شناسایی QTLهای پیوسته به برخی صفات دانه در گندم نان با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی

رضا میردریکوند[۱،*]، گودرز نجفیان[۲]، محمدرضا بی‌همتا[۳] و آسا ابراهیمی[٤]

۱- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد خرم‌آباد، خرم‌آباد
۲- دانشیار، موسسه‌ی اصلاح تهیه‌ی نهال و بذر، کرج، تهران
۳- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، تهران
٤- استادیار، گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران، تهران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۳/۲۰ – تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۰٦/۱۹)

چکیده

این مطالعه به‌منظور شناسایی نشانگرهای پیوسته به برخی صفات دانه گندم انجام شد. یک‌صد ژنوتیپ گندم، در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار کشت شدند و پس از برداشت دانه‌ی ژنوتیپ‌های مورد آزمایش، صفاتی چون سختی دانه، طول، عرض و وزن هزار دانه‌ی آن‌ها اندازه‌گیری شد. نقشه‌یابی ارتباطی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، در کل ژنوم و همچنین برخی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته به کیو.تی.الها (QTLs)، انجام گرفت. از تعداد ۹٦ نشانگر به‌منظور بررسی ساختار جمعیت و ۲۲ نشانگر پیوسته به صفات استفاده شد. ساختار جمعیت، با استفاده از نرم‌افزار Structure تعیین شد و ژنوتیپ‌ها به شش زیر جمعیت تقسیم شدند. در مجموع تعداد ۳۵ نشانگر پیوسته به صفات با استفاده از نرم‌افزار Tassel شناسایی شدند که از این تعداد هشت نشانگر SSR پیوسته به کیو.تی.ال بودند. سایر نشانگرها که با صفات پیوستگی نشان دادند برای بررسی ساختار جامعه مورد استفاده قرار گرفته بودند. نشانگرهای پیوسته به کیو.تی.ال برای صفات، سختی دانه در کروموزوم 5B، 5D و 6D، طول، عرض و وزن هزاردانه در کروموزوم‌های 1B، 2B، 2D، 5B، 5D، 6D، 7B و 1A شناسایی شدند. نتایج این مطالعه نشان داد که نقشه‌یابی ارتباطی می‌تواند به‌عنوان یک روش مکمل برای مکان‌یابی کیو.تی.ال به‌منظور انتخاب به کمک نشانگر در گندم نان مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: صفات دانه، گندم، نقشه‌یابی ارتباطی، QTL

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **mirderikvand@khoiau.ac.ir**

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

مقدمه

یکی از کاربردهای مهم نشانگرهای مولکولی، بهبود و افزایش کارایی روش‌های مرسوم اصلاح نباتات از طریق انتخاب غیرمستقیم توسط نشانگرهای مولکولی پیوسته با صفات است. نشانگرهای مولکولی در مورد صفات تک ژنی و هم در مورد مکان‌های کنترل کننده‌ی صفات کمی مورد استفاده قرار می‌گیرد. نشانگرهای مولکولی چون تحت تأثیر محیط قرار نمی‌گیرند، در تمام مراحل رشدی گیاه می‌توان آن‌ها را بکار برد (Rafalski *et al*., 1996). نقشه‌یابی پیوستگی (Linkage mapping) و نقشه‌یابی ارتباطی (Association mapping) روش‌هایی هستند که برای مکان‌یابی جایگاه‌های کنترل کننده‌ی صفات کمی بکار می‌روند. مکان‌یابی ارتباطی روشی است برای پی بردن به اثرات ژن‌ها بر مبنای نقشه‌یابی عدم تعادل پیوستگی (Linkage disequilibrium mapping) و تکمیل کننده تجزیه کیو.تی.ال در پیشبرد اهداف مورد نظر در اصلاح مولکولی گیاهان است (Breseghello and Sorrells, 2006). دقت روش مکان‌یابی کیو.تی.ال تحت تأثیر عواملی همانند میزان چندشکلی در بین دو والد، اندازه جمعیت، توزیع کیاسما در ژنوم و اندازه‌گیری فنوتیپ قرار می‌گیرد (Somers *et al*., 2003). مکان‌یابی ارتباطی یا مکان‌یابی عدم تعادل گامتی برای تعیین ماهیت ژنتیکی برخی بیماری‌های انسانی برای مدت‌های زیادی مورد استفاده قرار گرفته است (Cardon and Bell, 2001). این روش در سال‌های اخیر برای شناسایی روابط ژنوتیپ–فنوتیپ در گیاهان بکار رفته است (Oraguzie and Wilcox, 2007). برخلاف روش مرسوم تجزیه پیوستگی که یک جمعیت طراحی شده برای پیش‌بینی روابط ژنوتیپ و فنوتیپ مورد استفاده قرار می‌گیرد (Jannink and Jansen, 2001)، نقشه‌یابی ارتباطی به ایجاد جمعیت خالص ژنتیکی نیاز ندارد (Zhu *et al*., 2008). اهمیت خصوصیات دانه‌ی گندم و بررسی روابط بین این صفات در پژوهش‌های متعددی مطالعه شده است. گندم‌های با اندازه‌ی دانه بزرگ‌تر نسبت به گندم‌های دانه کوچک، به‌طور قابل‌توجهی عملکرد آرد بیشتری دارند (Marshall *et al*., 1986). ویرزما و همکاران (Wiersma *et al*., 2001)، در مطالعه‌ی خود دریافتند که در گندم انتخاب دانه‌هایی که اندازه‌ی بزرگ‌تر دارند منجر به افزایش عملکرد آرد می‌شود. برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2006)، بین طول، وزن، سطح بذر و کیفیت آسیاب شدن دانه گندم رابطه‌ی مثبت را گزارش دادند. دهولاکیا و همکاران (Dholakia *et al*., 2001) و برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2007)، همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات وزن دانه، طول و عرض دانه گزارش کردند. توی و همکارن (Toi *et al*., 2010) همبستگی بسیار بالا و معنی‌دار بین این صفات گزارش کردند. رامیا و همکاران (Ramya *et al*., 2010) نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن هزار دانه، طول و عرض دانه را گزارش کردند.

در مطالعات متعددی نواحی ژنومی مرتبط با صفات وزن و ابعاد دانه گندم با استفاده از لاین‌های مونوزومیک (Giura and Saulescu, 1996; Varshney *et al*., 2000) و تجزیه کیو.تی.ال (Ammiraju *et al*., 2001 and 2004; Dholakia *et al*., 2003; Kumar *et al*., 2006; Breseghello and Sorrells, 2006 and 2007) شناسایی شده‌اند. شناخت اساس ژنتیکی خصوصیات دانه‌ی گندم از موارد ضروری برای اصلاح ارقام زراعی گندم است (Ramya *et al*., 2010). سختی دانه گندم مربوط به بافت آندوسپرم است و به‌طور کلی گندم‌ها یا دارای دانه‌ی سخت و یا دارای دانه نرم هستند. این صفت در آسیاب شدن و کیفیت نهایی آرد تأثیر دارد. دانه‌های نرم به‌راحتی آسیاب شده و گرانول‌های نشاسته در آن‌ها دست نخورده باقی می‌مانند و نشاسته در آن‌ها خسارت کمتری می‌بیند (Giroux and Morris, 1997). مطالعات پیشین در مورد وراثت صفت سختی دانه گندم نشان داده است که این صفت تحت کنترل یک ژن اصلی و ژن‌های فرعی تغییردهنده است. مکان ژن سختی دانه (Hardness)، روی

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

بازوی کوتاه کروموزوم 5D قرار دارد (Mattern *et al.*, 1973). مطالعات متعددی با استفاده از تجزیه کیو.تی.ال برای شناسایی مکان‌های کنترل کننده این صفت انجام شده و جایگاه‌هایی را روی کروموزوم‌های 2D، 5B، 6D، 5A، 7A و 2A شناسایی نموده‌اند (Sourdill *et al.*,1996; Campbell *et al.*, 1999; Perretant *et al.*, 2000; Galande *et al.*, 2001; Igrejas *et al.*, 2002; Narasimhamoorthy *et al.*, 2006). در مطالعه‌ای که در لاین‌های نوترکیب گندم نان در چند محیط انجام شد، به‌طور کلی ۲۲ کیو.تی.ال در ده کروموزوم گندم شناسایی گردید و سختی و شیشه‌ای بودن دانه، سه جایگاه در کروموزوم‌های 6A, 5D و 3A داشتند (Pshenichnikova *et al.*, 2008). برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2006)، با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی در ارقام گندم نان مشخص کردند که کروموزوم 2D در کنترل صفات عرض و وزن دانه و کروموزوم‌های 5B و 5A در کنترل صفت طول دانه نقش بسیار مهمی دارند. رامیا و همکاران (Ramya *et al.*, 2010)، در جامعه لاین‌های نوترکیب گندم نان با استفاده از نقشه‌یابی کیو.تی.ال، ۱۰ کیو.تی.ال را در کروموزوم‌های 5B، 4B، 2D، 2B، 1D و 5D برای وزن هزار دانه شناسایی کردند، درحالی‌که برای طول دانه ٦ کیو.تی.ال در کروموزوم‌های 5B، 5A، 2D، 2B، 1A و 5D شناسایی شد. برای عرض دانه ۹ کیو.تی.ال در کروموزوم‌های 5B، 4B، 2D، 2B، 1D و 5D وجود داشت.

هدف از انجام این تحقیق بررسی ارتباط مکان‌های کمی بود که در مطالعات کیو.تی.ال قبلی با صفات مورد مطالعه ارتباط داشته‌اند. همچنین مکان‌یابی ارتباطی نشانگرهای SSR در کروموزوم‌های گندم، معرفی نشانگرهای پیوسته با کیو.تی.ال‌های صفات مورد بررسی و شناسایی کیو.تی.ال‌های چند اثره (Pleiotropic)، بود.

مواد و روش

در این آزمایش ۱۰۰ رقم تجاری گندم شامل ۹۰ رقم زراعی و ۱۰ لاین امیدبخش که از موسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه‌ی نهال و بذر، تهیه شدند، مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۱). از صد ژنوتیپ ۸ نمونه گندم دوروم و مابقی گندم نان بودند، دوروم‌ها فقط در آزمایش مزرعه‌ای کشت شدند. یک‌صد نمونه در قالب طرح آلفا لاتیس با ۲ تکرار در مزرعه تحقیقاتی موسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه‌ی نهال و بذر کشت شدند ولی در آزمایش مولکولی فقط از ۹۲ گندم نان استفاده شد. پس از برداشت از هر رقم نمونه بذری تهیه شد و صفات سختی دانه، طول، عرض و وزن هزار دانه‌ی آنها اندازه‌گیری شد. صفت سختی دانه توسط دستگاه Near Infrared Reflectance، طبق پروتکل استاندارد ۷۰A–۳۹، انجمن آمریکایی شیمیدانان غلات (American Association of Cereal Chemists)، وزن هزار دانه با استفاده از ترازوی دقیق و طول و عرض دانه با استفاده از ریزسنج، اندازه‌گیری شدند. استخراج DNA با استفاده از روش CTAB، انجام شد (Doyle and Doyle 1987). به‌منظور حذف RNA از نمونه‌ها، ۲–۱ میکرولیتر از آنزیم RNase (1mg/ml) برای هر نمونه استفاده شد. کیفیت نمونه‌های DNA با استفاده از ژل آگارز ۰/۸ درصد و دستگاه پیکودراپ مدلPico200 (ساخت کمپانی Picodrop انگلستان)، تعیین گردید. سپس از DNAها نمونه‌هایی با غلظت ۵۰ng تهیه شد.

تعداد ۹٦ نشانگر به‌منظور بررسی ساختار جمعیت و ۲۲ نشانگر پیوسته به صفات مورد استفاده قرار گرفتند که توالی تمام آغازگرها در پایگاه اینترنتی به نشانی http://wheat.pw.usda.gov/GG2 قابل دسترس است.

برای انجام واکنش‌های PCR از روش رودر و همکاران (Roder *et al.*, 1998) و به این صورت استفاده شد که یک چرخه در دمای ۹٤ درجه و به مدت ٤ دقیقه، ۳۵ چرخه در دمای ۹٤ درجه و به مدت ۱ دقیقه، اتصال آغازگرها به مدت ۱ دقیقه و در دمای بین ۵۰ تا ٦۲ درجه (بسته به نوع آغازگر)، سپس تکثیر نمونه‌ها به مدت ۱ دقیقه و در دمای ۷۲ درجه و تکثیر نهایی در همین دما و به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. واکنش در حجم

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

جدول ۱- اسامی یا شناسه ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده در تحقیق

Table 1. Names or identity of wheat genotypes used in the study

ردیف No.	نام/شناسه Name/ Identity	ردیف No.	نام/شناسه Name/ Identity	ردیف No.	نام/شناسه Name/ Identity	ردیف No	نام/شناسه Name/ Identity	ردیف No.	نام/شناسه Name/ Identity	ردیف No.	نام/شناسه Name/ Identity
1	Karaj-1	18	DN-11	35	Khazar-1	52	Falat	69	Adl	86	Aria
2	Karaj-2	19	Bezostaya	36	Mughan-1	53	Heirmand	70	Sardari	87	Dena
3	Karaj-3	20	Navid	37	Mughan-2	54	Darab-2	71	Azar-2	88	Behrang
4	Azadi	21	Alamout	38	Mughan-3	55	Atrak	72	Zagross	89	UN-11
5	Ghods	22	Alvand	39	Golestan	56	Chamran	73	Sabalan	90	Kohdasht
6	Mahdavi	23	Zarin	40	Alborz	57	Star	74	Sp.Bc of Roshan	91	Ohadi
7	Niknejad	24	MV-17	41	Kaveh	58	Dez	75	Wi. Bc of Roshan	92	Dehdasht
8	Marvdasht	25	Gaspard	42	Rassoul	59	Vee/Nac	76	Cross of Shahi	93	Pato
9	Pishtaz	26	Gascogne	43	Tajan	60	Line A	77	Maroon	94	Rasad
10	Shiraz	27	Soisson	44	Shiroudi	61	Aflak	78	Kavir	95	Hama-4
11	Sepahan	28	Shahriar	45	Darya	62	Baaz	79	Hamoon	96	Ch
12	Bahar	29	Tous	46	Arta	63	Shahpasand	80	Bam	97	Homa
13	Parsi	30	Pishgam	47	Morvarid	64	Omid	81	Akbari	98	Seimareh
14	Sivand	31	C-84-8	48	N-85-5	65	Roshan	82	Sistan	99	Saji
15	M-85-7	32	Oroom	49	Arvand	66	Tabassi	83	Arg	100	Norstar
16	WS-82-9	33	Zaree	50	Chenab	67	Sholleh	84	Yavarous		
17	WS-85-10	34	Inia	51	Bayat	68	Sorkhtokhm	85	Karkheh		

شماره‌های ۹۹، ۹۸، ۹۲، ۸۸، ۸۷، ۸٦، ۸۵ و ۸٤ گندم دوروم و مابقی نان هستند.

No. of 84, 85, 86, 87, 88, 92, 98 and 99 are durum wheat and the others are bread wheat.

۱۵میکرولیتر با استفاده از دستگاه ترموسایکلر My cycler ساخت کمپانی Bio Rad انجام شد. پس از انجام مراحل تکثیر توسط PCR، به هر نمونه ۳ مایکرولیتر از محلول رنگ‌آمیزی ژل رد (Gel Red) و بافر بارگیری (به نسبت ۱/۵: ۱/۵ میکرولیتر) افزوده شد. ژل ۳/۵ درصد که ترکیبی از ۵۰ درصد آگارز معمولی و ۵۰ درصد آگارز متافور بود که با استفاده از بافر TBE تهیه شد. الکتروفورز با ولتاژ ۱۰۰ و به مدت دو ساعت و نیم اجرا گردید. بـــرای تعیین اندازه قطعات از نشانگر با باندهای استاندارد ۵۰bp استفاده گردید. مشاهده و عکس‌برداری زیر نور به کمک دستگاه Gel Doc XR (ساخت کمپانی Bio Rad آمریکا) انجام شد.

ساختار جمعیت و تهیه ماتریس کیو (Q matrix) با استفاده از نرم‌افزار Structure نسخه ۲/۳ (Pritchard and Wen, 2010)، تعیین شد. برای تعیین تعداد زیرگروه‌ها در جمعیت از داده‌های ژنوتیپی نشانگر SSR استفاده شد. بر اساس آنچه پریچارد و ون (Pritchard and Wen, 2007) پیشنهاد کرده‌اند از نرم‌افزار Structure با ۱۰۰۰۰۰ بار اجرا در زمان (Burn in time) و ۱۰۰۰۰۰ جایگشت (Permutation) استفاده شد. K یا تعداد زیر جمعیت از ۱ تا ۱۵ تنظیم و ۵ دور تکرار (Iteration) در هر زیرگروه انتخاب شد. سپس ماتریس داده‌های مولکولی و ماتریس صفات مورد بررسی و ماتریس کیو (ماتریس ساختار جمعیت) به نرم‌افزار Tassel نسخه ۲/۱ منتقل شدند (قابل دسترس در www.maizegenetics.net). تحلیل ارتباط بین صفت و نشانگر با استفاده از مدل رگرسیون خطی مرکب با استفاده از نرم‌افزار فوق انجام شد.

نتایج و بحث

تعداد زیر جمعیت مناسب، زیر جمعیتی‌هایی هستند که در آن‌ها آلل‌ها در تعادل هاردی-واینبرگ بوده و پیوستگی عدم تعادل گامتی در آنها وجود دارد. زیر جمعیتی که در آن حداکثر درست نمایی وجود داشت، یعنی موقعی‌که Ln Prob of Data روند نزولی را شروع کرد، (بدون در نظر گرفتن علامت آن) به‌عنوان تعداد مطلوب زیر جمعیت

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

انتخاب شد. بدین منظور نمودار Ln Prob of Data ترسیم و نقطه‌ای که در آن نمودار نزولی شد تعیین گردید و دیده شد که حداکثر درست نمایی در K=٦ به‌دست می‌آید و بنابراین به‌عنوان تعداد مناسب K یا تعداد زیر جمعیت در نظر گرفته شد. بر این اساس ژنوتیپ‌ها در ٦ زیر جمعیت قرار گرفتند. حاصل تجزیه ساختار جمعیت (Population structure) که ماتریس کیو است، شباهت نسبی ژنوتیپ‌ها را در زیرگروه‌ها مشخص نمود. بنابراین برای تجزیه و تحلیل‌های بعدی از این ماتریس که شش ستون و ۹۲ ردیف داشت، استفاده شد. برای بررسی ارتباط نشانگر و صفت علاوه بر ماتریس کیو، دو ماتریس صفت و داده‌های حاصل از امتیازدهی به نوارهای حاصل از نشانگر SSR، نیز مورد استفاده قرار گرفت.

داده‌های حاصل از این سه ماتریس وارد نرم‌افزار تاسل شده و با استفاده از مدل رگرسیون خطی مرکب (Mixed liner model) ارتباط بین صفات و داده‌های نشانگری بررسی شد. نتایج ارتباط صفات با نشانگرها برای صفات در جدول ۲ آورده شده است. از چهار نشانگر که بر اساس مطالعات قبلی کانرت و همکاران (Kunert *et al.*, 2007)، لی و همکاران (Lie *et al.*, 2008) و ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2011)، مرتبط با صفت سختی دانه معرفی شده بودند، استفاده شد. در مطالعه‌ی حاضر از این نشانگرها، تنها نشانگر Xcfd18 که روی کروموزوم 5D قرار دارد با این صفت پیوستگی معنی‌دار نشان داد.

علاوه بر این نشانگرهای Xcfd5 و Xbarc54 که روی کروموزوم‌های 5B-6D و 3A-6D، نشانگر Xgwm10 روی کروموزوم 2A، نشانگرXgwm259 روی کروموزوم 1B و نشانگرXgwm325 روی کروموزوم‌های 6B و 6D قرار دارند با این صفت پیوستگی معنی‌دار داشتند. در مطالعه‌ای که با استفاده از تجزیه‌ی کیو.تی.ال در گندم انجام شد، دو کیو.تی.ال برای سختی دانه شناسایی شد که یکی از آنها در بازوی کوتاه کروموزوم 5D قرار داشت و دیگری در کروموزوم 1D و نزدیک مکان ژنی Glu-D1 قرار داشت (Crepieux *et al.*, 2005). همچنین در مطالعه‌ی دیگری دو نشانگر مرتبط با سختی دانه شناسایی شد که یکی از آنها خیلی نزدیک به ژن PinbD1 و مکان ژنی Ha بود و دیگری در بازوی کوتاه کروموزوم 1D واقع شده بود. (جایی‌که ژن Glu-A3 قرار داشت) (Arbelbide and Bernardo, 2006). چون در مطالعات مختلف گزارش شده که مکان ژنی Ha که در بازوی کوتاه کروموزوم 5D قرار دارد، در کنترل صفت فوق نقش دارد و در این مطالعه نیز نشانگر Xcfd18 ارتباط معنی‌دار با این صفت داشت، بنابراین این نشانگر به‌عنوان یکی از نشانگرهای پیوسته به کیو.تی.ال و مؤثر در کنترل صفت سختی دانه معرفی می‌شود. علاوه بر این نشانگر، در مطالعه‌ی حاضر نشانگرهایی که روی کروموزوم‌های 5B و 6D قرار دارند، به‌دلیل آن‌که در چند مورد با این صفت پیوستگی نشان دادند، بنابراین در کنترل این صفت نقش دارند. در بررسی‌های رامیا و همکاران (Ramya *et al.*, 2010)، در جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب، هفت نشانگر Xbarc13، Xbarc146، Xbnarc148، Xbarc178، Xcfd5، Xcfd59 و Xgwm539 که با صفت وزن هزار دانه پیوسته بودند، مورد استفاده قرار گرفتند. در مطالعه‌ی حاضر همبستگی ارتباطی مشخص کرد که تنها سه نشانگر Xcfd5، Xbarc13 و Xgwm539 که به ترتیب روی کروموزوم‌های 6D، 5B، 2B و 2D قرار دارند، با صفت فوق پیوستگی معنی‌دار دارند. علاوه بر این، نشانگرهای: Xcfa2164 و Xgwm577 که به‌ترتیب روی کروموزوم‌های 3A و 7B قرار دارند، نشانگرهای Xbarc80 که روی کروموزوم 1B قرار دارد، Xcfa2153 که روی کروموزوم 1A قرار دارد، Xcfd56 پیوسته با صفت عرض دانه که روی کروموزوم‌های 5B–6D قرار دارد با این صفت پیوستگی معنی‌دار نشان دادند. همچنین نشانگرهای Xgwm99، Xgwm149 و Xgwm274 که برای بررسی ساختار جامعه استفاده شدند و به ترتیب روی کروموزوم‌های 1A، 4B و7B، 5B، 3B، 1B، قرار

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

جدول ۲- تجزیه‌ی همبستگی ارتباطی نشانگرهای پیوسته و صفات

Table 2. Association of SSR markers with traits

صفت Trait		ردیف No.	نشانگر Marker	کروموزوم Chromosome	سطح معنی‌داری Significance level
سختی دانه Grain hardness	مرتبط با صفت بر اساس مطالعات قبلی Associated with trait based on previous studies	1	Xcfd18	5D	*
	مرتبط با سایر صفات یا مربوط به بررسی ساختار که پیوستگی نشان دادند Markers that linked to other traits or used to population structure analysis were associated with grain hardness	1	Xcfd5	5B - 6D	**
		2	Xbarc54	3A – 6D	**
		3	Xgwm10	2A, 2B – 3A – 7A	**
		4	Xgwm68	5B – 7B	*
		5	Xgwm259	1B	**
		6	Xgwm325	6B, 6D	*
وزن هزار دانه Thousand kernel weight	مرتبط با صفت بر اساس مطالعات قبلی Associated with trait based on previous studies	1	Xcfd5	6D, 5B	*
		2	Xbarc13	2B	*
		3	Xgwm539	2D	*
	مرتبط با سایر صفات یا مربوط به بررسی ساختار که پیوستگی نشان دادند Markers that linked to other traits or used to population structure analysis were associated with thousand kernel weight	1	Xbarc80	1B	*
		2	Xcfa2153	1A	*
		3	Xcfa2164	3A	*
		4	Xcfd56	2B, D	*
		5	Xgwm99	1A	**
		6	Xgwm149	4B	**
		7	Xgwm274	1B, 3B, 5B, 7B	*
		8	Xgwm577	7B	*
عرض دانه Seed width	مرتبط با صفت بر اساس مطالعات قبلی Associated with trait based on previous studies	1	Xbarc74	5B	**
		2	Xgwm539	2D	**
	مرتبط با سایر صفات یا مربوط به بررسی ساختار که پیوستگی نشان دادند Markers that linked to other traits or used to population structure analysis, were associated with seed width	1	Xbarc149	1D	*
		2	Xcfa2153	1A	**
		3	Xcfd42	6D	**
		4	Xgwm515	2A, 2D	**
		5	Xgwm577	7B	**
طول دانه Seed length	مرتبط با صفت بر اساس مطالعات قبلی Associated with trait based on previous studies	1	Xcfd40	5A, 5D	*
		2	Xbarc149	1D	*
	مرتبط با سایر صفات یا مربوط به بررسی ساختار که پیوستگی نشان دادند Markers that linked to other traits or used to population structure analysis, were associated with seed length	1	Xbarc80	1B	*
		2	Xbarc146	6A, 6B, 6D	**
		3	Xcfa2153	1A	*
		4	Xgwm11	1BL – 1BS	*
		5	Xgwm149	4B	**
		6	Xgwm159	2A	*
		7	Xwmc215	3A, 5A, 5D	**
		8	Wms304	2A	**

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد. ** and * significant at 1 and 5% levels of probability, respectively.

دارند، نیز با این صفت پیوستگی معنی‌دار نشان دادند. نشانگر Xgwm539 در فاصله‌ی ۹۱ سانتی‌مورگانی بازوی بلند کروموزوم 2D و نشانگر Xcfd5 در تلومر بازوی کوتاه کروموزوم 5D در نقشه‌ی مورد توافق سومرز و همکاران (Somers *et al*., 2004) تعیین محل شدند.

در مطالعه‌ی حاضر نیز این نشانگرها ارتباط معنی‌دار با صفت وزن هزار دانه داشتند. همچنین نشانگرهای دیگری بر روی کروموزوم‌های 1B، 3A، 4B، 5B، 6D، 7A و 7B مرتبط با این صفت شناسایی شدند. این نشانگرها یا برای صفات دیگر یا برای بررسی ساختار جامعه انتخاب شده

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

بودند. علاوه بر نشانگرهایی که در مطالعات قبلی با این صفت پیوستگی داشتند (که مطالعه حاضر نیز برخی از آنها را تائید نموده است)، چند نشانگر دیگر که محل آنها در کروموزوم‌های 7B، 1B و 1A، قرار دارد و بیش از یک‌بار با این صفت پیوستگی نشان داده‌اند (جدول ۲)، در کنترل صفت فوق نقش دارند.

پنج نشانگر Xbarc74، Xbarc183، Xcfd56، Xcfd168 و Xgwm539 که قبلاً به‌عنوان مکان‌های کمی کنترل کننده‌ی صفت عرض دانه معرفی شده بودند، مورد استفاده قرار گرفت (Ramya *et al.*, 2010). با توجه به همبستگی ارتباطی انجام شده در تحقیق حاضر از این تعداد، تنها دو نشانگر Xbarc74 و Xgwm539 که به ترتیب روی کروموزوم‌های 5B و 2D قرار دارند، ارتباط معنی‌دار با این صفت نشان دادند. همچنین نشانگرهای Xgwm515، Xgwm577 و Xcfd42 که به ترتیب روی کروموزوم‌های 7B، 2D، 2A و 6D قرار دارند، Xbarc149 که روی کروموزوم 1D قرار دارد و Xcfa2153 که روی کروموزوم 1A قرار دارد، با صفت عرض دانه ارتباط معنی‌دار نشان دادند. نشانگر Xgwm539 در کنترل دو صفت وزن هزار دانه و عرض دانه و نشانگرXbarc149 در کنترل طول و عرض دانه مؤثر بودند. علاوه بر این نشانگرهای دیگری که مرتبط با سایر صفات و یا برای بررسی ساختار جامعه انتخاب شده بودند و در کروموزوم‌های 7B، 6D، 2D، 2A و 1A قرار داشتند با این صفت پیوستگی نشان دادند. برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2006)، با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی در ارقام گندم نان پیوستگی بسیار معنی‌دار بین نشانگرهای Xwmc111 و Xgwm30 که در کروموزوم 2D قرار دارند، با صفت عرض و وزن دانه را گزارش کردند.

هفت نشانگر Xcfd40، Xgwm382، Xgwm271، Xwmc317، Xbarc149، Xcfa2141 و Xwmc469 که بر اساس مطالعات قبلی پیوسته با صفت طول دانه معرفی شده بودند (Ramya *et al.*, 2010)، مورد استفاده قرار گرفت. تنها دو نشانگر Xcfd40 که روی کروموزوم‌های 5D و 5A قرار دارد و نشانگر Xbarc149 که روی کروموزوم 1D قرار دارد، با این صفت پیوستگی معنی‌دار نشان دادند. (جدول ۲). همچنین نشانگرهای Xbarc80 (که روی کروموزوم 1B قرار دارد)، Xbarc146 پیوسته با صفت وزن هزار دانه (که روی کروموزوم‌های 6A، 6B، 6D قرار دارد)، Xcfa2153 (که روی کروموزوم 1A قرار دارد)، Xwmc215 (که روی کروموزوم‌های 3A, 5A–5D قرار دارند)، Wms304 پیوسته با صفت سختی دانه (که روی کروموزوم 2A قرار دارد) و همچنین نشانگرهای Xgwm11، Xgwm149 و Xgwm159 که برای بررسی ساختار جامعه استفاده شدند و به‌ترتیب روی کروموزوم‌های 1BL–1BS، 4B و 2A قرار دارند، با صفت فوق ارتباط معنی‌دار نشان دادند. با توجه به اینکه نشانگرهایی که روی کروموزوم‌های 2A و 1B قرار دارند بیش از یک‌بار با صفت طول دانه پیوستگی نشان دادند، چنین استنباط می‌شود که مکان‌های کمی روی این کروموزوم‌ها نیز در کنترل این صفت نقش داشته باشند. دو نشانگر Xcfd40 و Xbarc149 در این مطالعه ارتباط معنی‌دار با صفت طول دانه داشتند که در نقشه‌ی مورد توافق سومرز و همکاران (Somers *et al.*, 2004)، به ترتیب در فاصله‌ی ۳۷ سانتی‌مورگانی بازوی کوتاه کروموزوم 5D و فاصله‌ی ١٤ سانتی‌مورگانی بازوی کوتاه کروموزوم 1D قرار دارند. برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2006)، گزارش دادند که نشانگر Xgwm539 در کروموزوم 2D، ارتباط معنی‌دار با طول دانه دارد. علاوه بر این، نشانگرهای Xbarc308 و Xwmc150 که به ترتیب در کروموزوم‌های 5B و 5A قرار دارند با صفت طول دانه پیوستگی بسیار معنی‌دار

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

داشتند. برخی نشانگرها به‌طور همزمان پیوستگی معنی‌دار با دو صفت داشتند؛ مانند نشانگرهای Xcfd5 (سختی دانه و وزن هزار دانه)، Xgwm539 (عرض دانه و وزن هزار دانه) و Xgwm577 (وزن هزار دانه و عرض دانه). به‌نظر می‌رسد مکان‌های ژنی این نشانگرها مربوط به ژن‌های چنداثره باشند.

با توجه به اینکه در مطالعه حاضر و بررسی‌های قبلی با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی و کیو.تی.ال همبستگی معنی‌دار بین نشانگرهای موجود روی کروموزوم 2D و صفات طول، عرض و وزن دانه وجود داشت، بنابراین این‌گونه می‌توان گفت که کروموزوم 2D از کروموزوم‌هایی است که نقش مهمی در کنترل صفات فوق دارد. در مطالعه دیگری که در ارقام دانه نرم گندم نان با استفاده از نقشه‌یابی ارتباطی انجام شد، برای وزن هزار دانه کیو.تی.ال‌هایی در کروموزوم‌های 7B، 5B، 4D، 4A و 2D شناسایی شد (Jochen *et al*., 2011). همان‌طور که ملاحظه می‌شود کیو.تی.ال‌های کنترل کننده سه صفت فوق بر روی کروموزوم‌های مختلف گندم پراکنده شده‌اند. ولی برخی جایگاه‌ها در کروموزوم‌های 5D، 5B، 2D، 2B، 6D و 1B در چندین مطالعه به‌صورت ثابت برای این صفات به‌عنوان مکان‌های کنترل کننده معرفی شده‌اند که نتایج مطالعه حاضر نیز آنها را تأیید می‌نماید. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که کیو.تی.ال‌هایی که در کروموزوم‌های ژنوم B و D قرار دارند، نقش مهمی در کنترل طول، عرض و وزن دانه‌ی گندم دارند.

همان‌طور که در نتایج ملاحظه شد، برخی نشانگرها مرتبط با صفت دیگری بوده و یا برای بررسی ساختار جامعه استفاده شده‌اند، ولی در نقشه‌یابی ارتباطی با صفتی غیر از صفت مورد نظر، پیوستگی نشان داده‌اند، که ممکن است حاصل اشتباه نوع I بوده و این پیوستگی دروغین باشد. علاوه براین، برسگلو و سورلز (Breseghello and Sorrells, 2006)، اظهار داشتند که در نقشه‌یابی ارتباطی در مقایسه با نقشه‌یابی کیو.تی.ال، احتمال وقوع اشتباه نوع I و II وجود دارد. اشتباه نوع I زمانی رخ می‌دهد که ساختار جمعیت در نظر گرفته نشود (Pritchard *et al*., 2000). وقوع اشتباه نوع II و کاهش قدرت نقشه‌یابی ارتباطی می‌تواند مربوط به همبستگی پایین بین نشانگر و ژن‌ها باشد که در نتیجه میزان عدم تعادل گامتی کم این امر رخ می‌دهد. همچنین ممکن است در نتیجه فراوانی متفاوت آلل‌ها باشد.

صفات کمی به‌وسیله تعدادی ژن کنترل شده و کنترل ژنتیکی این صفات به‌طور طبیعی تغییرات آللی زیادی در چند ژن دارد و تحت تأثیر محیط نیز قرار می‌گیرند. صفات کیفی دانه گندم هم که به‌عنوان صفات کمی شناخته شده‌اند، به‌وسیله گروهی از ژن‌ها کنترل می‌شوند که به‌شدت تحت تأثیر تغییرات محیطی قرار دارند. بنابراین ممکن است نتایج متفاوت به‌دست بیاید.

پیشنهاد می‌شود برای تعیین بهتر ساختار جمعیت مورد بررسی، از تعداد بیشتری نشانگر استفاده شده و با تکرار آزمایش‌ها در سال‌های متوالی و یافتن مکان‌های کمی ثابت کنترل کننده صفات، نتایج قابل استناد به‌دست آورد و از آنها در اصلاح گندم استفاده نمود.

References

Ammiraju, J.S.S., Dholakia, B.B., Santra, D.K., Singh, H., Lagu, M.D., Tamhankar, S.A., Dhaliwal, H.S., Rao, V.S., Gupta,V.S. and Ranjekar, P.K. (2001). Identification of Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers associated with seed size in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **102**: 726-732.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

Arbelbide, M. and Bernardo, R. (2006). Mixed-model QTL mapping for kernel hardness and dough strength in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **112**: 885-890.

Breseghello, F. and Sorrells, M.E. (2006). Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Genetics*, **172**: 1165-1177.

Breseghello, F. and Sorrells, M.E. (2007). QTL analysis of kernel size and shape in two hexaploid wheat mapping populations. *Field Crops Research*, **101**: 172-179.

Campbell, K.G., Bergman, C.J., Gualberto, D.G., Anderson, J.A., Giroux, M.J., Hareland, G., Fulcher, R.G., Sorrells, M.E. and Finney, P. L. (1999). Quantitative trait loci associated with kernel traits in a soft ×hard wheat cross. *Crop Science*, **39**: 1184-1195.

Cardon, L.R. and Bell, J.I. (2001). Association study designs for complex diseases. *Nature Reviews Genetics*, **2**: 91-99.

Committee, A.A.o.C.C.A.M. (2000). Approved Methods of the American Association of Cereal Chemists, 10th edn, AACC, University of Michigan, USA.

Crepieux, S., Lebreton, C., Flament, P. and Charmet, G. (2005). Application of a new IBD-based QTL mapping method to common wheat breeding population: analysis of kernel hardness and dough strength. *Theoretical and Applied Genetics*, **111**: 1409-1419.

Dholakia, B.B., Ammiraju, J.S.S., Santra, D.K., Singh, H., Katti, M.V., Lagu, M.D., Tmhankar, S.A., Rao., V.S., Gupta, V.S., Dhaliwal, H.S. and Ranjekar, P.K. (2001). Molecular marker analysis of protein content using PCR-Based markers in wheat. *Biochemical Genetics*, **39**: 325-338.

Dholakia, B.B., Ammiraju, J.S.S., Singh, H., Lagu, M.D., Röder, M.S. and Rao, V.S, Dhaliwal, H.S., Ranjekar, P.K., Gupta1, V.S., and Weber, W.E. (2003). Molecular marker analysis of kernel size and shape in bread wheat. *Plant Breeding*, **122**: 392-395.

Doyle, J.J. and Doyle. J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry Bulletin*, **19**:11-15.

Galande, A.A., Tiwari, R., Ammiraju, J.S.S., Santra, D.K., Lagu, M.D., Rao, V.S., Gupta, V.S., Misra, B.K., Nagarajan, S. and Ranjekar, P.K. (2001). Genetic analysis of kernel hardness in bread wheat using PCR based markers. *Theoretical and Applied Genetics*, **103**: 601-606.

Giroux, M.J. and Morris, C.F. (1997). A glycine to serine change in puroindoline*b* is associated with wheat grain hardness and low levels of starch-surface friabilin. *Theoretical and Applied Genetics*, **95**: 857-864.

Giura, A. and Saulescu, N.N. (1996). Chromosomal location of genes controlling grain size in a large grained selection of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, **89**: 77-80.

Igrejas, G., Leroy, P., Charmet, G., Gaborit, T., Marionm, D. and Branlard, G. (2002). Mapping QTLs for grain hardness and puroindoline content in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, **106**: 19-27.

Jannink, J.L., Bink, M.C. and Jansen, R.C. (2001). Using complex plant pedigrees to map valuable genes. *Trends in Plant Science*, **6**: 337-342.

Kumar, N., Kulwal, P., Gaur, A., Tyagi, A., Khurana, J., Khurana, P., Balyan, H. and Gupta, P. (2006). QTL analysis for grain weight in common wheat. *Euphytica*, **151**: 135-144.

Kunert, A., Naz, A.A. and Dedeck, O. (2007). AB-QTL analysis in winter wheat: I. Synthetic hexaploid wheat (*T. turgidum ssp. dicoccoides* × *T. tauschii*) as a source of favourable alleles for milling and baking quality traits. *Theoretical and Applied Genetics*, **115**: 683–695.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]

[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

Lie, Y., Zhou, R., Wang, J., Liao, X., Branlard, G. and Jia, J. (2012). Novel and favorable QTL allele clusters for end-use quality revealed by introgression lines derived from synthetic wheat. *Molecular Breeding*, **29**: 627-643.

Marshall, D.R., Mares, D.J., Moss, H.J. and Ellison, F.W. (1986). Effects of grain shape and size on milling yields in wheat. Experimental studies. *Australian Journal of Agricultural Research*, **37**: 331-342.

Mattern, P.J., Morris, R., Schmidt, J.W. and Johnson, V.A. (1973). Locations of genes for kernel properties in the wheat variety 'Cheyenne' using chromosome substitution lines. In: *Agricultural Experimental Station* (Sears, E.R, and Sears, L.M.S., Eds) pp. 703-707, Proc 4th international wheat genetics symposium, University of Missouri, Columbia.

Narasimhamoorthy, B., Gill, B.S., Fritz, A.K., Nelson, J.C. and Brown-Guedira, G.L. (2006). Advanced backcross QTL analysis of a hard winter wheat × synthetic wheat population. *Theoretical and Applied Genetics*, **112**: 787-796.

Oraguzie, N.C. and Wilcox. P.L. (2007). An overview of association mapping. In: *Association mapping in plants* (Oraguzie, N., Rikkerink, E.A., Gardiner, S. and De Silva, H.N., Eds) pp. 1-9, Springer, New York, USA.

Perretant, M.R., Cadalen, T., Charmet, G., Sourdille, P., Nicolas, P., Boeuf, C., Tixier, M.H., Branlard, G., Bernard, S. and Bernard, M. (2000). QTL analysis of bread-making quality in wheat using a doubled haploid population. *Theoretical and Applied Genetics*, **100**: 1167–1175.

Pritchard, J.K., Stephens, M., Rosenburg, N.A. and Donnelly, P. (2000). Association mapping in structured populations. *American Journal of Human Genetics*, **37**: 170-181.

Pritchard, J.K. and Wen, X. (2007). Documentation for structure Software, version 2.3. Department of Human Genetics, University of Chicago, Chicago, USA.

Pritchard, J.K., Wen, X. and Flash, D. (2010). Documentation for structure Software, version 2.3. Department of Human Genetics, University of Chicago, Chicago, USA.

Pshenichnikova, T.A., Ermakova, M.F., Chistyakova, A.K., Shchukina, L.V., Berezovskaya, E.V., Lochwasser, U., Röder, M. and Börner, A. (2008). Mapping of the quantitative trait loci (QTL) associated with grain quality characteristics of the bread wheat grown under different environmental conditions. *Russian Journal of Genetics*, **44**: 74-84.

Rafalski, J.A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J. M. and Tingey, S.V. (1996). Generating and using DNA markers in plants. In: *Analysis of Non-mammalian Genomes: a practical guide* (Birren, B. and Lai, E., Eds) pp. 75-134, Academic Press, Boca Raton, Florida, USA.

Ramya, P., Chaubal, A., Kulkarni, K, Gipta, L., Kadoo, N., Dhaliwal, H.S., Chhuneja, P., Lagu, M. and 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.

Roder, M.S., Korsun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M.H., Leroy, P. and Ganal, M.W. (1998). A microsatellite map of wheat. *Genetics*, **149**: 2007-2023.

Somers, D.J., Fedak, G, and Savard, M. (2003). Molecular mapping of novel genes controlling Fusarium head blight resistance and deoxynivalenol accumulation in spring wheat. *Genome*, **46**: 555-564.

Somers, D.J., Isaac, P, and Edwards, K. (2004). A high density microsatellite consensus map of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, **109**: 1105-1114.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

Sourdille, P., Perretant, M.R., Charmet, G., Leroy, P., Gautier, M.F., Joudrier, P., Nelson, J.C., Sorrells, M.E. and Bernard, M. (1996). Linkage between RFLP markers and genes affecting kernel hardness in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **93**: 580-586.

Toi, J.T., Hareland, G.A., Simsek, S., Chao, S. and Anderson, J.A. (2010). Genome mapping of kernel characteristics in hard red spring wheat breeding lines. *Theoretical and Applied Genetics*, **121**: 717–730.

Varshney, R.K., Prasad, M., Roy, J.K., Kumar, N., Harjit, S., Dhaliwal, H.S., Balyan, H.S. and Gupta, P.K. (2000). Identification of eight chromosomes and a microsatellite marker on 1AS associated with QTLs for grain weight in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **100**: 1290-1294.

Wiersma, J.J., Busch, H., Fulcher, G.G. and Hareland, G. (2001). Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. *Crop Science*, **41**: 999-1005.

Zhang, Y., Tang, J. and Zhang, Y. (2011). QTL mapping for quantities of protein fractions in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, **122**: 971-987.

Zhu, C., Gore, M.E., Buckler, S. and Yu, J. (2008). Status and prospects of association mapping in plants. *The plant genome*, **1**: 5-20.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]

[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]

Detection of QTLs Associated to Some Grain Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.), Using Association Mapping

Reza Mir Drikvand[1,*], Goodarz Najafian[2], Mohammad Reza Bihamta[3] and Asa Ebrahimi[4]

1- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Khorramabad Branch, Islamic Azad University, Khorramabad, Iran
2- Associate Professor, Cereal Chemistry and Technology Unit, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran
3- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, University of Tehran, Tehran, Iran
4- Assistant Professor, Department of Plant Biotechnology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

(Received: June 10, 2014– September 10, 2014)

Abstract

This study was conducted to identify markers associated with some kernel traits in bread wheat in two separate experiments under field and laboratory. One hundred wheat genotypes were evaluated in an alpha lattice experimental design with two replications. Grain hardness, seed length, seed width and thousand kernel weights were measured. Association mapping was performed based on 96 unlinked and 22 SSR QTL linked markers, using structure and Tassel software. Correction for population structure was performed using genome wide SSR markers so that genotypes were divided into six sub-populations. Totally, 35 SSR markers linked to traits were detected; eight of them being QTL linked markers and other markers that were linked to traits, were used to investigate population structure. The QTLs linked markers were as follows: Chromosomes 5B, 5D and 6D had three QTL for grain hardness. Nine QTLs were detected on chromosomes 1A, 1B, 2A, 2B, 2D, 5B, 5D, 6D and 7B for kernel length, kernel width and thousand kernel weights. The results of this study demonstrate that association mapping is a useful approach to complement and enhance previous QTL information for marker-assisted selection in wheat.

Keywords: Kernel traits, Wheat, Association mapping, QTL

[*] **Corresponding Author, E-mail: mirderikvand@khoiau.ac.ir**

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-04-29]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1393.1.2.5.2]
[DOI: 10.29252/pgr.1.2.43]