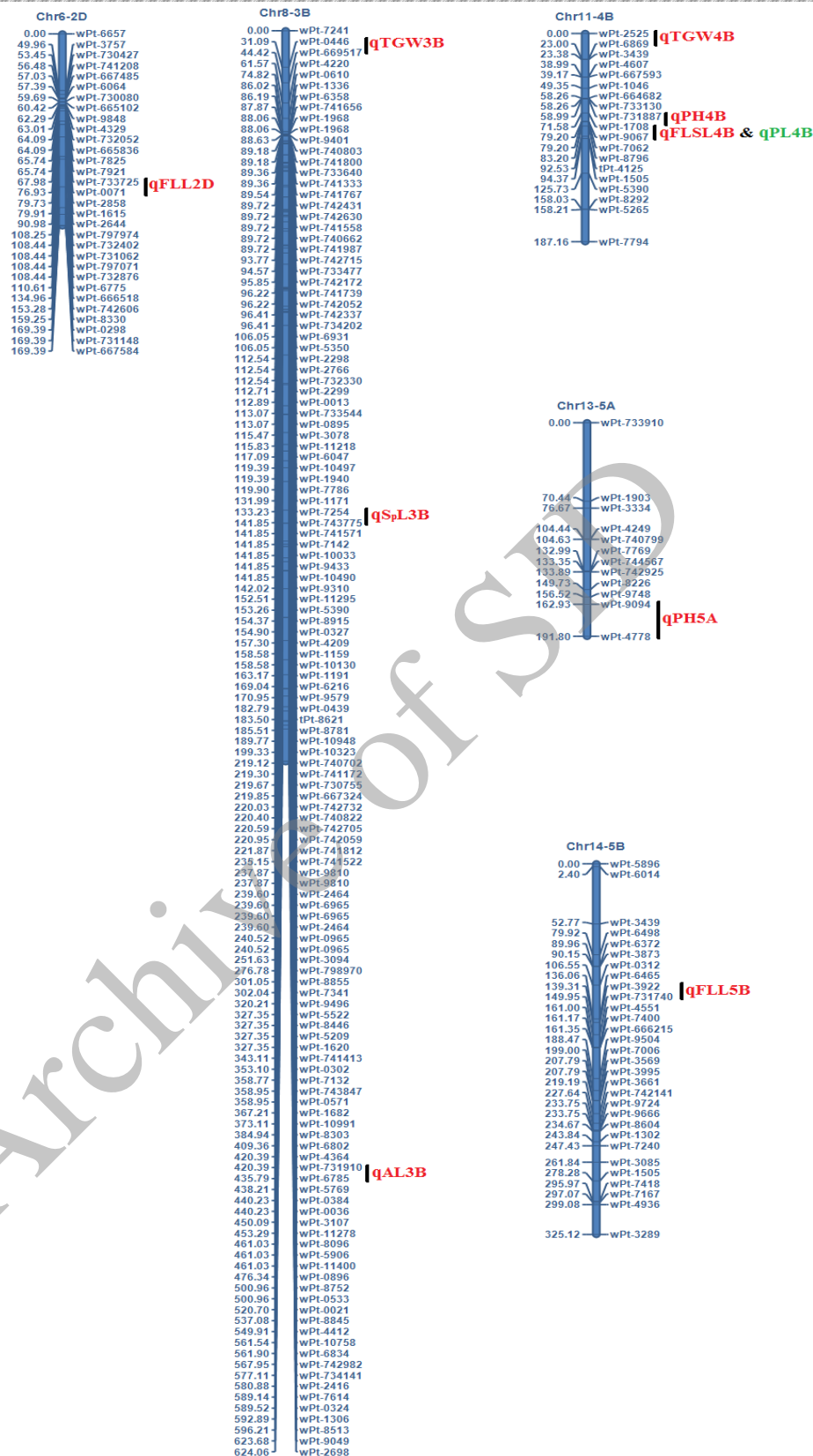
اثر افزایشی Additive Effect	درصد واریانس Variance Percentage	LOD	موقعیت (سانتی مورگان) Position (cM)	نشانهگر چپ Left Marker	نشانهگر راست Right Marker	کروموزوم Chromosome	صفات Traits
1.1087	4.2	2.75	36.5	wPt-663984	wPt-664022	21	طول دوره پرشدن دانه Grain filling period
-3.6850	7.14	3.79	222.5	wPt-671760	wPt-5730	16	تعداد دانه‌های سنبله اصلی Grain No. of main spike
91.5056	16.61	11.36	86.5	rPt-4471	wPt-5503	3	وزن کاه (تن در هکتار) Straw weight (ton/ha)
1.5344	4.4	2.76	105.5	wPt-8349	wPt-4301	5	وزن هزاردانه (گرم) Thousand-grain weight (g)
-3.0510	13.79	6.99	39.5	wPt-0446	wPt-669517	8	
1.9943	7.28	2.89	12	wPt-2525	wPt-6869	11	
5.3579	7.87	4.46	68.5	wPt-731887	wPt-1708	11	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)
4.3809	6.92	4.08	165.5	wPt-9094	wPt-4778	13	
3.4073	4.69	3.23	47	wPt-2525	wPt-0961	19	
-0.9598	7.07	3.77	98	wPt-7883	wPt-4664	5	طول برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf length (cm)
0.6778	3.54	2.64	233.5	wPt-6576	wPt-4199	5	
0.8275	4.44	3.17	76.5	wPt-733725	wPt-0071	6	
0.7854	4.85	3.52	149.5	wPt-3922	wPt-731740	14	
0.0578	5.92	2.77	39.5	wPt-7442	wPt-666658	4	عرض برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf width (cm)
-0.61	5.69	3.21	130	wPt-733835	wPt-9380	3	طول غلاف برگ پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf sheath length (cm)
0.8412	8.1	4.97	74	wPt-1708	wPt-9067	11	
3.7310	17.15	9.41	76	wPt-1708	wPt-9067	11	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)
-1.5740	4.41	2.72	174.5	wPt-1730	wPt-9124	17	
0.4137	6.17	4.33	203	wPt-2526	wPt-0705	2	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)
-0.5507	9.03	5.18	136.5	wPt-7254	wPt-743775	8	
0.6446	3.83	2.53	42.5	wPt-7437	wPt-2968	3	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length (cm)
0.5902	4.17	2.61	431.5	wPt-731910	wPt-6785	8	
-1.4048	26.24	18.96	226.5	wPt-5730	tPt-8252	16	شاخص برداشت Harvest Index
-0.0293	6.93	2.83	102	wPt-0446	tPt-2055	17	



شکل ۱- نقشه پیوستگی ۱۳ کروموزوم برای QTL‌های شناسایی شده برای صفات مورد ارزیابی. (صرفاً کروموزوم‌های واجد QTL نشان داده شده‌اند).

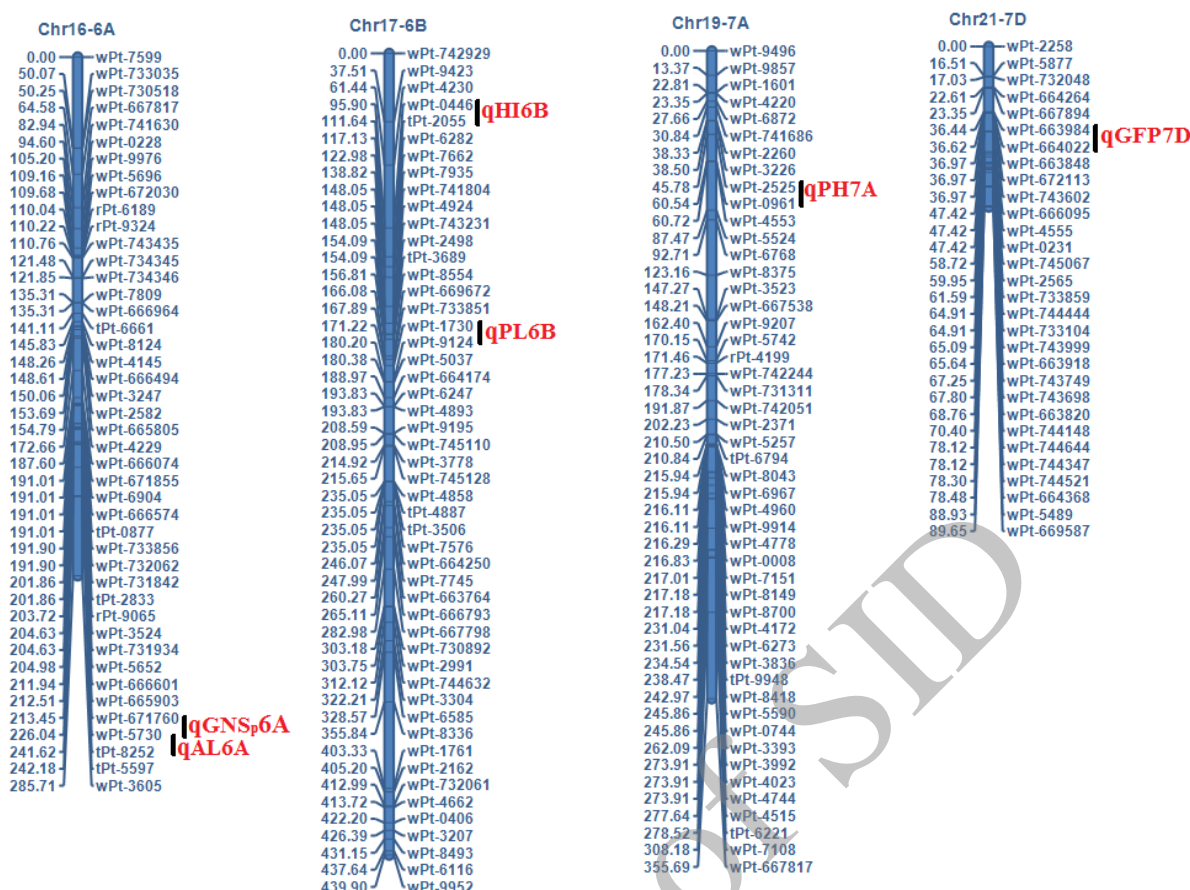
Figure 1- Genetic linkage map of 13 chromosomes for detected quantitative trait loci (QTLs) for evaluated traits on some chromosomes. Only linkage groups with considerable QTLs are shown.

درانی نژاد و همکاران، ۱۳۹۵



ادامه شکل ۱.

Figure 1- (continued).



ادامه شکل ۱.

Figure 1- (continued).

منابع

- Ashraf M, Foolad MR (2007). Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance. *Environmental and Experimental Botany* 59: 206–216.
- Azadi A, Mardi M, Hervan EM, Mohammadi SA, Moradi F, Tabatabaee MT, Pirseyedi SM, Ebrahimi M, Fayaz F, Kazemi M, Ashkani S, Nakhoda B, Mohammadi-Nejad G (2014). QTL mapping of yield and yield components under normal and salt-stress conditions in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Molecular Biology Reporter* 33: 102-120.
- Borner A, Schumann E, Furste A, Coster H, Leithold B, Roder 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.
- Cattivelli L, Rizza F, Badeck FW, Mazzucotelli E, Masterangelo AM, Francia E, Mare C, Tondelli A, Stanca AM (2008). Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics. *Field Crop Research* 105: 1-14.
- Fotokian MH, Ahmadi G, Amiri oghan H, Sadatnori A, Naji AM, Mohammadi-Nejad G, Mohaddesi A, Agahi K (2010). Identification of Quantitative Trait Loci related to plant height, number of tiller and flag leaf length and width in rice (*Oryza sativa* L.) using microsattelite markers. *Iranian Journal of Biology* 23: 488-497.

- Golabadi M, Arzani A, Mirmohammadi Maibody SAM (2012). Mapping of loci controlling phenological traits in durum wheat under drought stress and non-stress conditions using SSR markers. *Iranian Journal of Crop Sciences* 13: 712-729.
- Heidari B, Saeidi G, Sayed Tabatabaei BE, Suenaga K (2012). QTLs Involved in Plant Height, Peduncle Length and Heading Date of Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agriculture Science and Technology* 14: 1093-1104.
- Manickavelu A, Nadarajan N, Ganesh SK, Gnanamalar RP, Chandra Babu R (2006). Drought tolerance in rice: morphological and molecular genetic consideration. *Plant Growth Regul* 50: 121-138.
- Mason R E, Mondal S, Beecher FW, Pacheco A, Jampala B, Ibrahim AM, Hays DB (2010). QTL associated with heat susceptibility index in wheat (*Triticum aestivum* L.) under short-term reproductive stage heat stress. *Euphytica* 174: 423-436.
- Mir R R, Zaman-Allah M, Sreenivasulu N, Trethowan R, Varshney R K (2012). Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. *Theoretical and Applied Genetics* 125: 625-645.
- Mir Drikvand R, Najafian G, Bihamta MR, Ebrahimi A (2015). Detection of QTLs Associated to Some Grain Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.), Using Association Mapping. *Journal of Plant Genetic Research* 1: 43-54.
- Mohammadi V, Ghanadha MR, Zali AA, Yazdi-Samadi B, Byrne P (2005). Mapping QTLs for Morphological Traits in Wheat. *Iranian Journal of Agriculture Science* 36: 145-157.
- Gupta PK, Balyan HS, Kulwal PL, Kumar N, Kumar A, Mir RR, Muhan A, Kumar J (2007). QTL analysis for some quantitative traits in bread wheat. *Journal of Zhejiang University Science B* 8: 807-814.
- Ramya P, Chaubal A, Kulkarni K, Gupta L, Kadoo N, Dhaliwal HS, Chhuneja P, Lagu M, Gupta V (2010). QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Applied Genetics* 51: 421-429.
- Shah MM, Gill KS, Baenziger PS, Yen Y, Kaeppler SM, Ariyaratne HM (1999). Molecular mapping of loci for agronomic traits on chromosome 3A of bread wheat. *Crop Science* 39: 1728-1732.
- Sourdille P, Cadalen T, Gay G, Gill B, Bernard M (2002). Molecular and physical mapping of genes affecting awning in wheat. *Plant Breeding* 121: 320-324.
- Wei L, Bai S, Li J, Hou X, Wang X, Li H, Zhang B, Chen W, Liu D, Liu B, Zhang H (2014). QTL Positioning of Thousand Wheat Grain Weight in Qaidam Basin. *Open Journal of Genetics* 4: 239-244.

QTL mapping of grain yield and yield components in pure lines derived from Roshan × Falat bread wheat varieties (*Triticum aestivum* L.) under limited irrigation condition

Dorrani-Nejad M.¹, Mohammadi-Nejad G.*², Nakhoda B.³

¹MS Student of Plant Breeding, Member of young researcher association, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Iran.

²Assoc. Prof. of Plant Breeding, Center of Excellence for a biotic stresses in cereal crops, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Iran.

³Assist. Prof. Department of Molecular physiology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj, Iran.

Abstract

In order to identify QTLs associated with grain yield and yield components in Bread Wheat under limited irrigation condition using ICIM method, 305 pure lines (F₈) generation of bread wheat derived from cross between Roshan and Falat along with four standard cultivar namely Roshan, Falat, Mahdavi and Shahpasand, were evaluated based on Augmented design. Stress treatment was cut off irrigation at heading stage. Grain yield and other agronomic traits were measured as the phenotypic traits. The result revealed that there are transgressive segregations for all under studied traits. A genetic map was constructed with 808 DArTs markers which these markers covered 5395.69 CM of the genome with the average of 7CM. In total 24 QTLs were identified on 13 chromosomes with additive effect for 12 traits. Four QTLs had R²>10. The qAL6A was identified for awn length that explained 26.24 percent of the total phenotypic variance. qPL4B was found for peduncle length and contributed 17.15 percent of phenotypic variance and is locating at the same interval with flag leaf sheath length QTL. This phenomenon could be due to polytrophic or due to linkage effect of those genes which control these two traits. Major QTLs associated with grain yield and yield components under limited irrigation condition after validation can be used in plant breeding programs and marker-assisted selection in order to produce tolerant and high performance wheat varieties.

Key words: *Bread wheat, moisture stress, QTL.*

* Corresponding Author: Mohammadi-Nejad G.

Tel: 03433257510

Email: Mohammadinejad@uk.ac.ir