بررسی تنوع ژنتیکی و مکان‌یابی QTLهای کنترل کننده صفات مرتبط با جوانه‌زنی بذر و استقرار گیاهچه گندم

معروف خلیلی[1*]، فهیمه جواهری کاشانی[2]، محمد علی ابراهیمی[1]

1-عضو هیئت علمی بخش کشاورزی، دانشگاه پیام نور، ایران

2-دانش آموخته بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه پیام نور، ایران

چکیده

به منظور بررسی تنوع و مکان‌یابی QTLهای کنترل کننده صفات مورفولوژیکی و رویشی بذر گندم، 148 اینبرد لاین نوترکیب همراه با دو والد Rojo Yecora و No. 49، آزمایشی در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار و دو شرایط نرمال و تنش رطوبتی در سال 1395 اجرا شد. صفات درصد جوانه‌زنی نهایی، سرعت جوانه‌زنی، طول ریشه‌چه وساقه‌چه، وزن خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه، وزن خشک گیاهچه و شاخص بنیه بذر مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر کلیه صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری وجود داشت. در شرایط نرمال رطوبتی بالاترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی به صفات طول ساقه‌چه، وزن ساقه‌چه، شاخص بنیه بذر و درصد جوانه‌زنی نهایی اختصاص داشت، همچنین بالاترین مقدار وراثت پذیری خصوصی در شرایط تنش کم آبی به صفت طول ریشه چه اختصاص داشت. تجزیه QTL به روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) برای هر صفت در هر محیط و میانگین دو محیط انجام گردید. در شرایط نرمال در مجموع 16عدد QTL شناسایی شد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از 11/5 تا 21/6 درصد متغییر بود؛ بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب متعلق به وزن خشک ساقه چه و وزن خشک ریشه چه بود و همچنین LOD در دامنه 3/15 تا 6/76 قرار داشت. در شرایط تنش رطوبتی در مجموع 20 عدد QTL شناسایی گردید واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از 11/9 تا 24/7 درصد متغییر بود که به ترتیب صفات وزن خشک ریشه چه و طول ساقه چه اختصاص داشت، LOD نیز در دامنه 3/11 تا 9/67 قرار داشت. برای صفات مورد مطالعه در میانگین دو محیط 14عدد QTL شناسایی شد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از 11/41 تا 23/2 درصد متغییر بود که به ترتیب صفات وزن خشک ریشه‌چه و وزن خشک ساقه چه اختصاص داشت. LOD در دامنه 3/12 تا 7/25 قرار داشت. در دو شرایط محیطی مختلف و میانگین آنها، QTL شناسایی شده بر روی کروموزوم شماره 4B و حد فاصل دو مارکر Wms121-Sukkula.1300 کنترل کننده صفات وزن خشک ساقه چه و شاخص بنیه بذر و QTL قرار گرفته بر روی کرموزوم 2D حد فاصل دو مارکر Gwm349-Wmc445 کنترل کننده صفت شاخص بنیه بذر، در کلیه شرایط پایداری کامل داشتند که می‌توان از آنها برای گزینش به کمک نشانگر (MAS) استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: اینبرد لاین نوترکیب، QTL، شاخص‌های گیاهچه‌ای، گندم

---

* نگارنده مسئول: *makhalily@yahoo.com* تاریخ دریافت: 1395/12/25 تاریخ پذیرش: 1396/4/9

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) مهمترین گیاه زراعی از نظر میزان تولید و اهمیت در جهان است که در سطحی معادل 217 میلیون هکتار کشت می‌شود و میزان تولید سالیانه آن 651 میلیون تن گزارش شده است (FAO. 2015). در بیش از50 درصد مناطق زیر کشت گندم در دنیا، خشکی عامل اصلی کاهنده تولید این گیاه می‌باشد (Trethowan and Reynolds, 2007). بنابراین، تولید ارقام متحمل به تنش در مراحل مختلف رشد فیزیولوژیکی از چالش‌های اصلی برنامه‌های اصلاح گندم در دنیا می‌باشد.

جوانه زنی یکی از مراحل حساس به تنش خشکی بوده و در مناطقی که استقرار گیاه در اثر خشکی با مشکل مواجه می‌شود، اصلاح صفات مربوط به جوانه زنی یکی از اهداف مهم بشمار می‌آید و در گزینش مقاومت به خشکی توصیه شده است (Bayoumi *et al*., 2008). جوانه‌زدن بذر یکی از اولین شاخص‌های زنده ماندن بذر بوده و این پارامتر بیانگر پتانسیل جوانه زنی و ارزش زراعی برای کاشت بذر می‌باشد (Contreras *et al*.,2005). عوامل بسیاری ممکن است به عوارض جانبی ساختاری جوانه زنی ضعیف بذر منجر گردد و تغییرات متابولیکی در بذر باعث کاهش جوانه‌زنی، عدم فعال شدن جنین بذر و بقیه مراحل رشد گیاه را با مشکل مواجه می‌کند. روند جوانه زنی بسیار پیچیده بوده و این موضوع به اثرات بسیاری از عوامل ژنتیکی، فیزیولوژیکی و محیطی بستگی دارد (Bewley et., 1994). پتانسیل جوانه زنی یک صفت کمی و احتمالاً کنترل پلی ژنیک داشته باشد که آن نیز توسط عوامل خارجی تحت تاثیر قرار می‌گیرد (Zhang *et al*., 2005). رشد اولیهٔ گیاه مهم ترین مرحله برای استقرار گیاه، به خصوص در شرایط تنش خشکی است. علاوه بر این غلاتی که در پاییز کشت می‌شوند، اغلب در آغاز فصل تنش خشکی را تجربه می‌کنند(Landjeva *et al*., 2008) گندم‌های با بنیهٔ اولیهٔ قویتر، سریع‌تر بر روی سطح خاک سایه می‌اندازند و هدر رفتن آب را کاهش می‌دهند. هدر رفتن آب با تبخیر از سطح خاک بر کارایی مصرف آب به خصوص در نواحی خشک تأثیر می‌گذارد (Spielmeyer *et al*., 2007; Nezhad *et al*., 2012). همچنین رشد سریع اولیه با افزایش قدرت رقابت گیاه در مواجه شدن با علف‌های هرز منجر به کاهش رشد علف‌های هرز می‌شود (عبدالشاهی و همکاران، 1388).

گزینش مستقیم برای عملکرد در شرایط تنش خشکی با توجه به وراثت‌پذیری کم، کنترل پلی‌ژنی، اپیستازی، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و QTL × محیط و نیز پیچیده بودن ساز و کارهای تحمل خشکی کارآیی چندانی ندارد. بنابراین، برای بهبود تحمل به خشکی، شناسایی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات مرتبط با تحمل خشکی (خصوصیات و شاخص‌های جوانه زنی) و استفاده از نشانگرهای پیوسته با این ژن‌های می‌تواند علاوه بر تسریع برنامه‌های اصلاحی، کارآیی آن‌ها را نیز در جهت تولید ارقام متحمل پر محصول افزایش دهد (Cattivelli, 2008). تعیین تعداد و نوع اثر ژن‌های کنترل کننده صفات کمی از قبیل عملکرد و صفات کیفی مرتبط با آن گام اساسی در اصلاح مولکولی گیاهان است (Cooper *et al*., 2009). تجزیه QTL

پلی است که رابطه بین تنوع پیوسته فنوتیپی (قابل اندازه‌گیری) و مکانیزم‌های توارثی حاصل از تنوع ژنتیکی مکان‌های ژنی منفرد را برقرار می‌سازد*et al* (Collard ., 2005).

یکی از دلایلی که باعث می‌شود تا یک QTL مشخص در نواحی مختلف ژنوم واقع شود، اثر محیط است. ناپایداری QTLها در محیط‌های متفاوت ناشی از کنترل صفات به وسیلهٔ تعداد زیادی مکان ژنی با اثر کم است و اثر محیط در آنها زیاد است. جوامع اصلاحی وقتی در محیط‌های متنوع آزمایش می‌شوند، معمولاً اثر محیط را نشان می‌دهند. اثر متقابل QTL×E به صورت تغییر در تعداد QTLها یا تغییر در اندازهٔ اثر آنها در محیط های متفاوت بیان می شود (Hayes *et al*., 1993)، بنابراین در تجزیهٔ QTL تکرار آزمایش در چند محیط اهمیت خاصی دارد زیرا بعضی از QTLها اختصاصی محیط هستند و درصورت فقدان تکرار در محیط شناسایی نخواهند شد. عواملی مانند جامعهٔ گیاهی، نرم افزار، تابع نقشه کشی، تعداد و نوع نشانگرها نیز ممکن است بر یکسان نبودن نتایج به دست آمده تأثیر بگذارند (Siahsar and Narouei, 2010). علاوه بر این مقادیر گوناگون خطا در آزمایش‌های متفاوت نیز ممکن است موجب ناپایداری شود. بنابراین برای اینکه بتوان از QTLها برای بهبود گونه‌های زراعی استفاده کرد، نیاز به مطالعات زیادی در سال ها، مکان ها، زمینه های ژنتیکی متفاوت و همچنین جمعیت‌های گوناگون است.

ایونا و همکاران (IIona *et al*., 2014) در بررسی QTLهای کنترل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه اولیه در 90 دابلدهاپلوئید گندم بهاره، در مجموع سی و هشت QTL برای کلیه صفات مورد مطالعه شناسایی کردند. هفده QTL در شرایط بدون تنش خشکی بر روی 14 کروموزوم و بیست و یک QTL در شرایط تنش خشکی در 12 کروموزوم شناسایی شدند. بسیاری از QTLهای کنترل کننده جوانه زنی و پارامترهای رشد برگ در کروموزوم 4B (همراه با نشانگر RHT-B1) مکان یابی گردیدند. در هر دو شرایط محیطی نتایج نشان داد صفات مورد مطالعه ماهیت پیچیده و پلی ژنیک داشتند.

خلیلی و محمدی (1394) در کل یازده QTL را برای صفات مرتبط با جوانه زنی شناسایی کردند که واریانس فنوتیپی کل تبیین‌شده بوسیله این QTLها از 11/8 تا 21/4 درصد متغیر بود.

طاهری و همکاران (1390) در مطالعه مکان‌یابی ژن‌های مرتبط با تحمل به خشکی در مرحله جوانه‌زنی گندم، تعداد بیست و چهارQTL برای صفات وزن تر ریشه (در شرایط استرس)، و وزن خشک ریشه، وزن خشک ساقه در شرایط تنش کم آبی و وزن تر ریشه و وزن تر ساقه بر روی کروموزوم های A3، B3، A5، B5، D5، A6، B6 و D6 شناسایی نمودند. آنها در ژنوم‌های A، B و D به ترتیب 11، 8 و 5 عدد QTL مکان‌یابی کردند که کروموزوم A6 بیشترین تعداد QTLها را به خود اختصاص داده بود.

اهمیت فاکتورهای موثر در جوانه‌زنی بذر و استقرار اولیه گیاهچه در خاک در شرایط تنش خشکی کمتر مورد توجه محققین قرار گرفته است (Landjeva *et al*., 2008). از اینرو شناخت مسائل ژنتیکی این فاکتورها برای اصلاحگران در برنامه‌های اصلاح برای تنش خشکی می‌تواند از اهمیت به

سزائی برخوردار باشد. با توجه به اینکه بسیاری از صفات موثر در تحمل خشکی با چندین ژن کنترل شده و به صورت کمی به ارث می‌رسند، شناسایی QTLهای مربوطه و کاربرد آنها در انتخاب به کمک نشانگر از اهمیت زیادی برخوردار است. بنابراین مهمترین اهداف این تحقیق عبارت بودند از: 1- بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گندم از لحاظ بنیه بذر، 2- مکان‌یابی QTLهای کنترل کننده صفات مرتبط با جوانه‌زنی بذر و استقرار گیاهچه گندم و پایداری آنها.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده شامل 148 لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo (زودرس و پاکوتاه به عنوان والد پدری با منشأ امریکا) و ژنوتیپ No. 49 (دیررس و پابلند به عنوان والد مادری با منشأ سیستان و بلوچستان) به همراه والدین بود. جمعیت حاصل از طریق روش بالک تک بذری تولید و تا زمان رسیدن به خلوص، گزینشی در لاین‌ها انجام نشده است. بذور لاین‌ها توسط آقای دکتر بهمن اهدایی از دانشگاه ریورساید در اختیار قطب علمی اصلاح مولکولی غلات دانشگاه تبریز قرار داده شده است. این پژوهش در سال‌های 1395-1394 در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار انجام شد. که ژنوتیپ‌ها در دو شرایط نرمال و تنش خشکی (به وسیله پلی اتیل گلیگول PEG 0/6 میلی مولار) مورد ارزیابی قرار گرفتند. تجزیه واریانس برای هر یک از صفات به صورت جداگانه با رویه لاتیس نرم‌افزار SAS انجام گرفت ولی با توجه به این‌که، کارایی لاتیس برای اکثریت صفات کمتر از 100 و برای برخی از صفات 100-105 درصد بود، کلیه داده‌ها در قالب طرح بلوک کامل تصادفی تجزیه شدند.

در این بررسی صفات درصد جوانه‌زنی نهایی، سرعت جوانه‌زنی، طول و وزن خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه و وزن خشک گیاه‌چه (Ellis and Roberts, 1981) و شاخص بنیه‌بذر اندازه‌گیری شدند (Scott *et al.*, 1984).

$$SVI = FGP \times SDW$$

FGP = درصد جوانه زنی نهایی

SVI = وزن خشک گیاهچه

در این بررسی آماره‌های میانگین، دامنه تغییرات، ضریب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت-پذیری خصوصی و بازده ژنتیکی برای شدت گزینش 5 درصد برای کلیه صفات اندازه‌گیری شده با رویه Univariate در نرم‌افزار SAS محاسبه شدند. تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از فرمول‌های 100× PCV=(σp/x) و 100× GCV=(σg/x) محاسبه گردیدند که درآن‌ها σp و σg به ترتیب انحراف معیارهای فنوتیپی و ژنوتیپی و x میانگین صفت در کل جمعیت است. بازده ژنتیکی برای شدت گزینش 5 درصد با استفاده از رابطه $GC=Kh^2\sigma p$ محاسبه شد، که در آن K دیفرانسیل گزینش استاندارد شده (2/065 برای 5 درصد گزینش)، σp انحراف معیار فنوتیپی و h^2 وارثت‌پذیری خصوصی صفات است.

آغازگرهای مورد استفاده: در این بررسی، 340 جفت آغازگر ریزماهواره برای تعیین چندشکلی والدین استفاده شد که در نهایت از 170 جفت آغازگر چند شکل برای غربال جمعیت استفاده گردید. تعدادی از آغازگرها بیش از یک جایگاه ژنومی را تکثیر کردند. همچنین از هفت آغازگر

رتروترانسپوزونی مبتنی بر نواحی LTR رتروترانسپوزون‌های جو و ترکیبات آن‌ها (28 ترکیب) در تکنیک IRAP و از ترکیب این آغازگر با آغازگرهای ISSR (63 ترکیب) در تکنیک REMAP برای غربال جمعیت استفاده شد. از کل ترکیبات مورد ارزیابی (91 ترکیب) 20 ترکیب آغازگری بین والدین چندشکل بودند.

تجزیه QTL به کمک برنامه Windows QTL Cartographer V.2.5_009 (Wang, *et al.*, 2012) و بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام و برایQTLهای شناسایی شده، اثر افزایشی و درصد تبیین واریانس فنوتیپی برآورد شد. نهایتا، برای شناسایی اثرات متقابل بین مکان ژنی یا اپیستازی، آزمون اثرات اصلی QTLهای شناسایی شده و معنی‌دار بودن یا نبودن اثرات آنها، تست معنی‌دار بودن یا نبودن اپیستازی در تجزیه همزمان QTLها در یک مدل رگرسیون چندگانه، از روش مکان یابی فاصله‌ایی چند گانه[1] (MIM) در برنامه QTL Cartographer استفاده شد. محاسبات آماری با استفاده از نرم افزار آماری SAS 9.2 صورت گرفت.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب صفات مورد مطالعه پس از بررسی و تایید برقراری فرض‌های تجزیه واریانس، یعنی نرمال بودن توزیع خطاها، یکنواختی واریانس‌های درون تیماری انجام گردید. نتایج تجزیه واریانس مرکب صفات مورد مطالعه در شرایط تنش خشکی و بدون تنش (جدول1) نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر کلیه صفات مورد بررسی اختلاف معنی داری داشتند که نشانگر تنوع زیاد داخل جمعیت بود. از آنجا که جامعه لاین‌های نوترکیب خالص هستند، بنابراین تنوع موجود در این جمعیت غالباً ناشی از آثار افزایشی است. اثر متقابل ژنوتیپ× محیط نیز برای اکثریت صفات معنی‌دار بود که بیانگر واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط های متفاوت است. مشابه نتایج این تحقیق، فاخری و بایکی (1393) در بررسی نقشه‌یابی نواحی ژنومی کنترل کنندهٔ صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی گندم نان در وضعیت طبیعی و تنش اسمزی بین دو محیط نرمال و تنش، بین ژنوتیپ‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط اختلاف معنی‌داری مشاهده نمودند. بر اساس نتایج جدول ضرایب همبستگی بین صفات در هر دو شرایط نرمال و تنش کم آبی بین سرعت جوانه زنی و صفات درصد نهایی جوانه زنی، طول ساقه چه، وزن ساقه چه و شاخص بنیه بذر همبستگی مثبت و معنی‌دار دیده شد. دیگر ضرایب همبستگی بین صفات در جدول2 قید گردیده است.

پارامترهای ژنتیکی: پارامترهای آماری و تنوع صفات مورد مطالعه بین 148 لاین اینبرد مورد مطالعه به همراه دو والد (Yecora Rojo × No. 49) در شرایط نرمال و تنش خشکی در جداول 2 و 3 درج گردیده است. اختلاف والدین برای صفات درصد جوانه زنی نهایی، طول ساقه‌چه، وزن ریشه چه، وزن ساقه‌چه، وزن خشک گیاه‌چه و شاخص بنیه بذر معنی‌دار بود. وجود اختلاف معنی‌دار بین والدین حاکی از آن است که دو والد از لحاظ صفات مورد بررسی در دو حد انتهایی بوده و جمعیت حاصل از آنها برای تجزیه QTL مناسب می‌باشد. در شرایط نرمال و تنش خشکی تفکیک متجاوز مثبت و منفی

1- Multiple Interval Mapping

معنی‌دار برای اغلب صفات مشاهده شد، معنی‌دار شدن تفکیک متجاوز در جهت مثبت و منفی در مورد هر دو والد مبین این واقعیت است که ژنوتیپ های برتر از هر والد طیف وسیعی از تنوع صفات در نتاج را نشان دادند. ضریب تغییرات تنوع فنوتیپی در صفات از 3/96 درصد تا 19/2 درصد و ضریب تغییرات تنوع ژنتیکی از 3/8 تا 18/9 درصد متغیر بود. تحت شرایط نرمال رطوبتی مقدار وراثت‌پذیری عمومی برآورد شده برای کلیه صفات متوسط به بالا بود به نحوی‌که صفت میانگین سرعت جوانه زنی با 58/8 درصد کمترین و صفت طول ساقه چه با متوسط 98/3 درصد بالاترین مقدار وراثت پذیری داشتند.

جدول1- تجزیه واریانس مرکب صفات مرتیط با جوانه زنی

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات							
		درصد جوانه زنی نهایی	میانگین سرعت جوانه‌زنی	طول ریشه چه	طول ساقه چه	وزن خشک ریشه چه	وزن خشک ساقه چه	وزن خشک گیاه چه	شاخص بنیه بذر
محیط	1	146/81**	0/68**	225/05**	91/7**	0/047**	0/022**	0/13**	262/4**
E_1	2	7/16	0/11	6/27	5/22	0/0004	0/001	0/003	27/05
ژنوتیپ	149	48/99**	0/04**	1/42**	3/15**	0/00005**	0/00009**	0/0002**	1/97**
ژنوتیپ × محیط	149	6/20ns	0/02**	1/25**	1/33**	0/00005**	0/00006**	0/00015**	1/41**
E_2	298	8/67	0/015	0/11	0/11	0/00001	0/00003	0/00004	0/34

ns، * و ** به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال 5 و 1%

جدول 2- همبستگی بین صفات مورد بررسی در شرایط نرمال (اعداد پایین) و تنش رطوبتی (اعداد بالا)

	درصد جوانه زنی نهایی	میانگین سرعت جوانه زنی	طول ریشه چه	طول ساقه چه	وزن ریشه چه	وزن ساقه چه	وزن گیاهچه	شاخص بنیه بذر
درصد جوانه زنی نهایی		0/37**	0/13ns	0/14ns	0/19*	0/14ns	0/18*	0/38**
سرعت جوانه زنی	0/54**		0/07ns	0/44**	0/03ns	0/20*	0/01ns	0/27**
طول ریشه چه	0/25**	0/30**		0/76**	0/67**	0/33**	0/46**	0/50**
طول ساقه چه	0/07ns	0/33**	0/39**		0/63**	0/49**	0/61**	0/61**
وزن خشک ریشه چه	0/09ns	0/19*	0/79**	0/48**		0/43**	0/68**	0/68**
وزن خشک ساقه چه	0/10ns	0/43**	0/49**	0/85**	0/59**		0/95**	0/92**
وزن خشک گیاهچه	0/11ns	0/19*	0/72**	0/74**	0/89**	0/89**		0/97**
شاخص بنیه بذر	0/33**	0/26**	0/73**	0/72**	0/86**	0/87**	0/97**	

ns، * و ** به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال 5 و 1%

با توجه به اینکه واریانس ژنتیکی بین لاین‌های خالص نوترکیب معادل دو برابر واریانس افزایشی است بنابراین وراثت‌پذیری خصوصی بر این مبنا برآورد شد (Houshmand, 2003). در گزارشات متعدد تاکید شده است که بدون پیشرفت ژنتیکی، مقادیر وراثت‌پذیری اهمیت کاربردی در گزینش بر اساس فنوتیپ نخواهد داشت (Ehdaie and Wains, 1997). لذا، در برنامه‌های اصلاحی برای گزینش توأم، پیشرفت ژنتیکی بایستی همراه با وراثت‌پذیری در نظر گرفته شود. در این تحقیق، مقادیر وراثت‌پذیری با پیشرفت ژنتیکی خوب برای درصد جوانه زنی نهایی، طول ساقه‌چه و شاخص بنیه بذر به دست آمد. بنابراین، می‌توان این صفات را از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در ژنوتیپ‌ها تثبیت کرد.

ضرایب تنوع فنوتیپی برای صفات بررسی شده بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی بودند، البته در بسیاری از حالات تفاوت آنها کم بود، که این مسئله نشان دهندهٔ آثار کم عوامل محیطی در برآورد آنهاست. تحت شرایط تنش رطوبتی، مقدار وراثت پذیری عمومی در صفات مورد بررسی از دامنه تنوع بالاتری در مقایسه با شرایط نرمال برخوردار بود (جدول 3).

جدول3- پارامترهای آماری و تنوع صفات مورد مطالعه تحت شرایط نرمال رطوبتی

شاخص بنیه بذر	وزن خشک گیاهچه (میلی گرم)	وزن خشک ساقه چه (میلی گرم)	وزن خشک ریشه چه (میلی گرم)	طول ساقه چه (cm)	طول ریشه چه (cm)	میانگین سرعت جوانه زنی (روز)	درصد جوانه زنی نهایی	شرایط نرمال
6/56	69	33	36	6/29	5/45	2/20	94/75	Yecora Rojo
5/74	64	31	33	5/63	4/80	2/34	88/75	No. 49
0/81	5	2	3	0/57	0/64	-0/139	6	اختلاف والدین
6/15	67	32	34	5/92	5/31	2/27	91/75	میانگین والدین
9/26	97	51	54	8/76	7/32	2/65	98/75	حداکثر
3/17	36	16	16	2/94	2/20	1/96	80/75	حداقل
6/46	69	33	36	6/01	5/31	2/17	92/51	میانگین لاین‌ها
6/08	33	34	38	5/82	5/11	0/68	17/75	دامنه تغییرات
-0/31	3	1	-1	-0/095	-0/18	0/10	-0/76	اختلاف‌میانگین‌لاین‌ها
2/69	27	18	18	2/55	1/86	0/30	3/75	تفکیک متجاوز مثبت
-2/56	-28	-14	-16	-2/69	-2/60	-0/24	-8	تفکیک متجاوز منفی
17/26	17/74	19/16	16/66	18/30	14/94	6	3/96	PCV%
16/84	14/49	18/92	15/71	18/15	13/71	4/60	3/77	GCV%
95/16	66/66	97/5	88/88	98/34	84/12	58/82	90/80	h^2% عمومی
47/58	33/33	48/75	44/44	49/17	42/06	29/41	45/40	h^2% خصوصی
1/05	0/008	0/006	0/005	1/08	0/66	0/07	3/33	$Gc_{5\%}$
0/54	0/0054	0/00057	0/0012	0/35	0/73	0/20	2/57	$LSD_{5\%}$

PCV%= درصد تنوع ژنوتیپی GCV% = درصد تنوع ژنوتیپی $Gc_{5\%}$ بازده گزینشی 5%

جدول4- پارامترهای آماری و تنوع صفات مورد مطالعه تحت شرایط تنش رطوبتی

شرایط نرمال	درصد جوانه زنی نهایی	میانگین سرعت جوانه زنی (روز)	طول ریشه چه (cm)	طول ساقه چه (cm)	وزن خشک ریشه چه (میلی گرم)	وزن خشک ساقه چه (میلی گرم)	وزن خشک گیاهچه (میلی گرم)	شاخص بنیه بذر
Yecora Rojo	93/5	2/21	4/61	2/98	20	18	37	3/32
No. 49	88/25	2/35	4/54	2/83	18	16	34	3/08
اختلاف والدین	5/25	-0/13	0/067	0/15	2	2	3	0/23
میانگین والدین	90/87	2/28	4/57	2/90	19	17	36	3/20
حداکثر	96/75	2/65	7/12	6/31	27	33	61	5/53
حداقل	77/75	2/08	1/16	1/67	11	11	28	2/45
میانگین لاین‌ها	91/41	2/34	5/67	3/45	21	21	39	3/56
دامنه تغییرات	19	0/57	5/96	4/64	15	21	32	3/07
اختلاف‌میانگین‌لاین‌ها	-1/46	-0/06	-1/1	-0/64	-2	4	3	-0/35
تفکیک متجاوز مثبت	3/25	0/30	2/51	3/3	7	15	23	2/21
تفکیک متجاوز منفی	-10/5	-0/134	-3/38	-1/15	-7	-4	-6	-0/62
PCV%	4/16	5/46	20/50	20/55	41/57	26/08	18/13	18/68
GCV%	3/13	3/99	16/95	16/85	30/42	10/64	9/93	11/26
h^2% عمومی	56/66	53/33	85/71	68	53/57	16/66	30/12	36/36
h^2% خصوصی	28/30	26/66	42/85	34	26/78	8/33	15/06	18/18
$Gc_{5\%}$	2/10	0/065	0/71	0/48	0/40	0/00091	0/0021	0/24
$LSD_{5\%}$	5/68	0/19	0/23	0/94	0/0037	0/011	0/003	1/21

PCV%= درصد تنوع ژنوتیپی GCV% = درصد تنوع ژنوتیپی $Gc_{5\%}$ بازده گزینشی 5%

با توجه به تنوع موجود برای طول ریشه چه، طول ساقه چه و شاخص بنیه بذر، استنباط شد که انتخاب برای بهبود آنها مؤثر خواهد بود. با این حال، کارایی انتخاب بستگی به پیشرفت ژنتیکی پیش بینی شده دارد. صفاتی که توارث پذیری و پیشرفت ژنتیکی زیادی دارند، ممکن است در کنترل عمل جمع‌پذیر ژنها باشند. علاوه بر این، برآورد بالای توارث پذیری و پیشرفت ژنتیکی ممکن است به دلیل واریانس محیطی پایین صفات باشد (Panse, 1957) .صفاتی که هم زمان توارث پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی ندارند، احتمالاً در کنترل آثار جمع ناپذیر ژن‌ها (غالبیت و اپیستازی) هستند (Liang and Richards, 1994). بنابراین می‌توان اظهار داشت در کنترل صفت درصد جوانه زنی نهایی اثرات افزایشی ژن‌ها و در کنترل صفت وزن خشک ساقه چه اثرات غیر افزایشی نقش دارند و گزینش بر اساس صفات مذکور در جمعیت مؤثر واقع می‌شود.

تجزیه QTL: در شرایط نرمال، برای صفات مورد مطالعه در مجموع 16 عدد QTL شناسایی شدند. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از 11/5 تا 21/8 درصد متغییر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب متعلق به وزن خشک ساقه چه و وزن خشک ریشه چه بود (جدول 5). برای صفت سرعت جوانه زنی دو QTL که در مجموع

33/4 درصد واریانس فنوتیپی از تنوع کل این صفت را کنترل می‌کنند، شناسایی شدند. QTLهای QSG4B-Normal و QSG2A-Normal به ترتیب در موقعیت‌های 5 و 2/3 سانتی مورگان در مجاورت نشانگرهای Wms121-Sukkula.1300 و Gwm35-Gwm296 قرار داشتند. QTLهای مکان یابی شده برای سرعت جوانه‌زنی با تحقیق ایونا و همکاران (IIona *et al*.,2014) روی کروموزوم 2A، 4B و 4D تقریبا همخوانی داشت.

برای طول ریشه‌چه سه QTL بر روی کرموزم‌های 3B، 2A و 2D مکان‌یابی شدند که این سه QTL در مجموع 48/8 درصد از تغییرات فنوتیپی طول ریشه چه را تبیین نمودند که ناحیه ژنومی QRL3B-Nrmal با تبیین 18/4 درصد بالاترین مقدار تغییرات را در مقایسه با دو QTL دیگر تبیین نمود. در شرایط نرمال، برای وزن خشک ریشه چه سه QTL بر روی کروموزم‌های 4B، 3B و 6D شناسایی شدند، و این QTLها به ترتیب با نشانگرهای LTR6149/ISSR2.260-Psp2999، GWM299-WmS181 و GWM325-Wmc748 پیوستگی داشته و به ترتیب دارای واریانس فنوتیپی 14/4، 12/5 و 11/5 درصد بودند.

برای صفت طول ساقه چه سه QTL بر روی کرموزوم‌های 4B، 4B و 2D مکان‌یابی شد و این QTLها در مجموع 55/1 درصد از واریانس فنوتیپی صفت طول ساقه چه را تبیین نمودند. دو QTL وزن خشک ساقه‌چه بر روی کروموزم‌های 4B، 5B قرار داشتند که دارای واریانس فنوتیپی 21/5 و 12/3 درصد بودند. برای صفت قدرت بنیه بذر سه QTL بر روی کروموزم‌های 4B، 2A و 2D شناسایی شدند که در مجاورت نشانگرهای Wms121-Sukkula.1300، Gwm35-Gwm296 و Gwm349-Wmc445 قرار داشتند.

بر اساس نتایج مطالعه حاضر بر روی کروموزوم شماره 4B، QTLهای کنترل کننده صفات سرعت جوانه زنی، وزن خشک ریشه‌چه، طول ساقه چه، وزن خشک ساقه‌چه و شاخص بنیه بذر به صورت خوشه ای در فاصله ژنی مشابه و بین مارکرهای Wms121-Sukkula.1300 قرار داشتند. همچنین بر روی کروموزم 2A در حد فاصل دو مارکر مشترک Gwm35-Gwm296،QTLهای مرتبط با صفات سرعت جوانه زنی، طول ریشه‌چه و شاخص بنیه بذر به صورت خوشه‌ای قرار داشتند. QTL خوشه‌ای دیگر بر روی کروموزوم شماره 2D قرار داشت که کنترل کننده صفات طول ریشه‌چه، طول ساقه چه و شاخص بنیه بذر بود. هر سه QTL در حد فاصل دو مارکر مشترک Gwm349-Wmc445 قرار داشتند. در تحقیق حاضر بین صفات درصد جوانه‌زنی نهایی، سرعت جوانه‌زنی، طول و وزن خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه، وزن خشک گیاه‌چه و شاخص بنیه بذر همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده گردید (جدول2). بنابراین قرار گرفتن QTLهای کنترل کننده این صفات احتمالاً می‌تواند دلیلی بر وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات مذکور باشد که توسط مکان‌های ژنی مشابهی کنترل می‌شوند. شناسایی QTLهای کنترل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه بر روی کرموزوم‌های 2A، 2D و 4B همسو با نتایج مطالعه ایونا و همکاران (IIona *et al*., 2014) است. در شرایط تنش رطوبتی در مجموع 20 عدد QTL شناسایی گردید. واریانس فنوتیپی توجیه شده بوسیله

این QTLها از 11/9 تا 24/7 درصد متغیر بود که به ترتیب به صفات وزن خشک ریشه چه و طول ساقه چه اختصاص داشت (جدول 6). صفت سرعت جوانه زنی به عنوان یکی از فاکتورهای اصلی در تعیین کمیت و کیفیت جوانه زنی، توسط یک QTL روی کروموزوم 4B و پیوسته به نشانگر Wms121-Sukkula.1300 مکان یابی گردید.

در شرایط تنش رطوبتی، برای طول ریشه‌چه چهار QTL بر روی کرموزوم‌های 3B، 5B، 2A و 2Aشناسایی شدند که در مجموع 65/6 درصد از تغیرات فنوتیپی صفت طول ریشه‌چه را تبیین نمودند. برای وزن خشک ریشه‌چه چهار QTL بر روی کرموزوم‌های 4B، 3B، 6D و 5B شناسایی شدند. چهار QTL در کنترل صفت طول ساقه چه نقش داشتند که در مجموع 51/8 درصد از تغییرات واریانس فنوتیپی صفت طول ساقه چه را تبین نمودند. برای صفت وزن خشک ساقه‌چه، سه QTL و در موقعیت‌های 3، 3 و 4 سانتی مورگان شناسایی گردید. در شرایط تنش کم آبی برای شاخص بنیه بذر چهار QTL شناسایی شدند. خلیلی و محمدی (1394) یازده QTL را برای صفات مرتبط با جوانه زنی در گندم شناسایی کردند که واریانس فنوتیپی کل تبیین‌شده بوسیله این QTLها از 11/82 تا 21/42 درصد متغیر بود. لاندجیوا و همکاران (Landjeva *et al.*, 2010) 20 عدد QTL را بر روی کرموزوم‌های شماره 1D، 2D، 4D، 5D و7D در گندم نان مکان‌یابی کردند و اظهار داشتند بیشتر QTLهای مرتبط با جوانه زنی به صورت خوشه ای بر روی کرموزوم شماره 1DS و در محدوده Xgwm1291– Xgwm337 قرار داشتند. هم چنین آنها منطقه ای را بر روی کروموزوم DS 7 مرتبط با Xgwm1002 مکان‌یابی کردند که مسئول کنترل رشد طبیعی گیاهچه است.

همانند شرایط نرمال تحت شرایط تنش رطوبتی نیز بر روی کروموزم 4B حد فاصل مارکرهای Wms121-Sukkula.1300، QTLهای کنترل کننده صفات سرعت جوانه زنی، طول ساقه‌چه، وزن خشک ساقه چه و شاخص بنیه بذر به صورت خوشه ای قرار داشتند. QTLهای کنترل کننده صفات طول ریشه‌چه و ساقه‌چه، وزن خشک ساقه چه نیز به صورت خوشه ای بر روی کرموزوم 2A بین دو مارکر Gwm296-Gwm60 واقع بودند. QTLهای کنترل کننده صفات طول ریشه چه، طول ساقه چه و شاخص بنیه بذر نیز به صورت خوشه ای بر روی کرموزم2D و در حد فاصل دو مارکر Gwm349-Wmc445 قرار داشتند. در تحقیقی مشابه، خلیلی و محمدی (1394)، 11 QTL در شرایط نرمال، کم آبی و مجموع دو شرایط مکانیابی کردند که QTLهای مستقر بر روی کرموزم‌های 4B و2A به صورت خوشه ای صفات مرتبط با خصوصیات جوانه زنی و گیاهچه‌ای را کنترل می‌کردند. که همسو با نتایج مطالعه حاضر است.

برای صفات مورد مطالعه در میانگین دو محیط 14عدد QTL شناسایی گردید. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از 11/4 تا 23/2 درصد متغیر بود که به ترتیب به صفات وزن خشک ریشه‌چه و وزن خشک ساقه چه اختصاص داشتند. LOD در دامنه تغیرات 3/1 تا 7/2 بود (جدول7).

در مطالعه حاضر در مجموع دو شرایط، سه QTL برای طول ریشه چه به ترتیب در موقعیت‌های 3، 1/5

و 3 سانتی مورگان بر روی کرموزم‌های 3B، 2A و 2D مکان یابی شدند QRL3B- Combined دارای اثرات اللی افزایشی منفی و دو QTL، QRL2A- Combined l و QRL2D- Combined دارای اثرات آللی افزایشی مثبت بودند. این سه QTL در مجموع 48/2 درصد از تغییرات فنوتیپی طول ریشه چه را تبیین نمودند که QTL، QRL3B- Combined با تبیین 17/5درصد بالاترین و QRL2A- Combined با تبیین 12/8 درصد کمترین مقدار تغییرات را به خود اختصاص دادند. برای وزن خشک ریشه چه در میانگین دو مکان، سه QTL شناسایی شدند که بر روی کرموزم‌های 4B، 3B و 6D و در جایگاه‌های 2، 4 و 2/5 سانتی مورگان قرار داشتند. سه QTL مذکور در مجموع 37/1 درصد از کل واریانس صفت وزن خشک ریشه چه را تبیین نمودند. برای صفت طول ساقه چه نیز سه QTL بر روی کرموزوم‌های 4B، 4B و 2D در جایگاه‌های 5، 2 و 2/5 سانتی مورگان و در مجاورت نشانگرهای Wms121-Sukkula.1300، Psp2999-Wmc336 و Gwm349-Wmc445 مکان یابی شدند و در مجموع 55/1 درصد از واریانس فنوتیپی صفت طول ساقه چه را تبیین نمودند. در مجموع دو شرایط برای وزن خشک ساقه‌چه یک QTL شناسایی شدند که بر روی کرموزم 4B و در جایگاهای 1/4 سانتی مورگان قرار داشت این QTLها (QSHDW3B- Combined در مجاورت نشانگر Wms121-Sukkula.1300 قرار داشته و دارای واریانس فنوتیپی 23/2 درصد و اثر افزایشی 0/78 بود. در نهایت برای صفت قدرت بینه بذر سه QTL بر روی کرمزوم‌های 4B، 2A و 2D و در موقعیت‌های 5، 2 و 3 سانتی مورگان مکان‌یابی شدند، این سه QTL مذکور در مجموع 47/78 درصد از تغییرات فنوتیپی صفت شاخص بنیه بذر را توجیه نمودند.

در میانگین دو شرایط QTLهای کنترل کننده صفات میانگین سرعت جوانه زنی، وزن خشک ریشه‌چه، وزن خشک ساقه چه و شاخص بنیه بذر به صورت خوشه ای و بر روی کرموزم شماره 4B قرار گرفتند به غیر از وزن خشک ریشه‌چه دیگر صفات مذکور توسط یک QTL مشترک که در بین مارکرهای Wms121-Sukkula.130 قرار داشت کنترل می‌شدند. همچنین در شرایط مذکور بر روی کرموزم 2D و در فاصله بین مارکرهای Gwm349- Wmc445 QTLهای مشترکی برای صفات طول ریشه چه، طول ساقه‌چه و شاخص بنیه بذر مکان یابی شد.

نتیجه گیری نهایی

برای مقاصد اصلاحی، اولین و مهم ترین مسئله پایداری در ظهور QTLهای نقشه یابی شده است که ممکن است کاندیدای گزینش به کمک نشانگر باشند. QTLهای پایدار، موجب پایداری نسبی کنترل ژنتیکی می‌شوند و بر اثر متقابل QTL×E غلبه می‌کنند. پایداری QTLها در محیط‌ها و زمینه‌های ژنتیکی متفاوت، ناشی از کنترل صفات با تعداد اندکی مکان ژنی با اثر زیاد می‌باشد. این مسئله، مهم‌ترین بخش گزینش به کمک نشانگر است. برای ارزیابی پایداری آثار QTLها جامعهٔ نقشه کشی باید در وضعیت‌های محیطی و زمینه‌های ژنتیکی متفاوت بررسی شود. در تحقیق حاضر در دو شرایط محیطی مختلف و میانگین آنها، QTL قرار گرفته بر روی کروموزوم شماره B4 و حد فاصل دو مارکر

جدول 5- جایگاه کروموزومی نشانگرهای احاطه کننده، LOD، اثر افزایشی و درصد تبیین واریانس فنوتیپی QTLهای مکان‌یابی شده برای صفات مورد ارزیابی در شرایط نرمال رطوبتی

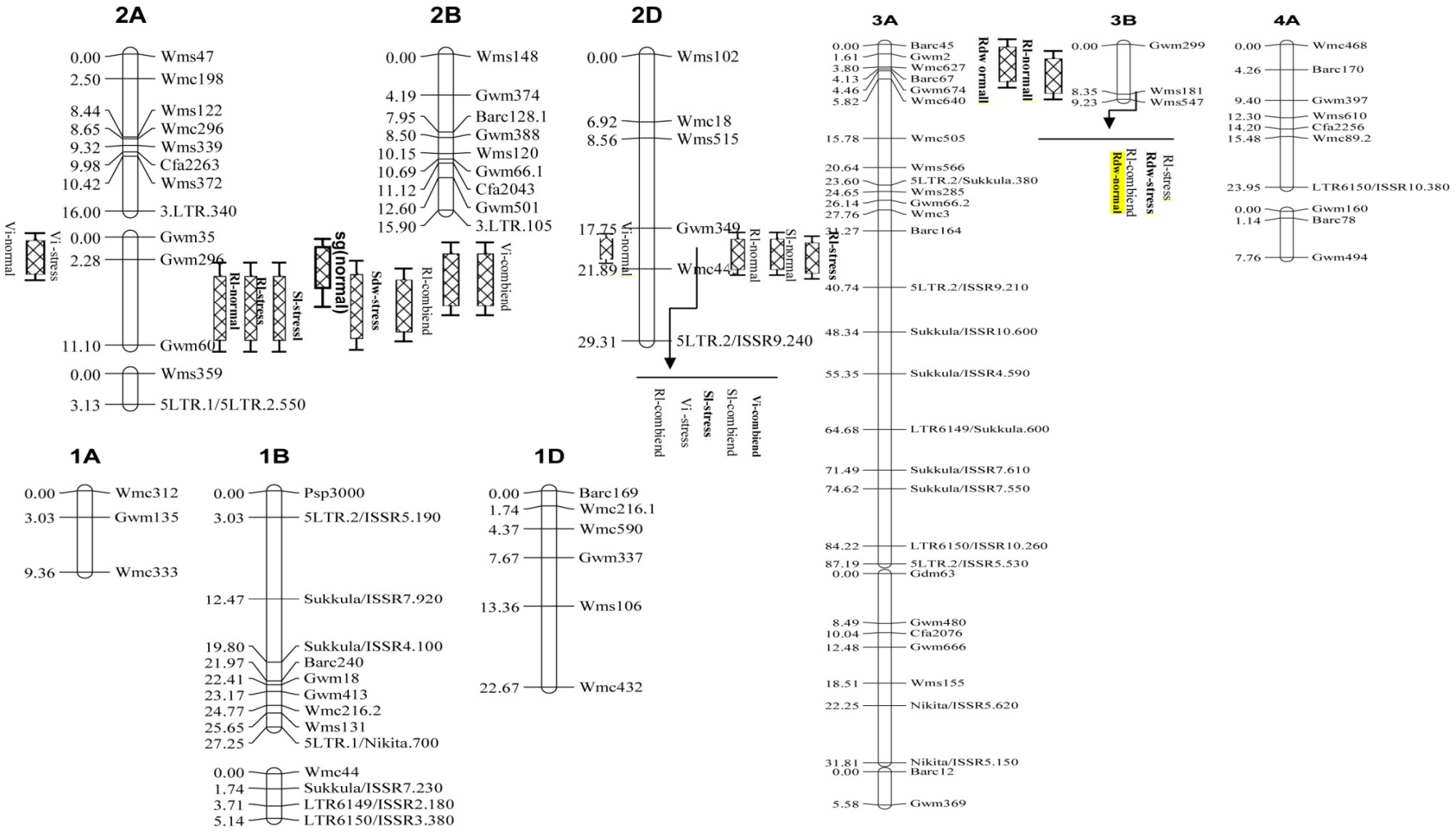
صفت (نرمال)	نام QTL	نشانگر	فاصله QTL از نشانگر سمت چپ (cM)	کروموزوم	اثر افزایشی	LOD	درصد تبیین واریانس فنوتیپی صفت	R^2 کل
سرعت جوانه زنی	QSG4B- Normal	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	-0/0319	6/6	21/42	
	QSG2A- Normal	Gwm35-Gwm296	2/3	2A	-0/0297	3/4	11/96	33/38
طول ریشه‌چه	QRL3B- Normal	GWM299-WmS181	2/2	3B	-5/1359	5/5	18/37	
	QRL2A- Normal	Gwm296-Gwm60	2	2A	3/2281	3/7	13/69	
	QRL2D- Normal	Gwm349-Wmc445	2/5	2D	4/1739	4/9	16/76	48/82
وزن خشک ریشه‌چه	QRDW4B- Normal	LTR6149/ISSR2.260-Psp2999	2/1	4B	0/4385	4/8	14/39	
	QRDW3B- Normal	GWM299-WmS181	5	3B	0/3725	3/5	12/53	
	QRDW6D- Normal	GWM325-Wmc748	3	6D	0/3512	3/1	11/49	38/41
طول ساقه چه	QSHL4B- Normal	Wms121-Sukkula.1300	3/5	4B	5/2582	6/4	19/16	
	QSHL4B- Normal	Psp2999-Wmc336	2/5	4B	9/1678	6/3	21/11	
	QSHL2D- Normal	Gwm349-Wmc445	3	2D	4/1739	3/8	14/86	55/13
وزن خشک ساقه‌چه	QSHDW4B- Normal	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	0/6826	6/7	21/57	
	QSHDW5B- Normal	Gwm213-Sukkula/Nikita. 130	1	5B	-0/3826	3/2	12/32	33/89
شاخص بنیه بذر	QSVIW4B- Normal	Wms121-Sukkula.1300	4/2	4B	-1/1319	6/1	19/45	
	QSVIW2A- Normal	Gwm35-Gwm296	2/3	2A	-1/3297	3/6	12/16	
	QSVW2D- Normal	Gwm349-Wmc445	2	2D	1/1739	6/1	20/87	52/48

جدول 6- جایگاه کروموزومی نشانگرهای احاطه کننده، LOD، اثر افزایشی و درصد تبیین واریانس فنوتیپی QTLهای مکان‌یابی شده برای صفات مورد ارزیابی در شرایط تنش رطوبتی

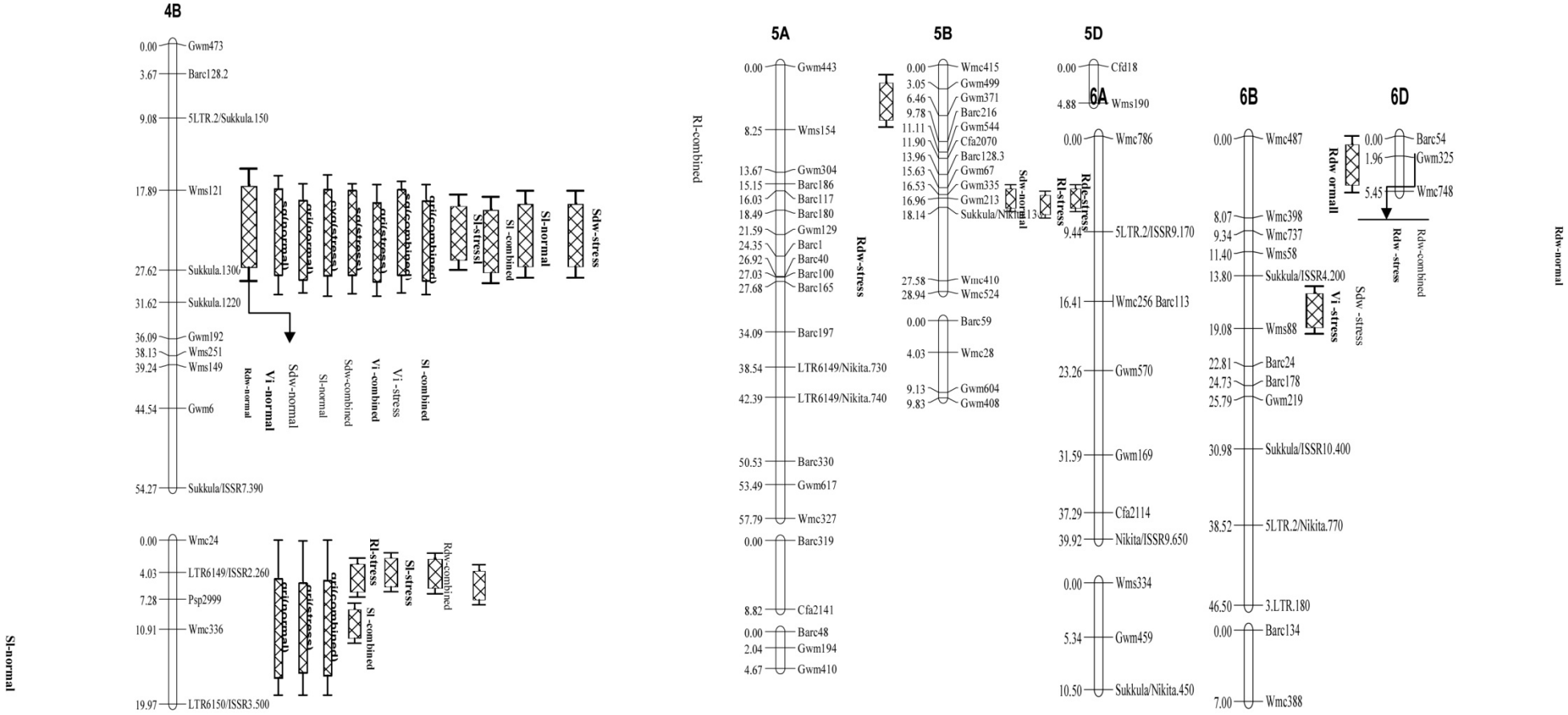
صفت (تنش)	نام QTL	نشانگر	فاصله QTL از نشانگر سمت چپ (cM)	کروموزوم	اثر افزایشی	LOD	درصد تبیین واریانس فنوتیپی	R2 کل
سرعت جوانه زنی	QSG4B- Stress	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	-0/0288	3/9	13/87	13/87
طول ریشه چه	QRLI3B- Stress	GWM299-WmS181	4	3B	-5/5359	6/5	19/57	
	QRLI5B- Stress	Gwm213- Sukkula/Nikita. 130	1/1	5B	-3/2586	3/1	12/65	
	QRLI2A- Stress	Gwm296-Gwm60	4	2A	3/2281	4/7	15/69	
	QRLI2D- Stress	Gwm349-Wmc445	3	2D	4/1739	5/3	17/75	65/66
وزن خشک ریشه چه	QRDW2B- Stress	LTR6149/ISSR2.260-Psp2999	2/8	4B	0/4125	4/3	14/12	
	QRDW3B- Stress	GWM299-WmS181	3	3B	0/2725	3/1	11/89	
	QRDW6D- Stress	GWM325-Wmc748	2	6D	0/3832	4/1	14/17	
	QRDW5B- Stress	Gwm213- Sukkula/Nikita. 130	2/5	5B	0/4586	3/5	12/89	53/04
طول ساقه‌چه	QSHL2A- Stress	Gwm296-Gwm60	2	2A	-2/2681	3/2	12/69	
	QSHL2D- Stress	Gwm349-Wmc445	2/1	2D	5/1739	4/8	17/76	
	QSHL4B- Stress	Wms121-Sukkula.1300	4	4B	-7/1580	7/7	21/13	
	QSHL4B- Stress	Psp2999-Wmc336	1/2	4B	-12/5678	9/6	24/65	51/84
وزن خشک ساقه چه	QSHDW4B- Stress	Wms121-Sukkula.1300	3	4B	0/6878	6/8	21/4	
	QSHDW6B- Stress	Sukkula/ISSR4.200- Wms88	3	6B	0/415	3/3	11/89	
	QSHDW2A- Stress	Gwm296-Gwm60	4	2A	0/476	3/9	13/76	47/05
شاخص بینه بذر	QSVI4B- Stress	Wms121-Sukkula.1300	5.4	4B	-1/0288	3/9	13/82	
	QSVI2D- Stress	Gwm349-Wmc445	2.0	2D	1/1739	4/1	15/76	
	QSVI6B- Stress	Sukkula/ISSR4.200- Wms88	4.0	6B	0/8345	3/2	11/46	
	QSVI2A- Stress	Gwm35-Gwm296	2.7	2A	-1/5291	4/3	13/16	54/2

جدول 7- جایگاه کروموزومی نشانگرهای احاطه کننده، LOD، اثر افزایشی و درصد تبیین واریانس فنوتیپی QTLهای مکان‌یابی شده برای صفات مورد ارزیابی در میانگین دو شرایط

صفت (متوسط دو مکان)	نام QTL	نشانگر	فاصله QTL از نشانگر سمت چپ (cM)	کروموزوم	اثر افزایشی	LOD	درصد تبیین واریانس فنوتیپی صفت	R^2 کل
میانگین سرعت جوانه زنی	QSG4B- Combined	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	-0/0504	4/8	16/85	16/86
طول ریشه چه	QRL3B- Combined	GWM299-Wms181	3	3B	-3/4351	5/1	17/57	
	QRL2A- Combined	Gwm296-Gwm60	1/5	2A	2/1284	3/7	12/89	
	QRL2D- Combined	Gwm349-Wmc445	3	2D	2/6739	4/1	14/78	48/24
وزن خشک ریشه‌چه	QRDW4B- Combined	LTR6149/ISSR2.260-Psp2999	2	4B	0/4015	4/1	13/79	
	QRDW3B- Combined	GWM299-WmS181	4	3B	0/2621	3/1	11/93	
	QRDW6D- Combined	GWM325-Wmc748	2/5	6D	0/3312	3/1	11/41	37/13
طول ساقه‌چه	QSHL4B- Combined	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	-4/2580	5/6	17/18	
	QSHL4B- Combined	Psp2999-Wmc336	2	4B	9/1678	6/1	18/15	
	QSHL2D- Combined	Gwm349-Wmc445	2/5	2D	4/1739	5/17	19/86	55/19
وزن خشک ساقه چه	QSHDW4B- Combined	Wms121-Sukkula.1300	1/4	4B	0/78	7/2	23/2	23/2
شاخص بنیه بذر	QSV4B- Combined	Wms121-Sukkula.1300	5	4B	-3/8504	4/8	15/89	
	QSV2A- Combined	Gwm35-Gwm296	2	2A	-1/3254	3/8	12/89	
	QSV2A- Combined	Gwm349-Wmc445	3	2D	1/1739	5/5	18/91	47/78



شکل 1- نقشه پیوستگی صفات مختلف و QTL های شناسایی شده در 148 لاین RIL و والدین آنها (Yecora × No.49) در دو شرایط نرمال و تنش رطوبتی



ادامه شکل 1- نقشه پیوستگی صفات مختلف و QTL های شناسایی شده در 148 لاین RIL و والدین آنها (Yecora × No.49) در دو شرایط نرمال و تنش رطوبتی

Wms121-Sukkula.1300 و کنترل کننده صفات وزن خشک ساقه چه و شاخص بنیه بذر پایداری کامل داشتند. همچنین QTL قرار گرفته بر روی کرموزوم D2 و حد فاصل دو مارکر Gwm349- Wmc445 که صفت شاخص بنیه بذر را کنترل می کرد. درکلیه شرایط پایداری کامل داشت. به عبارت دیگر موقعیت و اثر QTLهای نامبرده در وضعیت‌های مختلف و میانگین آنها پایدار بود. درنتیجه واکنش گونه‌ها در محیط‌های گوناگون یکسان است بنابراین ممکن است از آن برای گزینش به کمک نشانگر استفاده شود. علاوه براین از QTL های پایدار و خوشه‌ای شناسایی شده برای صفات مهم کمی و کیفی مربوط به جوانه‌زنی در بذر گندم در برنامه گزینش به کمک نشانگر (MAS) استفاده نمود. همچنین می‌توان از برخی از نشانگرهای شناسایی شده به عنوان نشانگر مثبت در امر گزینش برای افزایش جوانه زنی نهایی کمک گرفت.

منابع

فاخری، براتعلی، بایکی ابوافضل .1393. بررسی نقشه یابی نواحی ژنومی کنترل کنندۀ صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی گندم نان. نشریه علوم گیاهان زراعی ایران. 45 (1): 133-119.

خلیلی، معروف، و محمدی سید ابولقاسم. 1394. شناسایی QTLهای مرتبط با جوانه زنی گندم در شرایط معمولی و تنش خشکی. مجله علمی پژوهشی زیست فناوری گیاهان زراعی. 4 (9): 1-14.

عبدالشاهی روح االه، امیدی منصور، طالعی علی رضا و یزدی صمدی بهمن. 1388. نقشه یابی QTLهای کنترل کننده تحمل به خشکی در گندم نان (Triticum aestivum). مجله پژوهش‌های زراعی ایران. 7 (2): 527-539.

طاهری فاطمه، ناجی امیر محمد، کرد نائیج علاءدین. 1390. شناسایی و مکان‌یابی ژن‌های مرتبط با تحمل به خشکی در مرحله جوانه‌زنی در گندم (*Triticum aestivum*). پایانامه کارشناسی ارشد. دانشگاه شاهد . 123 ص.

Bayoumi TY, Eid MH, Metwali EM. 2008. Application of physiological and biochemical indices as a screening technique for drought tolerance in wheat genotypes. Afric. J. Biotech. 7: 2341-2352.

Bewley JD, Black M. 1994. Seeds–physiology of development and germination, 2nd Edn, Plenum Press, New York.

Cattivelli L, Reza F, Badeck FW, Mazzucotelli AM, Masterangelo E, Francia 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.

Collard BCY, Jahufer MZZ, Brouwer JB, Pang ECK. 2005. An introduction to marker, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker – assisted selection for crop improvement: The basic concept. Euphytica, 142: 169 – 196.

Contreras S, Barros M. 2005. Vigor tests on lettuce seeds and their correlation with emergence, Cien. Inv. Agr., 32(1): 3-10.

Cooper M, Eeuwijk FAV, Hamme GL, Podlich DW, Messina C. 2009. Modeling QTL for complex traits: detection and context for plant breeding. Plant Biology, 12: 231-240.

Ehdaie B, Wains JG. 1997. Genetic analysis of carbon isotope discrimination and agronomic characters in a bread wheat cross. Theor Appl Genet, 88(8): 1023-1028.

Ellis RH, Roberts EH. 1981. The quantification of ageing and survival in orthodox seeds. Seed Science and Technology, 9: 377-409.

FAO. 2015. FAOSTAT, http://faostat.fao.org/site/

Houshmand S. 2003. The genetical analysis of quantitative traits. ShahreKord Univ. Pub. 462Pp.

IIona Czyczyło-Mysza I, Izabela Marcińska I, Edyta Skrzypek S, Cyganek K, Juzoń1 K, Karbarz M. 2014. QTL mapping for germination of seeds obtained from previous wheat generation under drought. Central European Journal of Biology. 9(4): 374-382.

Landjeva S, Neumann K, Lohwasser U, Borner A. 2008. Molecular mapping of genomic region associated with wheat seedling growth under osmotic stress. Biol. Plantarum, 52, 259-266.

Liang YL, Richards RA. 1994. Coleoptile tiller development in associated with fast early vigour in wheat. Euphytica. 80: 119-124

Panse VG. 1957. Genetics of quantitative characters in relation to plant breeding. Indian J. Genet, 17,

Nezhad KZ, Weber WE, Roder MS, Sharma S, Lohwasser U, Meyer RC, Saal B, Borner A. 2012. QTL analysis for thousand-grain weight under terminal drought stress in bread wheat (Triticum aestivum L.). Euphytica, 186: 127-138.

Scott SJ, Jones RA, Willams WA. 1984. Review of data analysis methods for seed germination. Crop Science. 24: 1192-1199.

Spielmeyer W, Joaquim JP, Azanza F, Bonnet D, Ellis ME, Moore C, Richards RA. 2007. A QTL on chromosome 6A in bread wheat is associated with longer cloptiles, greater seedling vigor and final plant height. Theor. Appl. Genet, 115, 59-66.

Trethowan RM, Reynolds M. 2007. Drought resistance: Genetic approaches for improving productivity under stress. In: Buck HR. *et al*. (eds): Wheat production in stressed environments, 289-299, Springer Pub., the Netherlands.

Wang LF, Ge HM, Hao CY, Dong YS, Zhang XY. 2012. Identifying loci influencing 1,000-kernel weight in wheat by microsatellite screening for evidence of selection during breeding. Plos One 7.

Zhang ZH, Yu SB, Yu T. 2005. Mapping quantitative trait loci (QTLs) for seedling-vigor using recombinant inbred lines of rice (*Oryza sativa* L.). Field Crop Res. 91(2-3): 161–170.

Evaluation of genetic diversity and identification of QTL controlling seed germination and seedling establishment traits in wheat

M. Khalili[*1], F. Javaheri Kashani[2], M.A. Ebrahimi[1]

1- Department of Agriculture, Payamme Noor University, Iran
2- Graduate of agricultural biotechnology, Payamme Noor Universityj, Iran

Abstract

In order to study genetic diversity and identification of QTL controlling seed germination and seedling establishment traits in wheat 148 bread wheat RILs and their parents (RojoYecora and No.49) were studied based on an alpha lattice design with two replications under normal and drought stress conditions in 2016. In this research final germination percentage, germination speed,root and shoot length, root and shoot dry weight and seedling dry weight and vigor index were measured. Analysis of variance showed that between genotypes for all traits, there were significant differences. Under normal moisture condition the highest heritability was observed for stem length, stem weight and final germination percentage. Also the highest heritability under drought condition was estimated for root length. QTL analysis using composite interval mapping (CIM) for each trait in each environment and mean of two environments were performed. Under normal condition 16 QTLs were detected. Phenotypic variance explained by the identified QTLs varied from 11.49 to 21.57 percent. The highest and lowest phenotypic variation belonged to shoot dry weight and root dry weight respectively, also LOD was in range of 3.15 to 6.76. Under drought stress condition 20 QTLs were detected. Phenotypic variance explained by these QTLs varied from 11.89 to 24.7 percent. The highest and lowest phenotypic variation was observed for root dry weight and shoot length respectively. Furthermore LOD was in range of 3.11 to 9.67. In average of two conditions, 14 QTLs were detected. Phenotypic variance explained by the identified QTLs varied from 11.41 to 23.20 percent, and belonged to root dry weight and shoot dry weight respectively. The estimated LOD was in range of 3.12 to 7.25.In two different environmental conditions and their average QTLs located on chromosome 4B interval markers of Wms121-Sukkula.1300 which control shoot dry weight and seed vigor and QTL located on chromosome 2D between markers of Gwm349-Wmc445 which controlled vigor index were quite stable in all environmental conditions that can be used for marker assisted selection.

Keywords: recombinant inbred lines, QTL, seed traits, wheat

[*] *Corresponding author: makhalily@yahoo.com* *Received: 2017/03/15 Accepted: 2017/06/30*