ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۷
صفحه ۷۷ - ۶۳

# بررسی تنوع آللی و هاپلوتایپی نشانگرهای ریزماهواره در کلزا

# Assessment of haplotype and allelic diversity of SSR markers in canola

**حسن زالی*[۱]، امید سفالیان[۲]، مهرشاد زین العابدینی[۳]، طاهره حسنلو[٤]، علی اصغری[۲]، بهرام علیزاده[۵]**

۱- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

۲- دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

۳- استادیار، بخش ژنومیک، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

٤- استادیار، بخش فیزیولوژی مولکولی، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۵- دانشیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش ترویج کشاورزی، کرج، ایران

**Zali H*[1], Sofalian O[2], Zeinalabedini M[3], Hasanloo T[4], Asghari A[2], Alizadeh B[5]**

1- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization AREEO, Darab, iran

2- Associate Professor, Department of Plant Breeding, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

3- Assistant Professor, Department of Genomics, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, AREEO, Karaj, Iran

4- Assistant Professor, Department of Molecular Physiology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, AREEO, Karaj, Iran

5- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, AREEO, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: hzali90@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۶/۱/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۲/۱۳)

## چکیده

**به‌منظور بررسی تنوع آللی و هاپلوتایپی و هم‌چنین شناسایی نشانگرهای آگاهی‌بخش خصوصیات مورفولوژیک در ٤١ لاین و ژنوتیپ کلزا تحت شرایط تنش خشکی، از ٣٦ نشانگر ریزماهواره‌ای که با QTLهای کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک بر روی کروموزم‌های A1، C3، C5 و C6 در شرایط تنش خشکی پیوسته بودند، استفاده شد. سی و شش نشانگر مورد مطالعه، ١٦٦ نوار قابل تشخیص ایجاد کردند و ١٥٧ آلل (٩٤/٥٨ درصد) آن چند شکل بودند که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ی میان لاین‌ها و ژنوتیپ‌ها بود. نتایج نشان داد که متوسط شاخص نشانگری، تنوع ژنی نِی، شاخص اطلاعات شانون و تعداد آلل‌های مؤثر به‌ترتیب ١/٥٠٨، ٠/٤٤٩ و ٠/٢٩٨ بود. تنوع هاپلوتایپی دو صفت وزن خشک اندام هوایی و وزن خشک کل توسط نشانگرهای SSR مرتبط با QTLهای متحمّل به خشکی بر روی کروموزوم‌های A1، C3، C5 و C6 بررسی شد. نتایج نشان داد که ٤١ لاین و ژنوتیپ کلزا به‌ترتیب به ٩ و ٥ هاپلوتایپ مختلف بر مبنای QTL وزن خشک کل، روی کروموزوم‌های A1 و C3 تقسیم شدند. هم‌چنین، ژنوتیپ SLM046 به‌عنوان رقم مرجع استفاده شد. هاپلوتایپ‌هایی که با نشانگرهای Ol12-F12، BRMS-096 و BRAS041 روی کروموزوم A1 و نشانگرهای Na10-E02، FITO133 و Na12-A08 بر روی کروموزوم C1 مشخص شدند، می‌توانند در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمّل به‌کار روند و بنابراین برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS) QTLهای متحمّل به خشکی استفاده شوند.**

**واژه‌های کلیدی**

**کلزا**

**تنوع هاپلوتایپی**

**تنش خشکی**

**ریزماهواره‌ها**

## مقدمه

قسمت اعظمی از جهان به‌طور فزآینده‌ای تحت تأثیر تنش خشکی قرار دارد. تنش خشکی یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیرزنده است که رشد، متابولیسم و عملکرد کلزا را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Zali et al. 2015). ارقام کلزا متحمل به تنش خشکی و با عملکرد بالا برای محیط‌های با محدویت آبی مناسب هستند و تولید کلزا را بهبود می‌بخشند. از این رو، شناسایی ارقام برتر و مناسب تحت شرایط تنش بسیار مهم است. یکی از اولین کارها در بهبود تحمل به خشکی کلزا بررسی تنوع ژنتیکی بین ارقام و لاین‌های موجود از نظر تحمل به خشکی می‌باشد. بنابراین، آگاهی در مورد تنوع ژنتیکی ارقام و لاین‌های کلزا، اطلاعات مهمی برای اصلاح‌گران و ژنتیک‌دانان در زمینه تنوع آللی فراهم می‌کند که ممکن است به شناسایی ذخایر متنوع ژنتیکی برای تلاقی‌های بهتر در جهت تولید ارقام متحمل به خشکی، کمک کند (Fares et al. 2009).

در کلزا بیش‌تر مطالعات در زمینه نقشه‌یابی مکان‌های کنترل‌کننده مقاومت به بیماری‌ها (Pilet et al. 1988؛ Mayerhofer et al. 1997؛ Zhao and Meng 2003)، تعداد روز تا خورجین‌دهی (Burn et al. 1993؛ Ferreira et al. 1995؛ Osborn et al. 1997؛ Johnson et al. 2000)، میزان روغن (Burns et al. 2003؛ Delourme et al. 2006؛ Zhao and Meng 2003؛ Chen et al. 2007)، محتوای گلوکوزینولات (Howell et al. 2003)، رنگ بذر (Somers et al. 2001) و عملکرد و اجزای عملکرد (Rezaei zad et al. 2012؛ Butruille et al. 1999؛ Shi et al. 2009؛ Chen et al. 2007) بوده است. مطالعات بسیار محدودی در مورد صفات مرتبط با تحمل به خشکی انجام شده‌است. در ارتباط با مکان‌یابی QTLهای مرتبط با ضریب تحمل به خشکی در جمعیت دابل هاپلوئید، چهار QTL را روی گروه‌های پیوستگی شماره ۱، ۳، ۱۲ و ۱۵ برای ارتفاع بوته، دو QTL برای طول ریشه را روی گروه‌های پیوستگی ۱ و ۵ برای طول ریشه، پنج QTL را روی گروه‌های پیوستگی ۱، ۷، ۱۳، ۱۵ و ۱۷ برای وزن خشک اندام هوایی، سه QTL را برای وزن خشک ریشه بر روی گروه‌های پیوستگی ۱، ۷، ۱۳ و ۱۵ و پنج QTL را روی گروه‌های پیوستگی ۱، ۷، ۱۳ و ۱۵ را برای وزن خشک کل شناسایی نمودند (Li et al. 2014).

توالی ژنوم هر فرد از مجموعه‌ای از توالی‌های دو به دو جفت شده در کنار یک‌دیگر تشکیل می‌شود. در واقع، در هر جاندار دیپلوئید، اطلاعات ژنتیکی در مجموعه‌ای از جفت کروموزوم‌ها نگه‌داری می‌شوند که از هر جفت یک نماینده به نسل بعد منتقل می‌شود. توالی چندریختی تک نوکلوئیدی[1] یا به اختصار SNP (اسنیپ) بر روی جفت کروموزوم را ژنوتیپ و بر روی یک کروموزوم منفرد را هاپلوتیپ نامیده می‌شود. یک اسنیپ جایگاهی بر روی ژنوم است که در بین افراد مختلف جمعیت بیش از یک نوع نوکلئوتید در آن مشاهده می‌شود. در معنی دوم یک هاپلوتیپ، در ژنتیک نشان‌دهنده ترکیبی از آلل‌های گوناگون ژن‌ها است که بر روی جایگاه‌های مختلف یک کروموزوم در نزدیکی یکدیگر جای گرفته و با هم به ارث می‌رسند (Zarea et al. 2013). نتایج به‌دست آمده از مشاهدات اخیر بر روی ژنوم انسان، این باور را در بین محققان تقویت کرده است که ژنوم را می‌توان به نواحی پیوسته و متمایز از یک‌دیگری افزار کرد که تنوع هاپلوتیپ‌ها درون هر یک از این نواحی در طی نسل‌ها حفظ می‌شود. هر یک از این نواحی را یک بلوک هاپلوتیپی[2] می‌نامیم. به‌عبارت دیگر تنوع هاپلوتیپ‌ها طی نسل‌های متوالی، در نواحی معینی از ژنوم بدون تغییر باقی می‌ماند. این نواحی، ژنوم را به مجموعه‌ای از بلوک‌های هاپلوتیپی ابراز می‌کنند (Mohammadi-Nejad et al. 2008).

زمانی که در ارتباط با ناحیه‌ای از کروموزوم‌ها بحث می‌شود که بر اساس مکان‌یابی QTLها، حاوی ژن‌های تأثیرگذار در کنترل صفتی می‌باشد می‌توان بر مبنای مطابقت توالی ریزماهواره‌ها در آن ناحیه و در یک جمعیت با هاپلوتیپ والد دهنده به بررسی هاپلوتیپ‌های مختلف پرداخت و با بررسی فنوتیپی جمعیت تعیین نمود کدام هاپلوتیپ بیان بهتری از صفت مربوطه را دارد و ضمن تعیین بهترین و مؤثرترین ترکیب آللی ناحیه QTL مورد نظر که برای انتخاب به‌کمک نشانگر بسیار ضروری و مفید می‌باشد (Huang et al. 2013)، بر اساس سایر هاپلوتیپ‌ها که

[1] Single nucleotide polymorphism
[2] Haplotype block

فنوتیپ مطلوبی دارند ولی با والد دهنده QTL هیچ‌گونه مطابقتی ندارند پی برد که ذخایر توارثی مورد نظر می‌توانند واجد مکان‌های ژنی جدیدی برای صفت مورد نظر باشند. بدین منظور ابتدا بایستی با نقشه‌یابی دقیق ناحیه مورد نظر را در محدوده‌ای کم‌تر از پنج سانتی‌مورگان مکان‌یابی دقیق نمود، چون در محدوده بزرگ‌تر با افزایش فراوانی کراسینگ اور احتمال شکستن پیوستگی بین ژن‌های (QTL) مربوطه و نشانگر افزایش می‌یابد. در ادامه پس از مکان‌یابی دقیق، تمامی نشانگرهای ریزماهواره برای ناحیه مورد نظر از بانک‌های اطلاعاتی تهیه می‌شود، سپس جمعیتی تصادفی از افراد مختلف جهت بررسی تنوع هاپلوتیپی استفاده می‌شود و نشانگرهای فوق در جامعه مورد نظر آزمون می‌گردند تا مهم‌ترین و تأثیرگذارترین ترکیب آللی نشانگرهای مرتبط با جایگاه QTL کنترل‌کننده صفت قابل تشخیص شود (Mohammadi-Nejad et al. 2008).

این پژوهش به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی ٤١ لاین و ژنوتیپ کلزا اجرا شد تا ضمن گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، نشانگرهای آگاهی بخش مرتبط با ارتفاع بوته، وزن خشک اندام هوایی، وزن خشک ریشه و وزن خشک کل جهت استفاده در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر پیشنهاد شود.

## مواد و روش‌ها

این پژوهش در سال‌های ٩٤-١٣٩٣ در پژوهشکده بیوتکنولوژی و کشاورزی ایران (ABRII) انجام شد. ارقام و لاین‌های مورد بررسی شامل ١٩ ژنوتیپ هیبرید، ١٧ لاین پیشرفته امیدبخش و ٥ لاین دابل هاپلوئید بودند (جدول ١). ژنوتیپ‌ها و لاین‌های امید بخش از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیّه شدند و لاین‌های دابل هاپلوئید از پژوهشکده بیوتکنولوژی ایران تهیه شد.

استخراج DNA به روش (Dellaporta et al. 1993) با اندکی تغییرات انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراجی نیز با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز یک درصد و روش طیف‌سنجی نانودراپ تعیین شد. برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، نمونه‌های DNA به غلظت ٢٥ نانوگرم در میکرولیتر رقیق شدند. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم ١٥ میکرولیتر شامل دو میکرولیتر DNA ژنومی در حجم ١٠ نانوگرم در میکرولیتر، ١/٥ میکرولیتر آغازگر با غلظت ١٠U، ٠/٩ میکرولیتر dNTPs با غلظت ١٠ میلی‌مولار، ١/٢ میکرولیتر $MgCl_2$ با غلظت ٢٥ میلی‌مولار، ١/٥ میکرولیتر بافر با غلظت ١٠X، ٠/٢ میکرولیتر تک پلیمراز با غلظت ٥U و ٥/٨ میکرولیتر آب دوبار استریل بود. چرخه حرارتی استفاده شده شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای ٩٤ درجه سانتی‌گراد به مدت ٥ دقیقه و ٣٥ چرخه حرارتی که ١٠ چرخه اول سیکل حرارتی به صورت Touch Down برنامه‌ریزی شده بود. به این صورت‌که دمای اتصال آغازگر به رشته الگو ١٠ درجه سانتی‌گراد بالاتر از دمای اتصال واقعی در نظر گرفته شد و در هر چرخه دور اول با کاهش یک درجه دما، به دمای اتصال واقعی رسید. در ٢٥ چرخه بعد دمای اتصال (بسته به دمای اتصال آغازگر متفاوت بود) و زمان آن نیز ثابت و ٣٠ ثانیه بود. در هر چرخه نیز، زمان و دمای واسرشته‌سازی به‌ترتیب ٣٠ و ٩٤ درجه بود. هم‌چنین دمای بسط رشته نیز به‌ترتیب یک دقیقه و ٧٢ درجه بود. برای ظاهرسازی باندها، نمونه‌ها در ژل پلی اکریل آمید ٦ درصد واسرشته شدند و رنگ‌آمیزی با نیترات نقره انجام شد. جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها و برای به‌دست آوردن اندازه آلل‌ها و تعیین انواع آلل‌ها و ژنوتیپ‌ها، از تصاویر ژل استفاده شد.

٣٦ نشانگر ریزماهواره مورد استفاده در این پژوهش شامل نشانگرهایی می‌باشند که در مطالعات گزارش شده توسط Li et al. (2014) در جهت مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده ارتفاع بوته (PH)، وزن خشک اندام هوایی (SDW)، وزن خشک ریشه (RDW) و وزن خشک کل (TDW) در شرایط تنش خشکی معرفی نمودند، استفاده شد (جدول ٢).

در این تحقیق به‌منظور اعمال تنش و تنظیم دقیق و یکنواخت رطوبت گلدان‌ها از گلدان‌های متوسط پلاستیکی با قطر دهانه ٢٠ سانتی‌متر و ارتفاع ٢٥ سانتی‌متر و ظرفیت ٢/٥ کیلوگرم خاک سبک استفاده شد. خاک مورد استفاده شامل یک قسمت خاک مزرعه و یک قسمت ماسه بود. در هر گلدان ٢/٥ کیلوگرم خاک خشک ریخته شد و مقدار ظرفیت زراعی گلدان‌ها جهت آبیاری دقیق مشخص شد. در داخل هر گلدان ١٠ بذر در عمق حدود یک سانتی‌متری خاک کاشته شد و بعد از مرحله دو برگی بوته‌ها تنک شدند و در هر گلدان دو بوته باقی گذاشته شد. گلدان‌ها تا

قبل از اعمال تنش خشکی هر روز وزن و رطوبت خاک در حدود ۱۰۰-۹۰ درصد ظرفیت مزرعه نگه داشته شد. ٤٥ روز بعد از کاشت گیاهان و در مرحله رشد رویشی، تیمار خشکی اعمال شد. در این تحقیق روش وزنی معیار تعیین مقدار رطوبت خاک بود بدین ترتیب که بعد از قطع آبیاری، رطوبت خاک در گلدان‌های تنش در حدود ظرفیّت زراعی۵۰-٤۰ درصد، و برای گلدان‌های شاهد در حدود ظرفیت زراعی ۱۰۰-۹۰ درصد نگه‌داری شدند. برای این منظور گلدان‌ها، روزی یک بار در بعد از ظهر با ترازوی دقیق وزن و مقدار رطوبت خاک تنظیم می‌شد. تنش خشکی به مدت ۳۰ روز اعمال شد و بعد از آن نمونه‌برداری انجام گرفت. در پایان اعمال تنش، صفاتی از قبیل محتوای نسبی آب (RWC)، ارتفاع بوته (PH)[1]، وزن خشک اندام هوایی (SDW)[2]، وزن خشک ریشه (RDW)[3]، وزن و خشک کل (TDW)[4] هر کدام از ارقام و لاین‌ها تعیین شد.

الگوهای نواری بر روی ژل پلی اکریل آمید براساس هم ردیفی نوارها و به‌صورت صفر (عدم وجود نوار) و یک (وجود نوار) امتیازدهی شدند. به این صورت‌که در هر ردیف آللی به نمونه‌های دارای نوار امتیاز یک و بدون باند امتیاز صفر داده شد. در نهایت بهترین گروه‌بندی مربوط به ضریب شباهت نی (Nei 1973) و روش گروه‌بندی اتصال همسایگی[5] بود که بالاترین مقادیر ضریب همبستگی کوفنتیک را به خود اختصاص داد. میزان اطلاعات چند شکلی (PIC)[6] از طریق فرمول $PIC = \sum[2p_i\,(1-p_i)]/n$ صورت گرفت (Powell et al. 1996) که در آن، $p_i$ فراوانی نوار iام تقسیم بر تعداد ژنوتیپ هاست و n تعداد نوارهای ایجاد شده بود. هم‌چنین، شاخص‌های نشانگری شامل: شاخص تنوع شانون (Shannon and weaver 1949) (I)[7]، متوسط تعداد آلل در هر مکان ژنی (Ne)[8]، تنوع ژنتیکی نی (He)[9] نیز با استفاده از نرم‌افزار افزار GenAlex محاسبه شد.

[1] Plant height
[2] Shoot dry weight
[3] Root dry weight
[4] Total dry weight

[5] Neighbor joining
[6] Polymorphism information content
[7] Shannon's information index
[8] Effective number of alleles
[9] Nei's (1973) gene diversity

جدول۱- کد و نام لاین‌ها و ژنوتیپ‌های مورد بررسی و مناطق آن‌ها

| کد ژنوتیپ‌ها | نام ژنوتیپ‌ها | نوع ژنوتیپ‌ها | Origin | کد ژنوتیپ‌ها | نام ژنوتیپ‌ها | نوع ژنوتیپ‌ها | Origin |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| V1 | SLM046 | رقم آزاد گرده‌افشان | آلمان | V22 | L1013 | لاین خالص | ایران |
| V2 | Oase | رقم هیبرید | فرانسه | V23 | Lilian | رقم هیبرید | فرانسه |
| V3 | Karaj 1 | لاین خالص | ایران | V24 | Cooper | رقم هیبرید | آلمان |
| V4 | Ahmadi | رقم آزاد گرده‌افشان | ایران | V25 | Adriana | رقم هیبرید | آلمان |
| V5 | Okapi | رقم آزاد گرده‌افشان | فرانسه | V26 | Tassilo | رقم هیبرید | آلمان |
| V6 | L938 | لاین خالص | ایران | V27 | Karun | رقم هیبرید | آلمان |
| V7 | L941 | لاین خالص | ایران | V28 | Zarfam | رقم آزاد گرده‌افشان | ایران |
| V8 | L942 | لاین خالص | ایران | V29 | Karaj 2 | لاین خالص | ایران |
| V9 | L944 | لاین خالص | ایران | V30 | Opera | رقم آزاد گرده‌افشان | سوئد |
| V10 | L945 | لاین خالص | ایران | V31 | Orient | رقم آزاد گرده‌افشان | آلمان |
| V11 | L955 | لاین خالص | ایران | V32 | Sarigol* | رقم آزاد گرده‌افشان | آلمان |
| V12 | L957 | لاین خالص | ایران | V33 | Licord | رقم آزاد گرده‌افشان | آلمان |
| V13 | L963 | لاین خالص | ایران | V34 | Talaye | رقم آزاد گرده‌افشان | آلمان |
| V14 | L969 | لاین خالص | ایران | V35 | Hyola420* | رقم هیبرید | استرالیا |
| V15 | L996 | لاین خالص | ایران | V36 | Hyola401* | رقم هیبرید | استرالیا |
| V16 | L1003 | لاین خالص | ایران | V37 | DH1* | لاین خالص (دابل هاپلویید) | ایران |
| V17 | L1008 | لاین خالص | ایران | V38 | DH5* | لاین خالص (دابل هاپلویید) | ایران |
| V18 | L1009 | لاین خالص | ایران | V39 | DH8* | لاین خالص (دابل هاپلویید) | ایران |
| V19 | L1010 | لاین خالص | ایران | V40 | DH9* | لاین خالص (دابل هاپلویید) | ایران |
| V20 | L1011 | لاین خالص | ایران | V41 | DH11* | لاین خالص (دابل هاپلویید) | ایران |
| V21 | L1012 | لاین خالص | ایران | | | | |

*: ارقام و لاین‌هایی که با ستاره مشخص شده‌اند ارقام بهاره می‌باشند.

جدول ۲- اطلاعات مربوط به نشانگرهای مرتبط با صفات مورفولوژیک و مکان‌های ژنی مورد بررسی

| صفت | نام QTL | گروه لینکاژی | نام نشانگر (فاصله بر حسب سانتی مورگان) |
|---|---|---|---|
| ارتفاع بوته | rph 1 | A1 | CB10597a (0.01)، BRAS074a (12.61) |
| | rph 3 | A3 | Na12-A08a (30.19) |
| | rph12 | C2 | PMR52 (6.09)، sR94102 (4.01) |
| | rph 15 | C5 | BRMS-030c (8.41)، Ol10-B02a (0.01) |
| طول ریشه | rrl 1a | A1 | BRMS-031 (8.91)، BRAS100 (8.91)، BRAS084 (0.49)، Ol12-F11a (3.1) |
| | rrl 5 | A5 | BRAS072a (20.59)، sORF73b (4.89) |
| وزن خشک اندام هوایی | rsdw 1 | A1 | BRAS041 (0.01)، BRMS-096a (7.49)، Ol12-F11a (10.51) |
| | rsdw 13 | C3 | Na10-E02b (14.39)، CB10003 (23.41)، Na12-A08b (0.31)، FITO133 (6.49)، Na10-C01f (17.41) |
| | rsdw 15 | C5 | BRMS-030c (8.41)، Ol10-B02a (0.01) |
| | rsdw 16 | C6 | CB10010a (10.99)، CB10502 (1.11)، CB10234 (0.01)، CB10526 (8.99) |
| | rsdw 7 | A7 | BRMS-036 (2.69) |
| وزن خشک ریشه | rrdw 1 | A1 | CB10597a (0.01)، BRAS074a (12.61) |
| | rrdw 15 | C5 | Na10-C01C (11.41)، CB10003 b (11.41) |
| | rrdw 20 | C9 | MR013c (10.49)، Ol11-H06 (9.4) |
| وزن خشک کل گیاه | rtdw 1a | A1 | CB10597a (0.01) |
| | rtdw 1b | A1 | BRAS041 (0.01)، BRMS-096a (7.49)، Ol12-F11a (10.51) |
| | rtdw 7 | A7 | BRMS-036 (0.01) |
| | rtdw 13 | C3 | Na12-A08b (14.71)، FITO133 (7.91)، Na10-E02b (0.01) |
| | redw 15 | C5 | Ol10B02a (0.01)، |

نهایتاً ارزیابی تنوع هاپلوتایپی در مکان‌های ژنی مورد نظر مطابق مطالعات (Li et al. 2014) انجام شد. به این ترتیب که در هر ژنوتیپ، الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به یک QTL با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع مقایسه شده و چنانچه ژنوتیپی از نظر تمام نشانگرهای آن QTL ترکیب آللی یکسانی با ژنوتیپ مرجع داشت، در هاپلوتایپ مرجع قرار گرفت. در غیر این‌صورت نیز ترکیب آللی آن ژنوتیپ خود به‌عنوان یک هاپلوتایپ مجزا در گروه‌بندی سایر ژنوتیپ‌ها استفاده شد. هم‌چنین به‌منظور رتبه‌بندی ارقام و لاین‌ها با استفاده از صفات مختلف از شاخص SIIG[1] (Zali et al. 2015 and 2016) استفاده شد.

## نتایج و بحث

به‌منظور مقایسه بهتر ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها، و هم‌چنین شناسایی ژنوتیپ‌های حساس و متحمل به تنش آبی در شرایط این آزمایش، میانگین صفات محتوای نسبی آب (RWC)، ارتفاع بوته (PH)، وزن خشک اندام هوایی (SDW)، وزن خشک اندام هوایی (RDW) و وزن خشک کل (TDW) در شرایط بدون تنش و تنش آبی و هم‌چنین درصد کاهش صفات در شرایط تنش آبی برای تمام ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها آورده شده‌است (جدول ۳). بر این اساس بیش‌ترین میزان RWC در شرایط بدون تنش ۹۴/۹۶ درصد (لاین DH9) و کم‌ترین آن ۸۲/۱۹ درصد (ژنوتیپ Hyola401) بود. بیش‌ترین میزان کاهش RWC مربوط به ژنوتیپ Hyola420 (۱۷/۳۴ درصد) و کم‌ترین آن مربوط به لاین L996 (۵/۰۴ درصد) بود. بیش‌ترین مقدار ارتفاع بوته در شرایط تنش و بدون تنش به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ Hyola401 (۲۹/۵۰ سانتی‌متر) و لاین L938 (۳۴/۳۳ سانتی‌متر) و کم‌ترین مقدار ارتفاع در شرایط تنش و بدون‌تنش مربوط به ژنوتیپ Adriana (۱۹/۶۷ سانتی‌متر) و لاین L1012 (۲۴/۶۷ سانتی‌متر) بود. نتایج نشان داد که بیش‌ترین مقدار SDW در شرایط تنش و بدون‌تنش ۴/۵۲ گرم (ژنوتیپ Adriana) و ۶/۸۲ گرم (ژنوتیپ Hyola401) گرم و کم‌ترین مقدار آن در شرایط تنش و بدون‌تنش ۲/۷۹ گرم (لاین DH8) و ۳/۹۲ گرم (لاین L963) بود. در ضمن بیش‌ترین و

[1] Selection index of ideal genotype

کم‌ترین مقدار کاهش SDW در شرایط تنش مربوط به ژنوتیپ Hyola420 (۴۸/۲۹ درصد) و لاین L944 (۱۵/۱۷ درصد) بود. دامنه تغییرات تغییرات RDW بین ۹/۸۵ گرم (ژنوتیپ Opera) و ۳/۳٤ گرم (لاین L955) در شرایط بدون‌تنش و ۷/۸۳ (ژنوتیپ SLM046) تا ۲/۱٤ گرم (لاین L963) در شرایط تنش بود. لاین‌های DH5 و L941 بیش‌ترین و کم‌ترین کاهش RDW را نشان دادند (جدول ۳). به‌منظور شناسایی و رتبه‌بندی ارقام و لاین‌ها در این تحقیق، از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) (Zali et al. 2015 and 2016) استفاده شد (شکل ٦). شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل یک مدل گزینش‌گر بوده و با هدف انتخاب ایده‌آل‌ترین ارقام و لاین‌ها از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی با استفاده از صفات یا شاخص‌های مختلف به‌کار می‌رود. در واقع با استفاده از روش SIIG می‌توان صفات مختلف را به‌صورت یک شاخص واحد درآورد و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد (Zali et al. 2016). ژنوتیپ‌های برتر با استفاده شاخص SIIG (شکل ٦) بر مبنای دو صفت مهم SDW و RDW در شرایط تنش و بدون‌تنش و هم‌چنین شاخص درصد کاهش عملکرد (R%) در شرایط تنش (جدول ۳) محاسبه شد. میزان شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بین صفر و یک می‌باشد و هر چه مقدار SIIG به یک نزدیک‌تر باشد آن ژنوتیپ از نظر صفات مورد بررسی مطلوب‌تر می‌باشد و بالعکس، هر چه مقدار SIIG به صفر نزدیک‌تر باشد ژنوتیپ مورد بررسی از نظر صفات مربوطه، ژنوتیپ ضعیفی می‌باشد (Zali et al. 2015). نتایج نشان داد که ارقام و لاین‌های Zarfam، L1013، Karun، Talaye، L1009 و SLM046 به‌ترتیب با داشتن بیش‌ترین مقدار SIIG جزء بهترین‌ترین ژنوتیپ‌ها در شرایط این تحقیق بودند. از طرفی ارقام و لاین‌های Orient، L963، Okapi، Lilian، Sarigol، L955، DH8، Hyola420 و L1003 به‌ترتیب با کم‌ترین مقدار SIIG جز ارقام و لاین‌های ضعیف در شرایط این تحقیق بودند و سایر ژنوتیپ‌ها در حدواسط بین این دو دسته از ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها قرار داشتند (شکل ٦).

از تعداد ۳٦ (جفت) نشانگر مورد استفاده، در مجموع ١٦٤ نوار حاصل شد که از این تعداد ۱۵۷ نوار چند شکل بودند. متوسط درصد چند شکلی برای نشانگرهای مورد مطالعه برابر با ۹٦/۲۹ درصد بود. تعداد کل نوارهای تکثیرشده برای هر نشانگر از ۲ تا ۱۰ نوار متغیر بود و به‌طور متوسط ٤/٤۹ نوار به ازای هر نشانگر تکثیر شد. نشانگر Na12-B05 با تعداد ۱۰ نوار چند شکل بیش‌ترین چند شکلی را نشان دادند (نتایج نشان داده نشده‌است). مطابق با نتایج محدوده‌ی PIC از ۰/۰٤٦ تا ۰/۳۲۷ متغیر بود که بیش‌ترین میزان PIC، مربوط به آغازگرهای BRMS-04، BRAS041، sORF73 و CB10143 و کم‌ترین آن مربوط به آغازگرهای FITO133، Ol10-B02 و pMR52 بود. متوسط میزان شاخص PIC برابر با ۰/۲۱۲ بود. از میان آغازگرهای مورد بررسی، آغازگرهای BRAS04، BRAS072، CB10504، CB10234، BRMS-030 و NA10-E02 به‌ترتیب بیش‌ترین تعداد آلل مؤثر در هر مکان ژنی، تنوع ژنی نِی و شاخص تنوع شانون را نشان دادند و آغازگرهای Ol10-B02 و CB10003 نیز کم‌ترین این مقادیر را به‌خود اختصاص دادند. بالاتر بودن تعداد آلل مؤثر در هر مکان ژنی، تنوع ژنی نِی (Nei 1978) و شاخص تنوع شانون (Shannon and Weaver 1949) بیانگر قدرت بالای تفکیک و تمایز این آغازگرهای در بین ارقام می‌باشد. هم‌چنین، براساس نتایج بدست آمده جمعیّت ارقام هیبرید بالاترین تعداد آلل مؤثر در هر مکان ژنی، تنوع ژنی نِی و شاخص تنوع شانون را نشان دادند که بالا بودن این شاخص‌ها در جمعیت ارقام هیبرید بیانگر وجود تنوع بالای در آن‌ها می‌باشد. از طرفی جمعیت لاین‌های دابل هاپلوئید کم‌ترین مقدار این شاخص‌ها را به‌خود اختصاص دادند که با توجه به طبیعت کاملاً خالص این لاین‌ها این نتایج دور از انتظار نبود. در تحقیق حاضر آغازگرهای BRAS04، BRAS072، CB10504، CB10234، BRMS-030 و NA10-E02 بهتر از سایر آغازگرهای به کار برده، توانستند فاصله ژنتیکی ارقام و لاین‌های مورد بررسی را مشخص کنند (نتایج نشان داده نشده‌است).

جدول ۳- میانگین صفات RWC، PH، SDW، RDW و TDW در شرایط بدون‌تنش (NS)، تنش آبی (WS) و درصد کاهش (%R) در هر صفت

| نام ژنوتیپ | RWC (%) | | | PH (cm) | | | SDW (g) | | | RDW (g) | | | TDW (g) | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R |
| SLM046 | ۹۲/۰٤ | ۸۱/۱۰ | ۱۱/۸۹ | ۲۸/٦۷ | ۲۳/۳۳ | ۱۸/٦۰ | ۵/٤۷ | ۳/٦٤ | ۳۳/٤۸ | ۸/۵۰ | ۷/۸۳ | ۷/۹۲ | ۱۳/۹۷ | ۱۱/٤٦ | ۱۷/۹۲ |
| Oase | ۹۲/۳۳ | ۸۵/۰٦ | ۷/۸۷ | ۳۱/۳۳ | ۲۵/۰۰ | ۲۰/۲۱ | ۵/۰۰ | ۳/٤۷ | ۳۰/٦۵ | ۷/٤۱ | ۳/۹۲ | ٤۷/۰۵ | ۱۲/٤۱ | ۷/۵٦ | ۳۹/۱۰ |
| Karaj 1 | ۸۹/۲۵ | ۸۱/٤۵ | ۸/۷٤ | ۲۹/٦۷ | ۲٤/۰۰ | ۱۹/۱۰ | ۵/۵۰ | ۳/۸۳ | ۳۰/۳۸ | ۸/۹۷ | ۵/۰٤ | ٤۳/۷۸ | ۱٤/٤۷ | ۸/۸۷ | ۳۸/٦۹ |
| Ahmadi | ۸۹/٤٤ | ۸۱/۳٦ | ۹/۰٤ | ۲۸/۰۰ | ۲۲/٦۷ | ۱۹/۰۵ | ۵/۹٤ | ۳/۷۵ | ۳٦/۹۲ | ٦/۵٦ | ٤/۱۷ | ۳٦/٤۰ | ۱۲/۵۰ | ۷/۹۲ | ۳٦/٦۵ |
| Okapi | ۸٦/۱۷ | ۸۰/۱۳ | ۷/۰۱ | ۲۸/۳ | ۲۲/٦۷ | ۲۰/۰۰ | ٤/٦۱ | ۳/۳۵ | ۲۷/٤۰ | ۵/٦۲ | ۲/٦۷ | ۵۲/٤۳ | ۱۰/۲۳ | ٦/۰۲ | ٤۱/۱۵ |
| L938 | ۸۵/۱۳ | ۷۸/۸۸ | ۷/۳٤ | ۳٤/۳۳ | ۲۵/۳۳ | ۲٦/۲۱ | ۵/۷۳ | ۳/۰۵ | ٤٦/۷٤ | ۵/۲۸ | ٤/۵۱ | ۱٤/٤۷ | ۱۱/۰۰ | ۷/۵٦ | ۳۱/۲٦ |
| L941 | ۸۷/۹٦ | ۷۹/۱۰ | ۱۰/۰۷ | ۳۳/۰۰ | ۲۵/۳۳ | ۲۳/۲۳ | ٤/٦۵ | ۳/۱۷ | ۳۱/۸۸ | ۳/۵۱ | ۳/۵٤ | ۰/۰۰ | ۸/۱٦ | ٦/۷۱ | ۱۷/۸۰ |
| L942 | ۸٦/۱٤ | ۷۷/٦۷ | ۹/۸٤ | ۳۱/٦۷ | ۲۵/۰۰ | ۲۱/۰۵ | ۵/۱۵ | ۳/۲۱ | ۳۷/٦۷ | ۵/٦۸ | ۲/۲۷ | ۲٤/۷۷ | ۱۰/۸۳ | ۷/٤۸ | ۳۰/۹۰ |
| L944 | ۸٦/۳۱ | ۷۷/۳۱ | ۱۰/٤۳ | ۲۸/٦۷ | ۲۷/٦۷ | ۳/٤۹ | ۵/۱۰ | ٤/۳۲ | ۱۵/۱۷ | ۵/۱۲ | ۲/۸۵ | ٤٤/۳۱ | ۱۰/۲۲ | ۷/۱۸ | ۲۹/۷۸ |
| L945 | ۸۷/٤۵ | ۸۱/۱۳ | ۷/۲۳ | ۳۰/۳۳ | ۲٤/٦۷ | ۱۸/٦۸ | ٤/٤۷ | ۳/۰۹ | ۳۰/۹۵ | ۳/۳٤ | ۲/٤۹ | ۲۵/٦۲ | ۷/۸۱ | ۵/۵۷ | ۲۸/٦۷ |
| L955 | ۸۷/۹۹ | ۷٦/۸٦ | ۱۲/٦٤ | ۲۹/۳۳ | ۲۱/٦۷ | ۲٦/۱٤ | ۵/۲۵ | ۳/٤۵ | ۳٤/۳۵ | ٤/۲۲ | ۲/۷۸ | ۳٤/۰۷ | ۹/٤۷ | ٦/۲۳ | ۳٤/۲۳ |
| L957 | ۸۷/۸۵ | ۷۸/۷٦ | ۱۰/۳۵ | ۲۷/۳۳ | ۲۱/٦۷ | ۲۰/۷۳ | ٤/۳۳ | ۳/٤۷ | ۱۹/۸۵ | ۵/۰۳ | ۳/۳۹ | ۳۲/٦۵ | ۹/۳۷ | ٦/۸٦ | ۲٦/۷۳ |
| L963 | ۹۲/٦۰ | ۸۳/۸۹ | ۹/٤۱ | ۲۹/۳۳ | ۲۱/۰۰ | ۲۸/٤۱ | ۳/۹۲ | ۲/۸۰ | ۲۸/٦٦ | ۳/۹۷ | ۲/۱٤ | ٤٦/۰۵ | ۷/۸۹ | ٤/۹٤ | ۳۷/٤۰ |
| L969 | ۹۲/۰۹ | ۸۳/۹۳ | ۸/۸۵ | ۳۰/۰۰ | ۲۳/٦۷ | ۲۱/۱۱ | ٤/۷٦ | ۳/۳۱ | ۳۰/٤٦ | ٤/۷۹ | ۳/۸۳ | ۱۹/۹۹ | ۹/۵۵ | ۷/۱٤ | ۲۵/۲۱ |
| L996 | ۸۵/۹۹ | ۸۱/٦٦ | ۵/۰٤ | ۲۷/٦۷ | ۲۲/۳۳ | ۱٦/۲۵ | ٤/۳۸ | ۳/۵٦ | ۱۸/۵۸ | ۷/۳۸ | ۵/۰۰ | ۳۲/۲۰ | ۱۱/۷٦ | ۸/۵۷ | ۲۷/۱۳ |
| L1003 | ۸۵/۲۷ | ۷٦/۲۰ | ۱۰/٦٤ | ۲۸/۳۳ | ۲۲/۳۳ | ۲۱/۱۸ | ۵/٦۷ | ۳/۸٤ | ۳۲/۲۲ | ۷/۹٦ | ۳/۷۹ | ۵۲/۳۳ | ۱۳/٦۳ | ۷/٦٤ | ٤۳/۹٦ |
| L1008 | ۹۱/۱٦ | ۷۹/۷۱ | ۱۲/۵٦ | ۲۹/۳۳ | ۲۲/۰۰ | ۲۵/۰۰ | ٤/۳۵ | ۳/٦۲ | ۳۲/۳۲ | ۹/۲۰ | ٤/۸۹ | ٤٦/۸۳ | ۱٤/۵٦ | ۸/۵۲ | ٤۱/٤۹ |
| L1009 | ۸۹/۰۱ | ۷۹/۹۳ | ۱۰/۲۰ | ۲۹/٦۷ | ۲۱/۰۰ | ۲۹/۲۱ | ۵/۷۵ | ۳/۹۱ | ۳۲/۰٦ | ۷/۳۲ | ۵/۳۸ | ۲٦/٤۲ | ۱۳/۰۷ | ۹/۲۹ | ۲۸/۹۰ |
| L1010 | ۹۰/۲۳ | ۸۰/٦٦ | ۱۰/٦۱ | ۲۸/۰۰ | ۲۱/۰۰ | ۲۵/۰۰ | ۵/۵۸ | ۳/۵۳ | ۳٦/٦۸ | ۹/۱۲ | ٦/۱۰ | ۳۳/۱۱ | ۱٤/۷۰ | ۹/٦۳ | ۳٤/٤۷ |
| L1011 | ۸۹/۹۳ | ۷٦/۳۷ | ۱۵/۰۸ | ۲۹/۳۳ | ۲۵/۰۰ | ۱٤/۷۷ | ۵/٦۳ | ۳/۲۸ | ٤۱/۷۷ | ۷/۹٦ | ۵/۰٦ | ۳٦/٤۷ | ۱۳/۵۹ | ۸/۳٤ | ۳۸/٦۷ |
| L1012 | ۸۹/۷۷ | ۷۸/۲۳ | ۱۲/۸۵ | ۲٤/٦۷ | ۲٤/٦۷ | ۰/۰۰ | ۵/۷۰ | ٤/۰۱ | ۲۹/۵۹ | ۸/۱۰ | ۵/۲۱ | ۳۵/٦۸ | ۱۳/۸۰ | ۹/۲۲ | ۳۳/۱٦ |
| L1013 | ۸٤/٦۷ | ۷۳/٦٦ | ۱۳/۰۰ | ۲٦/۰۰ | ۲۵/٦۷ | ۱/۲۸ | ۵/۰۳ | ۳/٤٦ | ۳۱/۳۲ | ۸/۵٦ | ٦/۰۷ | ۲۹/۰۹ | ۱۳/۵۹ | ۹/۵۳ | ۲۹/۹۲ |
| Lilian | ۸۸/۸٦ | ۸۱/۰٤ | ۸/۸۰ | ۲۷/۰۰ | ۲۳/۳۳ | ۱۳/۵۸ | ٤/۹۲ | ۳/۳۷ | ۳۲/٤٦ | ۵/۰۹ | ۲/۷۵ | ٤٦/۰۰ | ۱۰/۰۸ | ٦/۱۲ | ۳۹/۳۰ |
| Cooper | ۸۸/٦۸ | ۸۰/۲۷ | ۹/٤۸ | ۲۹/۳۳ | ۲۳/٦۷ | ۱۹/۳۲ | ۵/۰۳ | ۳/۳۲ | ۳٤/۱۰ | ۸/۳۰ | ٤/۸٤ | ٤۱/۷۳ | ۱۳/۳۳ | ۸/۱۵ | ۳۸/۸۵ |
| Adriana | ۸۸/۸٤ | ۸۰/۰۳ | ۹/۹۱ | ۲٦/۰۰ | ۱۹/٦۷ | ۲٤/۳٦ | ۵/۷۷ | ٤/۵۲ | ۲۱/٦٦ | ٦/٤۷ | ۳/٦٦ | ٤۳/۳۵ | ۱۲/۲٤ | ۸/۱۸ | ۳۳/۱۲ |
| Tassilo | ۹۰/٤۰ | ۷۹/۰٤ | ۱۲/۵۷ | ۲٤/٦۷ | ۲۲/۰۰ | ۱۰/۸۱ | ٤/۹۸ | ۳/٦۸ | ۲٦/۱۵ | ۷/۹۲ | ٤/٤۳ | ٤٤/۰۷ | ۱۲/۹۰ | ۸/۱۱ | ۳۷/۱۵ |
| Karun | ۸۷/۲۰ | ۷۷/٤۹ | ۱۱/۱٤ | ۲۵/۳۳ | ۲۵/٦۷ | ۰/۰۰ | ۵/٤۳ | ۳/۹۲ | ۲۷/۷۹ | ٤/۵۸ | ٤/۲۱ | ۸/۰۸ | ۱۰/۰۱ | ۸/۱۳ | ۱۸/۷۸ |
| Zarfam | ۸۸/۷٦ | ۷٦/۸۹ | ۱۳/۳۷ | ۳۲/۳۳ | ۲٤/٦۷ | ۲۲/۹۲ | ۵/٤۳ | ۳/٦۰ | ۳۳/۷۰ | ٦/۵۱ | ٦/۰۷ | ٦/۷٦ | ۱۱/۹٤ | ۹/٦۷ | ۱۹/۰۱ |
| Karaj 2 | ۸۷/۳٤ | ۷۸/۱۰ | ۱۰/۵۸ | ۲۸/۳۳ | ۲۷/۳۳ | ۳/۸۳ | ۵/۸٦ | ۳/۷۳ | ۳٦/۳۳ | ۵/۸۸ | ٤/۳۵ | ۲٦/۰۲ | ۱۱/۷٤ | ۸/۰۸ | ۳۱/۱۷ |

ادامه جدول ۳

| نام ژنوتیپ | RWC (%) | | | PH (cm) | | | SDW (g) | | | RDW (g) | | | TDW (g) | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R | NS | WS | %R |
| Opera | ۸۲/۹۶ | ۷۳/۲۷ | ۱۱/٦۷ | ۲۷/۰۰ | ۲٦/۰۰ | ۳/۷۰ | ٦/۲۳ | ۳/۸۷ | ۳۷/۸۵ | ۹/۸۵ | ۵/٤۷ | ٤٤/٤۱ | ۱٦/۰۷ | ۹/۳٤ | ٤۱/۸۷ |
| Orient | ۸٤/۳٤ | ۷۹/٦۳ | ۵/۵۸ | ۲۸/۰۰ | ۲۲/۳۳ | ۲۰/۲٤ | ۵/۹۹ | ۳/٤۹ | ٤۱/۷۱ | ۵/۳۷ | ۲/۷۲ | ٤۹/۳۵ | ۱۱/۳٦ | ٦/۲۱ | ٤۵/۳۲ |
| Sarigol | ۸۹/۲۸ | ۷٦/۷۵ | ۱٤/۰۳ | ۳۰/٦۷ | ۲۵/۰۰ | ۱۸/٤۸ | ٤/۷۲ | ۲/۹۲ | ۳۸/۱۱ | ٤/۸۸ | ۳/۲۳ | ۳۳/۸۳ | ۹/٦۰ | ٦/۱۵ | ۳۵/۹٤ |
| Licord | ۸۹/۹٦ | ۷۹/٤۱ | ۱۱/۷۳ | ۳۰/۰۰ | ۲۳/۰۰ | ۲۳/۳۳ | ٦/٤۵ | ۳/۹۸ | ۳۸/۲۹ | ۷/۲۸ | ۳/۹۰ | ٤٦/٤۰ | ۱۳/۷۳ | ۷/۸۸ | ٤۲/۵۹ |
| Talaye | ۸۵/٦۳ | ۷۸/۱۸ | ۸/۷۰ | ۳۱/٦۷ | ۲۸/۰۰ | ۱۱/۵۸ | ۵/۱۲ | ۳/۳۱ | ۳۵/۳۱ | ۸/۷۱ | ٦/۲۰ | ۲۸/۷۹ | ۱۳/۸۲ | ۹/۵۱ | ۳۱/۲۰ |
| Hyola420 | ۸٦/۸۰ | ۷۱/۷۵ | ۱۷/۳٤ | ۳۲/۳۳ | ۲۹/۵۰ | ۸/۷٦ | ٦/۱٤ | ۳/۱۸ | ٤۸/۲۹ | ۷/۵۷ | ٤/۲٤ | ٤٤/۰۱ | ۱۳/۷۱ | ۷/٤۱ | ٤۵/۹۳ |
| Hyola401 | ۸۲/۱۹ | ۷٤/۱۱ | ۹/۸۳ | ۳۰/٦۷ | ۲۵/٦۷ | ۱٦/۳۰ | ٦/۸۲ | ۳/۷۹ | ٤٤/٤۰ | ۷/۷۵ | ٤/۵۱ | ٤۱/۷٤ | ۱٤/۵٦ | ۸/۳۰ | ٤۲/۹۹ |
| DH1 | ۸۹/۳۱ | ۸۰/۹٦ | ۹/۳٦ | ۳۳/۳۳ | ۲۵/۵۰ | ۲۳/۵۰ | ٦/۰٤ | ۳/۳۲ | ٤۵/۰۱ | ۵/٦٤ | ۳/۸۹ | ۳۱/۰۳ | ۱۱/۵۸ | ۷/۲۱ | ۳۸/۲٦ |
| DH5 | ۹٤/۵٤ | ۷۹/۳۹ | ۱٦/۰۲ | ۳۲/۳۳ | ۲٦/۰۰ | ۱۹/۵۹ | ٤/۲٤ | ۳/۳۱ | ۲۲/۰۱ | ٦/۰۹ | ۲/۱۹ | ٦٤/۰۲ | ۱۰/۳۳ | ۵/۵۰ | ٤٦/۷۷ |
| DH8 | ۹۲/۱۰ | ۸۵/۸۹ | ٦/۷۵ | ۳۰/٦۷ | ۲۵/٦۷ | ۱٦/۳۰ | ٤/٤۲ | ۲/۷۹ | ۳٦/۷٦ | ٦/۳۷ | ۳/۹۳ | ۳۸/۲۲ | ۱۰/۷۸ | ٦/۷۳ | ۳۷/٦۲ |
| DH9 | ۹٤/۹٦ | ۸٤/۰۹ | ۱۱/٤۵ | ۳۳/٦۷ | ۲۹/۰۰ | ۱۳/۸٦ | ۵/٦۷ | ۳/۳٤ | ٤۱/۰۷ | ۵/۹٤ | ٤/٤۸ | ۲٤/٦۸ | ۱۱/٦۲ | ۷/۸۲ | ۳۲/٦۸ |
| DH11 | ۸۸/۷٦ | ۸۱/۳٦ | ۸/۳٤ | ۳۳/٦۷ | ۲۷/۳۳ | ۱۸/۸۱ | ۵/۵۲ | ۳/۱۵ | ٤۲/۹۳ | ۷/۵۲ | ٤/۳۳ | ٤۲/۳۹ | ۱۳/۰٤ | ۷/٤۸ | ٤۲/٦۲ |
| میانگین | ۸۸/۵۳ | ۷۹/۲۹ | ۱۰/٤۲ | ۲۹/٤۸ | ۲٤/۳۲ | ۱۷/۲٦ | ۵/۳۱ | ۳/۵۱ | ۳۳/٤۹ | ٦/٦۲ | ٤/۲۵ | ۳٤/۷۹ | ۱۱/۹۳ | ۷/۷٦ | ۳٤/۵۰ |
| حداکثر | ۹٤/۹٦ | ۸۵/۸۹ | ۱۷/۳٤ | ۳٤/۳۳ | ۲۹/۵۰ | ۲۹/۲۱ | ٦/۸۲ | ٤/۵۲ | ٤۸/۲۹ | ۹/۸۵ | ۷/۸۳ | ٦٤/۰۲ | ۱٦/۰۷ | ۱۱/٤٦ | ٤٦/۷۷ |
| حداقل | ۸۲/۱۹ | ۷۱/۷۵ | ۵/۰٤ | ۲٤/٦۷ | ۱۹/٦۷ | ۰/۰۰ | ۳/۹۲ | ۲/۷۹ | ۱۵/۱۷ | ۳/۳٤ | ۲/۱٤ | ۰/۰۰ | ۷/۸۱ | ٤/۹٤ | ۱۷/۸۰ |
| LSD $_{0.05}$ | ٤/۷۱۰ | | | ۵/۹۱۹ | | | ۰/٤٤۹ | | | ۲/۰۵٤ | | | ۳/۰۸۲ | | |
| LSD $_{0.01}$ | ٦/۱۹۰ | | | ۷/۷۷۹ | | | ۰/۵۹۰ | | | ۲/٦۹۹ | | | ٤/۰۵۱ | | |

RWC: محتوای نسبی آب؛ PH: ارتفاع بوته؛ SDW: وزن خشک اندام هوایی؛ RDW: ورن خشک اندام هوایی و TDW: وزن خشک کل

تنوع هاپلوتایپی در مکان‌های ژنی مورد نظر، مطابق مطالعات Huang et al. (2013) انجام شد. به این ترتیب که در هر ژنوتیپ، الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به یک QTL با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع SLM046 مقایسه شده و چنانچه ژنوتیپی از نظر تمام نشانگرهای آن QTL، ترکیب آللی یکسانی با ژنوتیپ مرجع داشت در هاپلوتایپ مرجع قرار گرفت. در غیر این صورت نیز ترکیب آللی آن ژنوتیپ خود به‌عنوان یک هاپلوتایپ مجزا در گروه‌بندی سایر ژنوتیپ‌ها استفاده شد. لازم به توضیح می‌باشد که می‌توان ژنوتیپ‌های مرجع متعددی را در نظر گرفت و سایر ژنوتیپ‌ها را با آن‌ها بررسی کرد. ولی در این تحقیق با توجه به نتایج شاخص SIIG (شکل ٦) و سایر مطالعات انجام شده ( Zali et al. 2015 and 2016) ژنوتیپ SLM046 به‌عنوان ژنوتیپ مرجع در نظر گرفته شد.

در مجموع تنوع هاپلوتایپی برای شش QTL اصلی کنترل‌کننده صفات وزن خشک اندام هوایی و وزن خشک کل گیاه در شرایط تنش خشکی با استفاده از تعدادی از نشانگرهای SSR مرتبط با QTLها بر روی کروموزوم‌های A1، C3، C6 و A5 بررسی شد. این مکان‌های ژنی طی دو آزمایش در جمعیّت دابل‌هاپلوئید که والدین مورد تلاقی از نظر تحمل به خشکی متفاوت بودند، مکان‌یابی شدند (Li et al. 2014). تعداد هاپلوتایپ‌ها از سه هاپلوتایپ برای وزن خشک اندام هوایی (کروموزوم C5) تا ۱۲ هاپلوتایپ برای وزن خشک اندام هوایی (کروموزوم C3) متغیر بود.

تنوع هاپلوتایپی برای چهار مکان ژنی کنترل کننده وزن خشک اندام هوایی واقع بر کروموزوم A1، C3، C5 و C6 انجام شد. نتایج تحلیل هاپلوتایپی برای تمام مکان‌های ژنی ذکر شده در جهت کنترل وزن خشک اندام هوایی در شرایط تنش خشکی به شرح زیر بود:

۱- به‌منظور ارزیابی تنوع آللی مکان ژنی بر کروموزوم A1 از ۳ نشانگر Ol12-F11، BRMS096 و BARS041 استفاده شد. این مکان ژنی در فاصله نشانگری Ol12-F11 و BRAS041 مکان‌یابی شده است و ۷/۰۳ درصد از تغییرات وزن خشک اندام هوایی در شرایط تنش خشکی را توجیه می‌کند (Li et al. 2014). ارقام و لاین‌های مورد نظر از لحاظ مطابقت آللی با جایگاه‌های مختلف ژنوتیپ مرجع (SLM046) در ۸ گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند (شکل‌های ۱ و ٦) که نشان داد در میان ارقام مورد بررسی تنوع ترکیب آللی وجود دارد. در هاپلوتایپ اول علاوه بر ژنوتیپ SLM046، ۱۰ لاین و ژنوتیپ دیگر شامل ژنوتیپ‌های Oase، Ahmadi، Tassilo، Hyola420 و هم‌چنین لاین‌های امیدبخش L945، L969، L996، L1008، L1009 و L1010 قرار گرفتند. این مطلب نشان می‌دهد که ممکن است تعدادی آلل یکسان و شاید مؤثر در تحمّل به خشکی در لاین‌های امیدبخش باشد. بعد از هاپلوتایپ شماره ۱، دومین هاپلوتایپ (هاپلوتایپ شماره ۲) بیش‌ترین تعداد ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها را به‌خود اختصاص داد. در هاپلوتایپ شماره ۸، ارقام و لاین‌هایی که هیچ‌کدام از آلل‌های نشانگری مشابه با رقم SLM046 در آن‌ها وجود نداشت، قرار گرفتند. در این هاپلوتایپ، دابل‌هاپلوئیدهای DH1 و DH5، هم‌چنین لاین L942 و ژنوتیپ‌های Adriana و Sarigol قرار گرفتند. لازم به‌ذکر است که بیش‌ترین مقدار ماده خشک هوایی مربوط به ژنوتیپ Hyola401 بود که در هاپلوتایپ مرجع قرار گرفت و کم‌ترین مقدار ماده خشک هوایی مربوط به لاین L963 بود که در هاپلوتایپ شماره ۵ قرار گرفت. از میان ۸ گروه هاپلوتایپی، میانگین مقدار ماده خشک اندام هوایی هاپلوتایپ‌های شماره ۱، ۲ و ٤ از متوسط کل بیش‌تر بود (جدول ٤).

| | شماره هاپلوتایپ‌ها | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| نام نشانگر | ۱ | ۲ | ۳ | ٤ | ٥ | ٦ | ۷ | ۸ |
| Ol12-F11 | ■ | ■ | ■ | | | ■ | | |
| BRMS-096 | ■ | ■ | | ■ | | | ■ | |
| BRAS041 | ■ | | ■ | ■ | ■ | | | |

شکل ۱- هاپلوتایپ‌های مکان ژنی وزن خشک اندام هوایی روی کروموزوم A1

هاپلوتایپ ۱: V1، V2، V4، V10، V14، V15، V17، V18، V19، V26 و V36؛ هاپلوتایپ ۲: V3، V11،V21، V22، V23، V27، V28، V30، V35 و V40؛ هاپلوتایپ ۳: V7 و V20؛ هاپلوتایپ ٤: V9، V12، V16، V31 و V33؛ هاپلوتایپ ٥: V6 و V40؛ هاپلوتایپ ٦: V24، V29، V34 و V41؛ هاپلوتایپ ۷: V5 و V13؛ هاپلوتایپ ۸: V8، V25، V38 و V32

جدول٤- مشخصات الگوی هاپلوتایپی ٤١ لاین و رقم کلزا برای QTLهای شناسایی شده محتوای ماده خشک هوایی (SDW) در شرایط تنش خشکی برمبنای ژنوتیپ مرجع SLM046

| شماره هاپلوتایپ | QTL مربوطه | کروموزوم | الگوی هاپلوتایپی* | فراوانی | تعداد هیبرید | تعداد لاین امیدبخش | تعداد لاین دابل هاپلوئید | میانگین هاپلوتایپ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| ١ | | | 111 | ٠/٢٦٨ | ٤ | ٧ | — | ٤/٤٤٨ ± ٠/٤٤٣ |
| ٢ | | | 110 | ٠/٢٤٤ | ٦ | ٣ | ١ | ٤/٥٧٠ ± ٠/٢٦٩ |
| ٣ | | | 101 | ٠/٠٤٩ | — | ٢ | — | ٤/١٨٤ ± ٠/٣٨٥ |
| ٤ | rsdw1.4 | A1 | 011 | ٠/١٢٢ | ٢ | ٣ | — | ٤/٦٦٦ ± ٠/٤٧٤ |
| ٥ | | | 001 | ٠/٠٤٩ | — | ١ | ١ | ٤/٣٦٢ ± ٠/٠٨٤ |
| ٦ | | | 100 | ٠/٠٩٨ | ٣ | — | ١ | ٤/٣٨٠ ± ٠/٢٨٧ |
| ٧ | | | 010 | ٠/٠٤٩ | — | ٢ | — | ٤/٣٢١ ± ٠/٥٨٧ |
| ٨ | | | 000 | ٠/١٢٢ | ٢ | ١ | ٢ | ٤/٣٢١ ± ٠/٥٨٧ |
| ١ | | | 11111 | ٠/٠٤٩ | ٢ | — | — | ٤/٣٩٤ ± ٠/٢٢٣ |
| ٢ | | | 11010 | ٠/٢٦٨ | ٣ | ٨ | — | ٤/٤٩٠ ± ٠/٢٨٧ |
| ٣ | | | 01010 | ٠/٠٩٨ | ١ | ٣ | — | ٤/١٧٣ ± ٠/٤٥١ |
| ٤ | | | 11011 | ٠/١٤٦ | ٤ | ٢ | — | ٤/٣٦٠ ± ٠/٥٠٨ |
| ٥ | | | 00011 | ٠/٠٢٤ | — | ١ | — | ٤/٣٩٠ |
| ٦ | rsdw15.4 | C5 | 01000 | ٠/٠٢٤ | — | ١ | — | ٤/١٨٠ |
| ٧ | | | 01001 | ٠/٠٧٣ | ٢ | ١ | — | ٤/٥٢٧ ± ٠/٦٣٣ |
| ٨ | | | 01011 | ٠/١٤٦ | ٤ | ١ | ١ | ٤/٤٨٦ ± ٠/٥٥٠ |
| ٩ | | | 11001 | ٠/٠٢٤ | ١ | — | — | ٥/٢٢٠ |
| ١٠ | | | 01111 | ٠/٠٩٨ | ١ | — | ٣ | ٤/٠٢٥ ± ٠/٤١٢ |
| ١١ | | | 11000 | ٠/٠٢٤ | ١ | — | — | ٤/٣٥٠ |
| ١٢ | | | 01110 | ٠/٠٢٤ | — | — | ١ | ٣/٩٠٠ |
| ١ | | | 1111 | ٠/٠٧٣ | ٣ | — | — | ٤/٥٤٤ ± ٠/٣٠٣ |
| ٢ | | | 1110 | ٠/٢٢٠ | ٥ | ٣ | ١ | ٤/٣١٤ ± ٠/٤٨١ |
| ٣ | | | 1010 | ٠/١٢٢ | ٣ | ٢ | — | ٤/٤٣٣ ± ٠/٥٨١ |
| ٤ | | | 0110 | ٠/٢٩٣ | ٣ | ٧ | ٢ | ٤/٤٨٧ ± ٠/٣٩٣ |
| ٥ | rsdw16.3 | C6 | 0010 | ٠/١٢٢ | ٣ | — | ٢ | ٤/١٢١ ± ٠/٥٩٨ |
| ٦ | | | 0100 | ٠/٠٢٤ | — | ١ | — | ٤/٥٥٧ |
| ٧ | | | 0011 | ٠/٠٤٩ | ١ | ١ | — | ٤/٢٢٩ ± ١/٣٨٥ |
| ٨ | | | 0111 | ٠/٠٢٤ | ١ | — | — | ٤/١٧٥ |
| ٩ | | | 1011 | ٠/٠٢٤ | ١ | — | — | ٥/٠٤٨ |
| ١٠ | | | 0000 | ٠/٠٤٩ | ٢ | — | — | ٤/٧٣٨ ± ٠/٠٨٥ |
| ١ | | | 11 | ٠/٠٤٩ | ١ | ١ | — | ٤/٢٩٣ ± ٠/٣٦٥ |
| ٢ | rrdw15.4 | C5 | 10 | ٠/٨٢٩ | ١٦ | ١٣ | ٥ | ٤/٤١٢ ± ٠/٤٤٦ |
| ٣ | | | 00 | ٠/١٢٢ | ٢ | ٣ | — | ٤/٤٣٥ ± ٠/٢٤٢ |
| **میانگین** | | | | | | | | ٤/٤٠٦ ± ٠/٤٤٦ |

*: عدد یک در هر خانه نشان‌دهنده مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع و صفر نشان‌دهنده عدم مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع می‌باشد.

٢- فاصله نشانگری Na10-C01 و FITO133 واقع بر کروموزوم C3، از دیگر مکان‌های ژنی کنترل‌کننده وزن خشک اندام هوایی است که ٧/٣٤ درصد از تغییرات آن را توجیه می‌کند (Li et al. 2014). نشانگرهای مورد استفاده شامل ٥ نشانگر، Na10-E02، CB10003، Na12-A08، FITO133 و Na10-C101 بود. ارقام و لاین‌های مورد بررسی با استفاده از این ٥ نشانگر در ١٢ گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند (شکل‌های ٢ و ٦). از میان ١٢ گروه هاپلوتایپی، ٥ گروه مربوط به گروه‌های ژنوتیپی منفرد بود (هاپلوتایپ‌های شماره ٥، ٦، ٩، ١١ و ١٢) و هیچ‌یک از ژنوتیپ‌ها (به‌جزء ژنوتیپ Oase)، مطابقت آللی از لحاظ همه جایگاه‌های

نشانگری رقم SLM046 را نداشتند و ترکیبات متفاوتی از برخی آلل‌های رقم SLM046 مشاهده شد. بیش‌ترین تعداد لاین و ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌ترتیب در هاپلوتایپ‌های شماره ۲، ٤ و ۸ مشاهده شد. بیش‌ترین میزان تولید ماده خشک نسبت به متوسط کل به‌ترتیب مربوط به هاپلوتایپ‌های شماره ۷، ۸ و ۲ بود (جدول ۳). هاپلوتایپ‌های ٤ و ۱۰ بیش‌ترین شباهت آللی را با رقم SLM046 داشتند. در هاپلوتایپ ۱۰ بیش‌تر لاین‌های دابل‌هاپلوئید قرار داشتند. در هاپلوتایپ شماره ۲، بیش‌تر لاین‌های امیدبخش قرار گرفته‌اند (جدول ۳). این مطلب نشان می‌دهد که ترکیبات آللی مشابهی در بین لاین‌های امیدبخش وجود دارد.

| | شماره هاپلوتایپ‌ها | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| نام نشانگر | ۱ | ۲ | ۳ | ٤ | ٥ | ٦ | ۷ | ۸ | ۹ | ۱۰ | ۱۱ | ۱۲ |
| Na10-C10 | ■ | ■ | | ■ | | | | | ■ | | ■ | |
| FITO133 | ■ | ■ | ■ | ■ | | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ |
| Na12-A08 | ■ | | | | | | | | | ■ | | ■ |
| CB10003 | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ | | | ■ | | ■ | | ■ |
| Na10-E02 | ■ | | | ■ | ■ | | ■ | ■ | | ■ | | |

شکل ۲- هاپلوتایپ‌های مکان ژنی وزن خشک اندام هوایی روی کروموزوم C3

هاپلوتایپ ۱: V1 و V2؛ هاپلوتایپ ۲: V3، V11، V17، V18، V19، V20، V21، V22، V23، V29 و V15؛ هاپلوتایپ ۳: V4، V7، V12 و V14؛ هاپلوتایپ ٤: V5، V10، V16، V24، V25 و V26؛ هاپلوتایپ ٥: V6؛ هاپلوتایپ ٦: V8؛ هاپلوتایپ ۷: V9، V30 و V32؛ هاپلوتایپ ۸: V28، V31، V35، V36، V41 و V13؛ هاپلوتایپ ۹: V33؛ هاپلوتایپ ۱۰: V34، V38، V39 و V40؛ هاپلوتایپ ۱۱: V11؛ هاپلوتایپ ۱۲: V37

| | شماره هاپلوتایپ‌ها | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| نام نشانگر | ۱ | ۲ | ۳ | ٤ | ٥ | ٦ | ۷ | ۸ | ۹ | ۱۰ |
| CB10526 | ■ | ■ | ■ | | | | | | ■ | |
| CB10234 | ■ | ■ | | ■ | | ■ | | ■ | | |
| CB10502 | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ | | ■ | ■ | ■ | |
| CB10010 | ■ | | | | | | ■ | ■ | ■ | |

شکل۳- هاپلوتایپ‌های مکان ژنی وزن خشک اندام هوایی روی کروموزوم C6

هاپلوتایپ ۱: V1، V2 و V4؛ هاپلوتایپ ۲: V3، V5، V6، V8، V9، V25، V26، V32 و V39؛ هاپلوتایپ ۳: V3، V10، V28، V33 و V31؛ هاپوتایپ ٤: V11، V12، V15، V17، V18، V20، V21، V23، V35، V36، V40 و V41؛ هاپلوتایپ ٥: V13، V14، V16، V37 و V38؛ هاپلوتایپ ٦: V19؛ هاپلوتایپ ۷: V22 و V34؛ هاپلوتایپ ۸: V24؛ هاپلوتایپ ۹: V30؛ هاپلوتایپ ۱۰: V27 و V29

۳- سومین مکان ژنی مورد بررسی جهت کنترل وزن خشک اندام هوایی در شرایط تنش خشکی، در فاصله نشانگری P04MC03 و CB10526 واقع در کروموزوم C7 بود و ٦/٦٨ از تغییرات این صفت را توجیه می‌کرد (Li et al. 2014). برای ارزیابی تنوع هاپلوتایپی آن از ٤ نشانگر CB10526، CB10234، CB10502 و CB10010 استفاده شد. ارقام و لاین‌های مورد بررسی در ۱۰ گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند (شکل‌های ۳ و ٦). از میان ۱۰ گروه هاپلوتایپی، ٦ گروه مربوط به گروه‌های ژنوتیپی منفرد و دوتایی بودند (هاپلوتایپ‌های شماره ٥، ۸، ۹، ۷ و ۱۰) و هیچ‌یک از ژنوتیپ‌ها (به‌جزء ژنوتیپ Ahmadi و Oase)، مطابقت آللی از لحاظ همه جایگاه‌های نشانگری با رقم مرجع SLM046 را نداشتند و ترکیبات متفاوتی از برخی آلل‌های رقم SLM046 مشاهده شد. بیش‌ترین تعداد لاین و ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌ترتیب در هاپلوتایپ‌های شماره ٤ و ۲ مشاهده شد.

به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی، براساس مطالعات مولکولی انجام شده، ۳ مکان ژنی کنترل‌کننده وزن خشک گیاه در شرایط تنش تعیین شد. مکان‌های ژنی مورد بررسی، حاصل مطالعات نقشه‌یابی در دو آزمایش در جمعیّت دابل هاپلوئید می‌باشند (Li et al. 2014). نتایج تنوع هاپلوتایپی برای دو مکان ژنی به شرح ذیل بود:

۱- اولین مکان ژنی مورد بررسی جهت کنترل وزن خشک اندام هوایی در شرایط تنش خشکی، در فاصله نشانگری Ol12-F11 و BRMS-096 واقع در کروموزوم A1 بود و ۸/۰٤ درصد از تغییرات این صفت را توجیه می‌کنند (Li et al. 2014). برای بررسی تنوع هاپلوتایپی آن از ۳ نشانگر Ol12-F11، BRAS041 و BRMS-096 استفاده شد و ۹ گروه هاپلوتایپی شناسایی شد (شکل‌های ٤ و ۷) که نشان داد در میان ارقام مورد بررسی تنوع ترکیب آللی وجود دارد. در هاپلوتایپ اول علاوه بر ژنوتیپ SLM046، لاین‌های امیدبخش L996، L1008 و L1009 و ژنوتیپ‌های Oase، Tassilo، Hyola401 و DH9 قرار گرفتند که این مطلب شاید بیانگر حضور آلل‌های یکسان در این ارقام ولاین‌های امیدبخش باشد. هاپلوتایپ شماره ۲ بیش‌ترین تعداد ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها را به خود اختصاص داده است. در هاپلوتایپ شماره ۹ ارقام و لاین‌هایی هستند که هیچ‌کدام از آلل‌های

نشانگری مشابه با رقم SLM046 در آن‌ها وجود ندارد. در این هاپلوتایپ، دابل‌هاپلوئیدهای DH1 و DH5، هم‌چنین لاین L942 و ژنوتیپ‌های Adriana و Sarigol قرار دارد. لازم به‌ذکر است بیش‌ترین مقدار ماده خشک کل مربوط به لاین L1010 که در هاپلوتایپ مرجع قرار گرفته بود و کم‌ترین مقدار ماده خشک هوایی مربوط به لاین L963 بود که در هاپلوتایپ شماره ۳ قرار داشت. از میان ۹ گروه هاپلوتایپی، هاپلوتایپ‌های شماره ۱،۲ و ۷ میانگین مقدار ماده خشک کل در آن‌ها از متوسط کل بیش‌تر بود. هاپلوتایپ شماره ۲ ضمن داشتن شباهت به هاپلوتایپ مرجع، دارای محتوای ماده خشک بالاتر از میانگین کل نیز بود (جدول ۵) که بیانگر اهمیّت ترکیب آللی مشترک این دو هاپلوتایپ در کنترل ماده خشک گیاه می‌باشد. کم‌ترین مقدار ماده خشک کل مربوط به هاپلوتایپ شماره ٦ بود. در این هاپلوتایپ لاین‌های L944، L945، L957، L969، L1003 و DH38 قرار داشتند. در این هاپلوتایپ به‌جزء لاین L1003، سایر لاین‌ها مقدار ماده خشک کم‌تر از میانگین کل را داشتند.

۲- دومین مکان‌ژنی کنترل‌کننده وزن خشک کل بر روی کروموزوم C3 و در فاصله نشانگری P04MC02 و P16MC04 قرار دارد و ٦/١٤ درصد تغییرات صفت مربوطه را در شرایط تنش کنترل می‌کند (Li et al. 2014). به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی این مکان ژنی از ۳ نشانگر Na12-A08، FITO133 و Na10-E02 استفاده شد و در مجموع ۵ گروه هاپلوتایپی مشخص شد (شکل‌های ۵ و ۷). ژنوتیپ‌های Oase، Talaye، DH5، DH8 و DH9 در هاپلوتایپ مرجع قرار گرفتند. هم‌چنین نتایج نشان داد که بیش‌تر لاین‌ها و ژنوتیپ‌های مورد بررسی در دو هاپلوتایپ شماره ۲ و ۳ قرار گرفته‌اند.

تاکنون مطالعاتی در زمینه تنوع هاپلوتایپی در مورد QTLهای کنترل‌کننده صفات مرتبط با تحمّل به خشکی در کلزا و هم‌چنین تنوع هاپلوتایپی در مورد سایر صفات کلزا گزارش نشده است. ولی تحقیقات تنوع هاپلوتایپی در مورد بسیاری گیاهان (Ogbonnaya et al. 2007) و مخصوصاً هاپلوتایپ‌های مربوط به ژن‌های کنترل‌کننده مقاومت به بیماری‌ها انجام شده‌است (Liu and Anderson, 2003؛ Haile et al. 2012؛ Huang et al. 2013).

جدول۵- مشخصات الگوی هاپلوتایپی ٤١ لاین و رقم کلزا برای QTLهای شناسایی شده مقدار ماده خشک کل (TDW) در شرایط تنش خشکی برمبنای ژنوتیپ مرجع SLM046

| شماره هاپلوتایپ | QTL مربوطه | کروموزوم | الگوی هاپلوتایپی | فراوانی | تعداد هیبرید | تعداد لاین امیدبخش | تعداد لاین دابل هاپلوئید | میانگین هاپلوتایپ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| ۱ | | | 111 | ۰/۲۲۰ | ٤ | ٤ | ۱ | ۱۱/۰۳٦ ± ۱/۰۳٦ |
| ۲ | | | 110 | ۰/۲٤٤ | ۷ | ۳ | — | ۱۰/٤۰٤ ± ۱/٦۱۰ |
| ۳ | | | 010 | ۰/۰۷۳ | ۲ | ۱ | — | ۸/۷۳٤ ± ۲/٦۸۰ |
| ٤ | | | 001 | ۰/۰۲٤ | — | ۱ | — | ۹/۲۸۰ |
| ٥ | rtdw1b.4 | A1 | 101 | ۰/۰٤۹ | — | ۲ | — | ۹/۲۰۱ ± ۲/٤۹٥ |
| ٦ | | | 011 | ۰/۱٤٦ | — | ٥ | ۱ | ۸/٥۳۹ ± ۲/٥٦۲ |
| ۷ | | | 100 | ۰/۰۷۳ | ۲ | — | ۱ | ۱۰/۳۰٥ ± ۰/٤۱۷ |
| ۸ | | | 011 | ۰/۰٤۹ | ۲ | — | — | ۹/۷۹٦ ± ۱/٤۲٥ |
| ۹ | | | 000 | ۰/۱۲۲ | ۲ | ۱ | ۲ | ۸/۹۲۰ ± ۱/۰۱۳ |
| ۱ | | | 111 | ۰/۱٤٦ | ۳ | — | ۳ | ۱۰/۱۱۰ ± ۱/۷۹۳ |
| ۲ | | | 010 | ۰/۳۹۰ | ٦ | ۱۰ | — | ۹/۹۰۰ ± ۱/٦۰۷ |
| ۳ | rtdw13.3 | C3 | 110 | ۰/۳٦٦ | ۱۰ | ٤ | ۱ | ۹/٦۳۰ ± ۱/۷۸٥ |
| ٤ | | | 100 | ۰/۰۲٤ | — | ۱ | — | ۹/۲۸۰ |
| ٥ | | | 011 | ۰/۰۷۳ | — | ۲ | ۱ | ۱۰/۲٦۳ ± ۲/۱۸٤ |
| میانگین | | | | | | | | ۹/۷۷۰ ± ۱/٦۰٤ |

*: عدد یک در هر خانه نشان‌دهنده مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع و صفر نشان‌دهنده عدم مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع می‌باشد

| | | | وزن خشک اندام هوایی | | | | | | | | | | | | | وزن خشک کل گیاه | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | A1 | | | C3 | | | | | C6 | | | | C5 | | A1 | | | C3 | | |
| نام ژنوتیپ‌ها | کد ژنوتیپ‌ها | SIIG | Ol12-F11 | BRMS-096 | BRAS041 | Na10-C101 | FITO133 | Na12-A08 | CB10003 | Na10-E02 | CB10526 | CB10234 | CB10502 | CB10010 | Ol10-B02 | BRMS-030 | Ol12-F11 | BRMS-096 | BRAS041 | Na10-E02 | FITO133 | Na12-A08 |
| SLM046 | V1 | ۰/۵۷۶ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| Oase | V2 | ۰/۴۰۱ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| Karaj 1 | V3 | ۰/۴۸۵ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Ahmadi | V4 | ۰/۴۲۷ | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Okapi | V5 | ۰/۲۸۲ | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| L938 | V6 | ۰/۵۰۱ | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 |
| L941 | V7 | ۰/۵۴۲ | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L942 | V8 | ۰/۴۶۶ | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| L944 | V9 | ۰/۴۰۸ | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| L945 | V10 | ۰/۳۸۵ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| L955 | V11 | ۰/۳۴۸ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| L957 | V12 | ۰/۴۳۸ | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L963 | V13 | ۰/۲۶۰ | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| L969 | V14 | ۰/۴۸۶ | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L996 | V15 | ۰/۵۴۷ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 |
| L1003 | V16 | ۰/۳۷۱ | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| L1008 | V17 | ۰/۴۵۵ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L1009 | V18 | ۰/۵۷۷ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 |
| L1010 | V19 | ۰/۵۶۴ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L1011 | V20 | ۰/۴۶۰ | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| L1012 | V21 | ۰/۵۳۵ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| L1013 | V22 | ۰/۵۹۲ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Lilian | V23 | ۰/۲۸۴ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Cooper | V24 | ۰/۴۴۷ | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Adriana | V25 | ۰/۴۴۲ | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Tassilo | V26 | ۰/۴۴۷ | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| Karun | V27 | ۰/۵۸۳ | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Zarfam | V28 | ۰/۶۷۴ | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Karaj 2 | V29 | ۰/۴۸۹ | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| Opera | V30 | ۰/۴۹۷ | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Orient | V31 | ۰/۲۵۳ | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| Sarigol | V32 | ۰/۳۴۲ | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Licord | V33 | ۰/۳۸۳ | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| Talaye | V34 | ۰/۵۸۲ | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 |
| Hyola420 | V35 | ۰/۳۶۶ | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 |
| Hyola401 | V36 | ۰/۴۲۴ | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| DH1 | V37 | ۰/۴۰۱ | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| DH5 | V38 | ۰/۲۷۷ | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 |
| DH8 | V39 | ۰/۳۶۴ | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| DH9 | V40 | ۰/۴۷۶ | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| DH11 | V41 | ۰/۳۷۹ | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 |

شکل ٦- تنوع هاپلوتایپی نشانگرهای SSR مرتبط با ٦ QTL تحمّل به خشکی در ٤١ لاین و ژنوتیپ کلزا. عدد یک در هر خانه نشان‌دهنده مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع و صفر نشان‌دهنده عدم مطابقت الگوهای نواری نشانگرهای پیوسته به QTL مربوطه با ترکیب آللی ژنوتیپ مرجع می‌باشد.

| نام نشانگر | شماره هاپلوتایپ‌ها | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | ۱ | ۲ | ۳ | ٤ | ٥ | ٦ | ۷ | ۸ | ۹ |
| Ol12-F11 | ■ | ■ | | | ■ | | ■ | | |
| BRMS-096 | ■ | ■ | ■ | | | ■ | | ■ | |
| BRAS041 | ■ | | | ■ | ■ | ■ | | ■ | |

شکل ٤- هاپلوتایپ‌های مکان ژنی وزن خشک کل گیاه روی کروموزوم A1

هاپلوتایپ ۱: V1، V2، V15، V17، V18، V19، V26، V36 و V40؛ هاپلوتایپ ۲: V3، V4، V21، V22، V23، V27، V28، V30، V35 و V11؛ هاپلوتایپ ۳: V5، V13 و V34؛ هاپلوتایپ ٤: V6؛ هاپلوتایپ ٥: V20 و V7؛ هاپلوتایپ ٦: V9، V10، V12، V14، V16 و V39؛ هاپلوتایپ ۷: V24، V29 و V41؛ هاپلوتایپ ۸: V31 و V33؛ هاپلوتایپ ۹: V8، V25، V32، V37 و V38

| نام نشانگر | شماره هاپلوتایپ‌ها | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | ۱ | ۲ | ۳ | ٤ | ٥ |
| Na10-E02 | ■ | | ■ | ■ | |
| FITO133 | ■ | ■ | ■ | | ■ |
| Na12-A08 | ■ | | | | ■ |

شکل ٥- هاپلوتایپ‌های مکان ژنی وزن خشک کل گیاه روی کروموزوم C5

هاپلوتایپ ۱: V1، V2، V34، V38، V39 و V40؛ هاپلوتایپ ۲: V3، V4، V7، V8، V11، V12، V14، V17، V19، V20، V21، V22، V23، V27، V29 و V33؛ هاپلوتایپ ۳: V5، V9، V10، V13، V16، V24، V25، V26، V28، V30، V31، V32، V35، V36 و V41؛ هاپلوتایپ ٤: V6؛ هاپلوتایپ ٥: V15، V18 و V37

در مجموع نتایج نشان داد که هاپلوتایپ‌هایی که با نشانگرهای Ol12-F12، BRMS-096 و BRAS041 روی کروموزوم A1 و نشانگرهای Na10-E02، FITO133 و Na12-A08 بر روی کروموزوم C1 مشخص شدند، احتمالاً می‌توانند در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل کمک کنند و بنابراین برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS) QTLهای متحمل به خشکی استفاده شوند.

## منابع


Burn JE, Smyth DR, Peacock WJ, Dennis ES (1993) Genes conferring late flowering in Arabidopsis thaliana. Genetica 90:147-155.

Burns MJ, Barnes SR, Bowman JG, Clarke MHE, Werner CP, Kearsey MG (2003) QTL analysis of an intervarietal set substitution lines in Brassica napus (i) seed oil content and fatty acid composition. Heredity 90:39-48.

Butruille DV, Guries RP, Osborn TC (1999) Linkage analysis of molecular markers and quantitative trait loci in populations of inbred backcross lines of *Brassica napus* L. Genetics 153:949- 964.

Chen W, Zhang Y, Xueping L, Chen B, Tu J, Tingdong F (2007) Detection of QTL for six yield-related traits in oilseed rape (*Brassica napus* L.) using DH and immortalized F2 populations. Theoretical and Applied Genetics 115:849-858.

Dellaporta SL, Wood J and Tickes JB (1993) A plant molecular DNA minipreparation. Version Π. Plant Molecular Biology Reporter 1:19-21.

Delourme R, Falntin C, Huteau V, Clouet V, Horvais R, Gandon B, Specel S, Hanneton L, Dheu JE, Deschamps M, Margale E, Vincourt P (2006) Genetic control of oil content in oilseed rape (*Brassica napus* L.). Theoretical and Applied Genetics 113:1331-1345.

Fares K, Guasmi F, Touil L, Triki T and. Ferchichi A (2009) Genetic diversity of Pistachio tree using Inter-Simple Sequence markers (ISSR) supported by morphological and chemical markers. Biotechnology 8:24-34.

Ferreira ME, Satagopan J, Yandell BS, Williams P, Osborn TC (1995) Mapping loci controlling vernalization requirement and flowering time in *Brassica napus*. Theoretical and Applied Genetics 90:727-732.

Haile JK, Hammer K et al (2012) Haplotype analysis of molecular markers linked to stem rust resistance genes in Ethiopian improved durum wheat varieties and tetraploid wheat landraces. Genetic Resources and Crop Evolution 1-12.

Howell PM, Sharpe AG, Lydiate DJ (2003) Homoeologous loci control the accumulation of seed glucosinolates in oilseed rape (*Brassica napus*). Genome 46:454-460.

Huang Y, Millett BP et al (2013) Haplotype diversity and population structure in cultivated and wild barley evaluated for Fusarium head blight responses. Theoretical and Applied Genetics 1-18.

Johnson U, West J, Lister C, Michwels S, Amasino R, Dean C (2000) Molecular analysis of FRIGIDA, a major determinant of natural variation in Arabidopsis flowering time. Science 290:344-347.

Li Z, Mei Sh, Mei Zh, Liu X, Fu T, Zhou G, Tu J (2014) Mapping of QTL associated with waterlogging tolerance and drought resistance during the seedling stage in oilseed rape (*Brassica napus*). Euphytica 197:341-353.

Liu S, Anderson JA (2003) Targeted molecular mapping of a major wheat QTL for *Fusarium* head blight resistance using wheat ESTs and synteny with rice. Genome 46:817-23.

Mayerhofer R, Bansal VK, Thiagarajah MR, Stringam GR, Good AG (1997) Molecular mapping of resistance to *Leptosphaeria maculans* in Australian cultivars of *Brassica napus*. Genome 40:294-301.

Mohammadi-Nejad G, Arzani A, Rezai A, Singh RK, Gregorio GB (2008) Assessment of rice genotypes for salt tolerance using microsatellite markers associated with the saltol QTL. African Journal of Biotechnology 7:730-736.

Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89:583-590.

Ogbonnaya FC, Imtiaz M, Depauw RM (2007) Haplotype diversity of preharvesting QTLs in wheat. Genome 50:107-118.

Osborn TC, Cole C, Parkin IA, Sharpe AG, Kuiper M, Lydiate DJ, Trick M (1997) Comparison of flowering time genes in *Brassica napus*, *Brassica rapa* and *Arabidopsis thaliana*. Genetic 146:1123-1129.

Pilet ML, Delourme R, Foisset N, Renard M (1998) Identification of loci contributing to quantitative field resistance bkackleg disease, causal agent *Leptosphaeria maculans* (Desm) Ces. Et de Not., in winter rapeseed (*Brassica napus* L.). Theoretical and Applied Genetics 96: 23-30.

Powell W, Morgante M, Ander C, Hanafey M, Vogel J, Tingy S, Rafalaski A (1996) The comparison of RFLP, APD, AFLP and SSR (microsatellite) marker for germplasm analysis. Journal of Molecular Breeding 2:225-238.

Rezaei zad A, Mohammadi VA, Zali AA, Zeinali H, Mardi M (2012) Mapping QTLs controlling yield and yield components of oilseed rape under normal irrigation and drought stress conditions. Journal of Breeding Seed and Plant 27:199-218 (In Farsi).

Shannon CE Weaver W (1949) The mathematical theory of communication. University of Illinois Press, Urbana.

Shi J, Li R, Qiu D, Jiang C, Long Y, Morgan C, Bancroft I, Zhao J, Meng J (2009) Unraveling the complex trait of crop yield with quantitative trait loci mapping in *Brassica napus*. Genetics 182: 851-61.

Somers DJ, Friesen KRD, Rakow G (1998) Identification of molecular markers associated with linoleic acid desaturation in *Brassica napus*. Theoretical and Applied Genetics 96:897-903.

Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asghari A, Hoseini, SM (2015) Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. Biological Forum – An International Journal 7:425-436.

Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asghari A, *Zeinalabedini*, M (2016) Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. Journal of Crop Breeding 78:77-90. (In Farsi)

Zarea R, Mohammadi-Nejad G, Shahsavand-Hassani H (2013) Allelic variation of containing markers in responsible QTL for salinity tolerance (*Saltol*) at seedling stage in Iranian rice cultivars. Journal of Agricultural Biotechnology 5:1-14 (In Farsi).

Zhao J, Meng J (2003) Genetic analysis of loci associated with partial resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in rapeseed (*Brassica napus* L.). Theoretical and Applied Genetics 106:759-764.