تعیین تنوع هاپلوتایپی و ارتباط بین صفات مطلوب زراعی و آلل‌های ریزماهواره واقع بر کروموزوم‌های 4B و 7D گندم نان

اسماعیل دستورانی[۱]، خلیل زینلی‌نژاد[۲،*]، مسعود سلطانی نجف‌آبادی[۳]، محمدهادی پهلوانی[٤]، حسن سلطانلو[٤] و سعید باقری‌کیا[٥]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

۲- استادیار، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

۳- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

٤- دانشیار، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

٥- استادیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۹/۱۳ - تاریخ پذیرش: ۱٤۰۰/۰٤/۲۷)

چکیده

این پژوهش با هدف تعیین گروه‌های هاپلوتایپی و شناسایی آلل‌های اختصاصی برای صفات مطلوب زراعی گندم نان انجام شد. به‌همین منظور ٤۲ ژنوتیپ گندم بومی ایران و ۹ رقم تجاری به‌همراه رقم بهاره چینی (ژنوتیپ مرجع) در قالب طرح آگمنت کشت و از نظر ۱۳ صفت فنوتیپی کمی ارزیابی شدند. نتایج آمار توصیفی نشان داد که صفات طول ریشک و روز تا گلدهی به‌ترتیب بالاترین و پایین‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی را داشتند. به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی QTL مرتبط با صفات فنوتیپی واقع بر کروموزوم‌های 4B و 7D گندم نان از هشت نشانگر ریزماهواره استفاده شد. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی با توجه به مطابقت آللی با ژنوتیپ مرجع در کروموزوم‌های 4B و 7D به‌ترتیب در ۱۳ و شش گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند. به‌منظور بررسی وجود ارتباط بین صفات و نشانگرها، تجزیه واریانس در قالب طرح کاملاً تصادفی با تکرار نامساوی برای تک‌تک نشانگرها انجام شد. در مجموع از ۱۳ صفت مورد بررسی، برای هشت صفت ارتباط معنی‌دار آماری مشاهده شد و برای سه صفت به‌طور هم‌زمان یک آلل اختصاصی معرفی گردید. چنانچه اصلاحگر علاقه‌مند به گزینش ژنوتیپ‌هایی باشد که به‌طور هم‌زمان سه حالت مطلوب یعنی گلدهی زودتر، نیمه‌پاکوتاهی و تعداد بیشتر دانه در سنبله را داشته باشند، می‌تواند از آلل اختصاصی شناسایی شده (۱۵۳ جفت‌باز) نشانگر *Xgwm149-4B* استفاده کند.

واژگان کلیدی: صفات فنوتیپی، گزینش به کمک نشانگر، گندم بومی، نشانگرهای آلل اختصاصی

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **zaynalinezhad@gau.ac.ir**

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

مقدمه

گندم یکی از مهم‌ترین و اصلی‌ترین محصولات کشاورزی جهان محسوب می‌شود که با بیش از ۲۱۸ میلیون هکتار بیشترین سطح زیر کشت را در سراسر جهان به خود اختصاص داده است و در مجموع تولیدی در حدود ۷۷۲ میلیون تن دارا است (FAO, 2020). در ایران نیز گندم از نظر تولید و سطح زیر کشت مهم‌ترین محصول کشاورزی است و افزایش محصول آن روز به روز مورد توجه قرار گرفته است و از نظر اقتصادی و امنیت غذایی مردم از اهمیت بسیاری برخوردار است (Ghaffari and Jalal Kamali, 2013). طبق آمار سازمان جهانی FAO در سال ۲۰۱۸ سطح زیر کشت گندم در ایران بیش از شش میلیون هکتار و میزان تولید گندم بیش از ۱٤ میلیون تن و همچنین میزان عملکرد ۲/۱ تن در هکتار گزارش شده است (FAO, 2020).

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) یکی از روش‌هایی است که در دو دهه اخیر برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی مورد استفاده قرار گرفته است. در این روش تفرق هم‌زمان صفت کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می‌شود و در نهایت تعداد ژن‌ها، نوع عمل آن‌ها و میزان اثر هر یک برآورد شده و مکان QTL روی ژنوم شناسایی می‌گردد (Würschum, 2012). نشانگرهای ریزماهواره یا توالی‌های ساده تکراری به‌دلیل پلی‌مورفیسم بالا، هم‌بارز بودن، مکان کروموزومی مشخص، قرار گرفتن بیشتر در نواحی کد نشونده ژنوم، سادگی و هزینه نسبتاً پایین، کاربرد بسیار زیادی را در تهیه نقشه‌های لینکاژی پیدا کرده‌اند (Gupta and Varshney, 2000; Miah *et al*., 2013). استفاده از نشانگرهای ریزماهواره برای شناسایی ترکیب‌های مختلف ممکن از آلل‌های چند نشانگر ریزماهواره (یا تنوع هاپلوتایپی) برای تشخیص واریته‌های گندم مفید واقع شده است (Sardouie-Nasab *et al*., 2013). به‌طوری که با استفاده از مجموعه‌ای از ۱۰ جفت نشانگر ریزماهواره تنوع هاپلوتایپی ۱۰۵ رقم گندم به‌طور واضح و مشخص تعیین شده است (Manifesto *et al*., 2001). در مطالعه دیگری تنوع هاپلوتایپی ارقام رایج گندم نان در سه کشور اروپایی (مجارستان، اتریش و آلمان) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره به‌خوبی تشخیص داده شده است (Lelley and Stachel, 1998).

در گندم نان، نقشه‌یابی QTL برای صفات زراعی مهم شامل عملکرد و اجزای آن، کیفیت، مقاومت به بیماری‌ها و زمان گلدهی انجام شده است (Börner *et al*., 2002; Yao *et al*., 2009; Sari *et al*., 2018). یکی از برنامه‌های تحقیقاتی بعد از شناسایی این QTLها، بررسی تنوع آللی نشانگرهای مولکولی در منطقه مورد نظر روی ژنوتیپ‌های مختلف به‌منظور یافتن آلل‌های اختصاصی می‌باشد. از این اطلاعات می‌توان برای ساخت تمامی ترکیبات آللی ممکن در آن منطقه یا هاپلوتایپینگ استفاده نمود. در واقع هاپلوتایپینگ به بررسی رابطه بین ترکیبات مختلف آللی در چند مکان مارکری مختلف در QTL مورد نظر با صفت مربوطه می‌پردازد (McCartney *et al*., 2004). روی کروموزوم 4B گندم، QTLهای خوبی در ارتباط با اندازه دانه شناسایی شده است (Nave *et al*., 2016). QTLهای مربوط به طول دانه روی بازوی بلند (Breseghello and Sorrells, 2007; Wu *et al*., 2015) و QTLهای مربوط به عرض دانه روی بازوی کوتاه کروموزوم 4B گندم بوده‌اند (Ramya *et al*., 2010). همچنین در کروموزوم 4B، QTLهای مرتبط با خواب بذر و وزن هزار دانه شناسایی شده‌اند (Kulwal *et al*., 2010; Mir Drikvand *et al*., 2015). روی کروموزوم 7D هم QTLهای مربوط به اندازه دانه (Röder *et al*., 2008; Chen *et al*., 2020)، طول خوشه و تعداد سنبلچه در سنبله (Yao *et al*., 2019) و مقاومت به بیماری‌ها مانند فوزاریوم سنبله، زنگ زرد، زنگ قهوه‌ای و سفیدک پودری (Spielmeyer *et al*., 2005) واقع شده است.

مطالعه رابطه بین نشانگرهای مولکولی و صفات زراعی دارای کاربردهای متعددی است که از جمله آن‌ها می‌توان به امکان بررسی پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ‌های خاص پیش از ارزیابی فنوتیپی، ردیابی آلل‌های صفت مطلوب در مجموعه‌های ژرم‌پلاسم، تسهیل مکان‌یابی خیلی دقیق QTLها و تأیید ژن‌های کاندیدای مسئول صفات کمی اشاره کرد (Gebhardt *et al*., 2004; Mir Drikvand *et al*., 2015)؛ و بر همین اساس نیز مطالعات مختلفی در جهت ارزیابی تنوع آللی و تعیین

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

گروه‌های هاپلوتایپی در گندم صورت پذیرفته است (McCartney *et al*., 2004; Yu *et al*., 2010; Dakouri *et al*., 2013; Guo *et al*., 2013; Sardouie-Nasab *et al*., 2013; Cook *et al*., 2017). هدف از این پژوهش تعیین گروه‌های هاپلوتایپی و شناسایی ارتباط آلل‌های واقع بر کروموزوم‌های 4B و 7B گندم نان با صفات مطلوب زراعی در یک جمعیت از ژنوتیپ‌های بومی و برخی ارقام تجاری گندم نان بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و طرح آزمایش: این آزمایش با ٤٢ ژنوتیپ گندم بومی ایران و ۹ رقم تجاری انجام شد (جدول ۱). ژنوتیپ‌های بومی مذکور حدود نیم‌قرن پیش توسط محققین آلمانی از مناطق مختلف ایران جمع‌آوری و در بانک ژن مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی (IPK Gatersleben) در کشور آلمان نگهداری می‌شدند. در این پژوهش از رقم بهاره چینی نیز که دارای آلل‌های مشخص برای نشانگرهای مورد نظر در این تحقیق بود، به‌عنوان ژنوتیپ مرجع و جهت تأیید آلل‌های مورد مطالعه استفاده شد (جدول ۱). ژنوتیپ‌های مورد نظر در سال زراعی ۱۳۹٤-۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در داخل ۵۰۰ ژنوتیپ دیگر بر اساس طرح آگمنت کشت شدند. در واقع ژنوتیپ‌های استفاده شده در این پژوهش بر اساس وجود بیشترین تنوع مکانی و مورفولوژیکی از بین سایر ژنوتیپ‌ها گزینش شدند. هر ژنوتیپ روی یک خط به طول ۱/۵ متر و با فاصله پنج سانتی‌متری بوته‌ها از یکدیگر روی ردیف کشت گردید. از ارقام گندم نان تجاری رایج منطقه گرگان شامل گنبد، دریا، کوهدشت و مروارید به‌عنوان ارقام شاهد طرح آگمنت استفاده شدند. ارقام مذکور در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۹ تکرار به‌منظور برآورد خطای آزمایشی کشت شدند. عملیات تهیه زمین شامل یک شخم عمیق بود. مراقبت‌های زراعی لازم طبق روش مرسوم منطقه انجام شد. برای از بین بردن علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک برگ به‌ترتیب از علف‌کش‌های گرانستار و پوما سوپر در مرحله پنجه‌زنی و قبل از ساقه رفتن استفاده شد. عملیات وجین نیز دو بار به‌صورت دستی وجین انجام شد.

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های گندم بومی و تجاری مطابق بانک ژن مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی آلمان

Table 1. Characteristics of local and commercial bread wheat genotypes, according to the IPK-Gatersleben gene banks

شماره No.	کد ژنوتیپ Genotype code	منشاء Origin	شماره No.	کد ژنوتیپ Genotype code	منشاء Origin
1	ATRI 5479	Ahvaz	27	ATRI 6172	Aligudarz
2	ATRI 5485	Ahvaz	28	ATRI 6197	Borujerd
3	ATRI 5489	Ahvaz	29	ATRI 6261	Sanandaj
4	ATRI 5494	Behbahan	30	HTRI 5804	Tabriz
5	ATRI 5524	Ramgormoz	31	HTRI 6354	Aarak
6	ATRI 5555	Andimeshk	32	HTRI 6365	Hamedan
7	ATRI 5581	Tehran	33	HTRI 6427	Maragheh
8	ATRI 5585	Tehran	34	HTRI 6494	Mahabad
9	ATRI 5643	Esfahan	35	HTRI 6515	Qazvin
10	ATRI 5659	Hamedan	36	HTRI 6543	Gonbad
11	ATRI 5721	Zanjan	37	HTRI 6580	Tehran
12	ATRI 5733	Marand	38	HTRI 6608	Shahrekord
13	ATRI 5765	Ahvaz	39	HTRI 6618	Kohrang
14	ATRI 5790	Nowruzabad	40	HTRI 6640	Khonsar
15	ATRI 5797	Mianeh	41	HTRI 6686	Sanandaj
16	ATRI 5924	Gilan Gharb	42	HTRI 6703	Mashhad
17	ATRI 5945	Khorasan	43	Morvarid	Commercial cultivar
18	ATRI 5956	Babol	44	Qods	Commercial cultivar
19	ATRI 5961	Gorgan	45	Roshan	Commercial cultivar
20	ATRI 5980	Bojnord	46	Kavir	Commercial cultivar
21	ATRI 5989	Bojnord	47	Pishtaz	Commercial cultivar
22	ATRI 6005	Quchan	48	Sorkhtokhm	Commercial cultivar
23	ATRI 6064	Shahroud	49	Bisotun	Commercial cultivar
24	ATRI 6095	Shahroud	50	Tabasi	Commercial cultivar
25	ATRI 6119	Tehran	51	Hirmand	Commercial cultivar
26	ATRI 6135	Abali-Firuzkuh	52	Chinese Spring	Reference genotype

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

اندازه‌گیری صفات فنوتیپی: در این پژوهش ۱۳ صفت شامل روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول ریشک، تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل، طول برگ‌پرچم، طول سنبله، تعداد پنجه، تعداد پنجه بارور، وزن ۱۰۰ دانه، طول دانه، عرض دانه و طول میانگره دوم اندازه‌گیری گردید. چون ارتفاع بوته و طول پدانکل ثبت شد، طول میانگره دوم به‌عنوان بخشی از ارتفاع بوته نیز ثبت گردید تا در آنالیزها مورد بررسی قرار گیرد. چون هر ژنوتیپ روی یک خط به طول ۱/۵ متر کشت شد، اندازه‌گیری عملکرد از دقت کافی برخوردار نبود؛ بنابراین به بررسی دو جز از اجزای عملکرد شامل تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه پرداخته شد. صفت روز تا گلدهی بر اساس تعداد روز از زمان کاشت تا زمان گرده‌افشانی ثبت شد. زمان گرده‌افشانی با مشاهده بیرون آمدن بساک‌ها از گلچه‌ها در زمان به گل رفتن در ۵۰ درصد سنبله‌های گندم ثبت شد. یادداشت‌برداری به‌صورت روزانه از خطوطی که به گل رفته بودند انجام شد. اندازه‌گیری ارتفاع بوته‌ها در زمان سفت شدن دانه‌ها انجام گرفت و طول ساقه اصلی از سطح زمین تا انتهای سنبله بدون در نظر گرفتن ریشک اندازه‌گیری شد. اندازه‌گیری عرض دانه و طول دانه به‌وسیله کولیس انجام شد.

استخراج DNA و نشانگرها: استخراج DNA ژنومی از برگ‌های سبز و جوان گیاه در مرحله چهار یا پنج‌برگی با استفاده از روش CTAB با اندکی تغییر انجام شد (Doyle and Doyle, 1987). برای تهیه نمونه برگ جهت استخراج DNA، کشت بذرها در سینی نشا و در گلخانه صورت گرفت. در این پژوهش به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی QTL مرتبط با صفات فنوتیپی واقع بر کروموزوم 4B و کروموزوم 7D گندم نان از هشت جفت نشانگر ریزماهواره استفاده شد (جدول ۲). چون مطالعه مکان‌یابی QTLها که قبلاً انجام شده بود حاکی از اهمیت این دو منطقه بود (Zaynali Nezhad *et al.*, 2012) در این مطالعه سعی شد چند نشانگر روی جمعیت طبیعی به‌کار رود تا امکان شناسایی نشانگرهای نزدیک‌تر و همچنین متنوع‌تر فراهم شود. برای افزودن نشانگرهای دیگر به مناطق فوق از نقشه ژنتیکی تهیه شده توسط رودر و همکاران (Röder *et al.*, 1998) و سومرز و همکاران (Somers *et al.*, 2004) استفاده شد. نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این پژوهش توسط شرکت Eurofins Genomics (http://www.operon.com/) ساخته شدند. این نشانگرها از نوع *Xgwm* از مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی (IPK) در کشور آلمان (Röder *et al.*, 1998) و *BARC* (Song *et al.*, 2005) بودند.

جدول ۲- نام، توالی و ویژگی‌های نشانگرهای ریزماهواره

Table 2. Name, sequence and characteristics of microsatellite markers

نام آغازگر Primer name	توالی (۵'→۳') Sequence (5′→3′)	دمای اتصال (سانتی‌گراد) Annealing temp (°C)	جایگاه کروموزومی Locus	باند تکثیری در بهاره چینی Amplified band in Chinese spring
GWM1084	unpublished*	60	4B	179
GWM998	unpublished*	55	4B	199
GWM930	unpublished*	50	4B	186
BARC163	F: CGCTGTTTTAAGGTATTTTCCATTTTCT R: GCGCATCCTGTTCCTCCATTCATA	55	4B	162
GWM149	F: CATTGTTTTCTGCCTCTAGCC R: CTAGCATCGAACCTGAACAAG	55	4B	161
GWM295	F: GTGAAGCAGAACCACAACAC R: GACGGCTGCGACGTAGAG	60	7D	258
GWM44	F: CTTCAGCTTTTCAGTTCGGC R: ACTGGCATCCACTGAGCTG	60	7D	182
GWM885	unpublished*	60	7D	172

*: توالی این آغازگرها منتشر نشده و با مکاتبه شخصی دریافت شده است.

*: The sequence of these markers had not published and the sequence information received by correspondence.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR): واکنش‌های PCR در دستگاه ترموسایکلر peqSTAR (PEQLAB Biotechnologie GMBH, Erlangen, Germany) که دارای شیب دمایی بود، انجام گرفت. هر واکنش در حجم ۱۵ میکرولیتر، شامل ۷/۵ میکرولیتر مسترمیکس، ۱ میکرولیتر از هر نشانگر (با غلظت ۱۰ پیکومول) به‌همراه ۵۰ نانوگرم از DNA ژنومی تهیه شد. مسترمیکس استفاده شده با نام تجاری *Taq* DNA Polymerase Master Mix Red|Ampliqon از شرکت پیشگام (www.pishgambc.com) تهیه شده بود و حاوی کلرید منیزیم ۳ میلی‌مولار، مخلوط نوکلئوتیدی ۰/٤ میلی‌مولار و ۰/۲ واحد بر میکرولیتر آنزیم Taq پلیمراز بود. واکنش‌های PCR تحت شرایط دمایی ۹٤ درجه سانتی‌گراد برای واسرشت‌سازی ابتدایی به‌مدت ۷ دقیقه و به دنبال آن ۳۵ چرخه شامل واسرشت‌سازی در ۹٤ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۳۰ ثانیه، اتصال نشانگرها در دامنه دمایی ۵۰ تا ٦۰ درجه سانتی‌گراد (بسته به نشانگر، جدول ۲) به‌مدت ٤۵ ثانیه، بسط نشانگرها در ۷۲ درجه سانتی‌گراد در مدت دو دقیقه انجام شد و در نهایت بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۱۰ دقیقه انجام گرفت. فرآورده‌های PCR در بستر ژل پلی‌اکریل‌آمید شش درصد، الکتروفورز (سیستم عمودی) شدند و پس از رنگ‌آمیزی به روش نیترات‌نقره (Creste *et al.*, 2001) باندها ظاهر شدند. با مقایسه با باندهای استاندارد صد جفت‌بازی در ژل پلی‌اکریل‌آمید، وزن‌دهی انجام شد و برای این کار از دستگاه و یا نرم‌افزاری استفاده نشد.

تجزیه و تحلیل داده‌ها: به‌منظور بررسی وجود ارتباط بین صفات و نشانگر، تجزیه واریانس در قالب طرح کاملاً تصادفی با تکرار نامساوی برای تک‌تک نشانگرها انجام شد. برای این کار برای هر نشانگر آلل‌ها به‌عنوان تیمار و تعداد ژنوتیپ‌های دارای آن آلل به‌عنوان تکرار در نظر گرفته شدند البته آلل‌هایی که تنها در یک ژنوتیپ (تکرار) مشاهده شده بودند، کنار گذاشته می‌شدند و تجزیه واریانس برای سایر آلل‌ها انجام می‌گرفت. این روش مشابه روش آنالیز تک‌نشانگری در مکان‌یابی QTLها است که در جمعیت دو والدی انجام می‌شود و بسته به نوع جمعیت ممکن است دو و یا سه آلل نشانگری به‌عنوان تیمار و افراد دارای آن آلل به‌عنوان تکرار در نظر گرفته شوند. در اینجا چون از جمعیت طبیعی استفاده می‌شود ممکن است تعداد آلل‌ها بیشتر شود؛ مانند قبل برای هر نشانگر، آلل‌ها به‌عنوان تیمار و تعداد ژنوتیپ‌های دارای آن آلل به‌عنوان تکرار در نظر گرفته شدند. البته آلل‌هایی که تنها در یک ژنوتیپ (در اینجا به‌عنوان تکرار) مشاهده شده بودند، کنار گذاشته شدند و تجزیه واریانس برای سایر آلل‌ها انجام گرفت. مقایسه میانگین‌ها نیز با روش دانکن در سطح احتمال پنج درصد صورت گرفت. تجزیه‌وتحلیل آماری داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۲ انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس ارقام شاهد کشت شده طبق طرح آگمنت بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی نشان داد که در تمامی صفات بین ژنوتیپ‌ها تفاوت معنی‌دار آماری وجود داشت. مهم‌تر اینکه بین بلوک‌ها تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد که نشان‌دهنده یکنواختی شرایط آزمایش برای ژنوتیپ‌ها بود (نتایج گزارش نشده‌اند).

تنوع ژنتیکی صفات فنوتیپی: نتایج آمار توصیفی مربوط به ۱۳ صفت کمی مورد بررسی شامل کمترین و بیشترین مقدار، دامنه تغییرات، میانگین صفات، انحراف معیار و ضریب تغییرات در جدول ۳ نشان داده شده است. صفات طول ریشک و روز تا گلدهی به‌ترتیب بالاترین و پایین‌ترین ضریب تغییرات را داشتند (٤۱/۸۲ و ۵/۱۸ درصد). از آنجایی که برخی ژنوتیپ‌ها به‌طور ژنتیکی دارای ریشک‌های تحلیل‌یافته (فاقد) هستند و برخی دیگر دارای ریشک هستند، این دامنه تغییرات بالا دور از انتظار نبود. همچنین با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه اکثراً از توده‌های بهاره و یا بینابینی بودند در نتیجه تفاوت دامنه تغییرات ژنوتیپ‌ها از نظر این صفت پایین بود (جدول ۳). در مطالعه ناروئی راد و همکاران (Naroui Rad *et al.*, 2006) نیز به‌دلیل استفاده از گندم‌های بهاره، کمترین ضریب تغییرات در صفت روز تا گلدهی را مشاهده شد.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

جدول ۳- نتایج آمار توصیفی برای صفات مورد نظر در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گندم نان

Table 3. The result of descriptive statistics for the desired traits in the studied genotypes of bread wheat

صفت Trait	دامنه تغییرات Range	حداقل Min	حداکثر Max	میانگین Mean	انحراف معیار Standard devaition	ضریب تغییرات ٪ CV%
روز تا گلدهی (سانتی‌متر) Day to anthesis (cm)	30	106	136	120.90	7.69	5.18
طول برگ‌پرچم (cm) Flag leaf length (cm)	22	16.25	38.25	26.41	4.78	18.08
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	46.50	70.50	117	95.26	11.62	12.19
طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	24.50	29	53.50	39.21	5.56	14.18
تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	70	23	93	46.98	15.51	33.01
طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	9	7.50	16.5	11.91	2.10	17.60
طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length (cm)	12.50	0.50	13	6.96	2.91	41.82
طول دانه (میلی‌متر) Grain length (mm)	2.30	5.50	7.80	7.06	0.54	7.58
عرض دانه Grain width (mm)	1.50	2.40	3.90	3.04	0.34	11.28
وزن ۱۰۰ دانه (گرم) 100 grain weight (g)	3.01	1.84	4.85	3.20	0.66	20.69
تعداد پنجه Number of tiller	25	5	30	12.62	5.27	41.72
تعداد پنجه باروز Number of fertile tiller	21	5	26	10.96	4.29	40.40
طول میانگره دوم (سانتی‌متر) Penultimate length (cm)	22	11	33	21.12	4.74	22.43

همبستگی ساده صفات فنوتیپی: نتایج ضرایب همبستگی ساده نشان داد که بیشترین همبستگی بین صفت تعداد پنجه و تعداد پنجه بارور (r = ۰/۹۶۳**) و پس از آن متعلق به صفات عرض ۱۰ دانه با وزن ۱۰۰ دانه (r = ۰/۷۰۲**) و طول ۱۰ دانه با صفت وزن ۱۰۰ دانه (r = ۰/۶۵۵**) بود (جدول ٤). همبستگی بین اجزای عملکرد در مطالعات متعددی گزارش شده است (Kumar *et al*., 2007; Denčić *et al*., 2000; Kato *et al*., 2000). بین صفات تعداد روز تا گلدهی و تعداد دانه در سنبله (r = -۰/٤٤١**) همبستگی معنی‌دار منفی مشاهده گردید. در ظاهر شاید بتوان گفت تعداد روز تا گلدهی کمتر روی عملکرد تأثیر منفی می‌گذارد اما در مناطقی با تنش‌های محیطی انتهای فصل مانند خشکی و گرما، تعداد روز تا گلدهی کمتر یکی از صفات مطلوب زراعی محسوب می‌شود؛ زیرا حساس‌ترین مرحله به تنش‌های خشکی و گرما در زمان گلدهی و در طی پرشدن دانه‌ها اتفاق می‌افتد. ژنوتیپ‌های زودرس سیکل رشد خود را سریع‌تر طی کرده و از مواجه با تنش فرار می‌کنند (Farooq *et al*., 2014). از طرف دیگر در مناطقی که امکان کشت دوم در سیستم کشت مضاعف (دابل کراپینگ) وجود دارد ارقام زودرس ارجحیت دارند (Moomaw *et al*., 1991). ناروئی راد و همکاران (Naroui Rad *et al*., 2006) در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰۳ توده گندم نان بومی استان سیستان و بلوچستان مشاهده کردند که صفت ارتفاع با صفات فنولوژیک مدت‌زمان کشت تا ظهور سنبله و تعداد روز تا گلدهی و همچنین مدت‌زمان بین کشت تا زمان برداشت همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود داشت. با استفاده از ضرایب همبستگی ساده بین صفات مختلف می‌توان در مورد شاخص‌های انتخاب غیرمستقیم و حذف صفات غیرمؤثر به‌طور دقیق‌تری تصمیم‌گیری نمود. وجود همبستگی بین

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

صفات به محقق این امکان را می‌دهد که بتواند به‌طور غیرمستقیم و با دقت بیشتری با توجه به اهمیت همه صفات، عمل انتخاب را انجام دهد.

تنوع هاپلوتایپی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته به QTLهای مرتبط با صفات فنوتیپی روی کروموزوم‌های شماره 4B و 7D: کروموزوم‌های 4B و 7D گندم نان به‌عنوان کروموزوم مهم در برگیرنده ژن‌های کنترل‌کننده صفات فنوتیپی گندم نان شناسایی شده‌اند (Zaynali Nezhad *et al.*, 2012). در این پژوهش به‌منظور بررسی تنوع هاپلوتایپی از هشت نشانگر ریزماهواره استفاده شد که پنج نشانگر مربوط به مناطق مورد نظر روی کروموزوم 4B و سه نشانگر روی کروموزوم 7D بود. پس از تفکیک باندها روی ژل‌های اکریل‌آمید شش درصد (شکل ۱)، الگوی باندی مشاهده شده برای نشانگرهای مورد استفاده برای مناطق مورد نظر در کروموزوم 4B و کروموزوم 7D مورد آنالیز دقیق قرار گرفت که نتایج آن به‌ترتیب در جدول‌های ۵ و ٦ آمده است. ژنوتیپ‌های مورد استفاده از لحاظ مطابقت آللی با جایگاه‌های مختلف ژنوتیپ مرجع (رقم بهاره چینی) در کروموزوم 4B در ۱۳ گروه هاپلوتایپی (جدول ۷) و در کروموزوم 7D در شش گروه هاپلوتایپی (جدول ۸) قرار گرفتند که نشان‌دهنده تنوع آللی ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود.

جدول ٤- ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد بررسی

Table 4. Simple correlation coefficients between the studied traits

صفات Traits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
روز تا گلدهی (۱) Day to anthesis (1)	1	0.012	0.438**	-0.142	-0.441**	0.059	0.033	0.217	-0.077	-0.13	0.298*	0.243	-0.08
طول برگ‌پرچم (۲) Flag leaf length (2)		1	0.193	0.188	0.362**	0.486**	0.262	-0.186	0.141	0.24	0.104	0.182	0.099
ارتفاع بوته (۳) Plant height (3)			1	0.585**	-0.183	0.182	-0.112	0.169	-0.018	-0.036	0.235	0.187	0.425**
طول پدانکل (٤) Peduncle length (4)				1	0.021	0.005	-0.133	-0.058	-0.126	0.151	-0.033	-0.006	0.371**
تعداد دانه در سنبله (۵) Number of grains per spike (5)					1	0.373**	0.03	0.038	0.351*	0.201	-0.362**	-0.286*	-0.062
طول سنبله (٦) Spike length (6)						1	0.122	0.197	0.351*	0.171	0.063	0.126	0.137
طول ریشک (۷) Awn length (7)							1	0.041	0.084	-0.105	0.044	0.125	-0.377**
طول دانه (۸) Grain length (8)								1	0.404**	0.655**	0.037	0.047	-0.208
عرض ۱۰ دانه (۹) Grain width (9)									1	0.702**	-0.137	-0.126	053-
وزن ۱۰۰ دانه (۱۰) 100 grain weight (10)										1	-0.151	-0.137	0.024
تعداد پنجه (۱۱) Number of tiller (11)											1	0.963**	0.169
تعداد پنجه بارور (۱۲) Number of fertile tiller (12)												1	0.139
طول میانگره دوم (۱۳) Penultimate length (13)													1

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

جدول ۵- باندهای مشاهده شده برای هر نشانگر برای مناطق مورد نظر در کروموزوم 4B

Table 5. The Bands observed for each marker for the target areas on chromosome 4B

شماره ژنوتیپ Genotype No.	*Xbarc 163-4B*	*Xgwm 930-4B*	*Xgwm 149-4B*	*Xgwm 1084-4B*	*Xgwm 988-4B*	شماره ژنوتیپ Genotype No	*Xbarc 163-4B*	*Xgwm 930-4B*	*Xgwm 149-4B*	*Xgwm 1084-4B*	*Xgwm 988-4B*
Ch.S#	162	186	161	179	199	26	158	184	161	171	199
1	156	184	153	179	195	27	162	186	159	171	195
2	158	182	159	175	197	28	160	184	157	177	193
3	null	186	159	175	193	29	160	186	159	175	191
4	162	184	161	177	193	30	154	180	159	177	null
5	160	182	161	179	193	31	158	180	159	175	195
6	156	182	157	173	193	32	160	184	159	179	199
7	156	178	155	171	193	33	156	180	157	171	195
8	158	178	155	173	195	34	154	182	159	177	191
9	160	178	155	171	197	35	156	180	157	177	195
10	160	182	155	175	197	36	154	178	157	171	193
11	162	178	157	177	195	37	160	186	157	175	195
12	162	180	159	177	195	38	152	178	155	171	191
13	160	182	159	171	193	39	156	182	157	179	199
14	162	182	159	179	199	40	160	180	159	173	195
15	158	180	159	177	195	41	154	178	159	179	193
16	160	182	155	175	195	42	160	186	155	177	199
17	156	180	155	177	195	43	156	178	155	173	195
18	160	180	159	173	195	44	158	178	153	175	193
19	156	186	157	175	193	45	158	184	161	175	197
20	160	180	155	173	199	46	158	182	161	177	195
21	156	180	159	177	199	47	156	178	153	175	191
22	154	180	161	175	193	48	160	186	153	175	193
23	158	180	161	179	197	49	162	182	153	175	199
24	158	182	155	173	191	50	160	186	159	171	193
25	158	182	157	171	199	51	160	186	153	179	199

#: ژنوتیپ مرجع

#: Reference genotype

جدول ٦- باندهای مشاهده شده برای هر نشانگر برای مناطق مورد نظر در کروموزوم 7D

Table 6. The Bands observed for each marker for the target areas on chromosome 7D

شماره ژنوتیپ Genotype No	*Xgwm 44–7D*	*Xgwm 295-7D*	*Xgwm 885-7D*	شماره ژنوتیپ Genotype No.	*Xgwm 44-7D*	*Xgwm 295-7D*	*Xgwm 885-7D*
Ch.S#	182	258	176	26	180	258	172
1	178	256	174	27	180	258	172
2	178	254	166	28	180	258	174
3	178	258	174	29	182	258	174
4	182	258	166	30	176	252	168
5	176	252	166	31	182	256	172
6	180	254	176	32	182	258	176
7	180	252	174	33	182	256	170
8	182	254	174	34	176	252	168
9	180	252	170	35	182	258	170
10	180	256	170	36	182	254	172
11	180	256	170	37	180	256	172
12	180	256	170	38	180	256	176
13	182	256	168	39	178	252	168
14	178	null	170	40	180	252	174
15	180	254	168	41	182	258	174
16	180	254	172	42	178	256	174
17	176	252	168	43	182	254	170
18	176	256	172	44	182	254	180
19	180	256	180	45	182	252	174
20	180	256	172	46	182	252	174
21	178	258	170	47	182	254	180
22	180	258	172	48	182	252	178
23	182	256	172	49	178	256	174
24	182	258	168	50	178	256	168
25	182	258	172	51	178	252	174

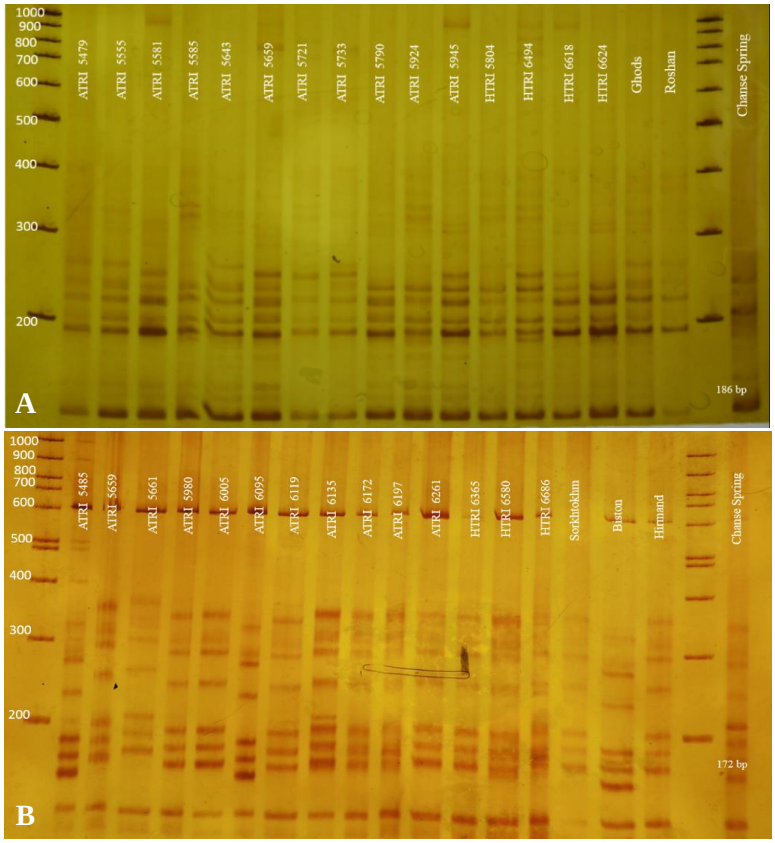
#: ژنوتیپ مرجع

#: Reference genotype

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]



شکل ۱- الگوی باندی نشانگرهای *Xgwm930-4B* (A) و *Xgwm 85-7D* (B) روی ژل اکریل آمید ٦ درصد (مارکر ۱kb).

Figure 1. Banding pattern of *Xgwm930-4B* (A) and *Xgwm885-7D* (B) markers on 6% acrylamide gel (Ladder 1kb).

جدول ۷- گروه‌های هاپلوتایپی تولید شده به‌وسیله نشانگرهای ریزماهواره واقع بر کروموزوم 4B

Table 7. Haplotype groups produced by microsatellite markers located on chromosome 4B

گروه هاپلوتایپی Haplotype group	مکان‌ژنی/ باند (جفت‌باز) Locus/ Band size (bp)					تعداد ژنوتیپ در هر گروه Number of genotypes in each group
	Xbarc163-4B	*Xgwm930-4B*	*Xgwm149-4B*	*Xgwm1084-4B*	*Xgwm988-4B*	
	162	186	161	179	199	
1*	1#	1	1	1	1	1
2	0	1	0	1	1	2
3	1	0	1	0	0	1
4	1	0	0	0	1	1
5	0	0	1	1	0	1
6	0	1	0	0	1	2
7	0		1	0	1	1
8	0	1		0	0	7
9	0	0	1	0	0	4
10	1	0	0	0	0	2
11	0	0	0	1	0	2
12	0	0	0	0	1	4
13	0	0	0	0	0	24

*: ژنوتیپ مرجع (بهاره چینی) در این گروه هاپلوتایپی قرار دارد.

#: وجود باند (۱) و عدم وجود باند (۰)

*: Reference genotype (Chinese spring) belonged to this group of haplotypes

#: Band existence (1) and lack of band (0)

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

جدول ۸- گروه‌های هاپلوتایپی تولید شده به وسیله نشانگرهای ریزماهواره واقع بر کروموزوم 7D
Table 8. Haplotype groups produced by microsatellite markers located on chromosome 7D

گروه هاپلوتایپی Haplotype group	مکان ژنی/ باند (جفت‌باز) Locus/ Band size (bp)			تعداد ژنوتیپ در هر گروه Number of genotypes in each group
	Xgwm44-7D	*Xgwm295-7D*	*Xgwm885-7D*	
	182	258	176	
1*	1	1	1	2
2	1	1	0	6
3	1	0	0	12
4	0	0	1	2
5	0	1	0	7
6	0	0	0	23

*: ژنوتیپ مرجع (بهاره چینی) در این گروه هاپلوتایپی قرار دارد.
#: وجود باند (۱) و عدم وجود باند (۰)

*: Reference genotype (Chinese spring) belonged to this group of haplotypes
#: Band existence (1) and lack of band (0)

در کروموزوم 4B، برای نشانگر *Xbarc163-4B*، شش آلل؛ برای نشانگر *Xgwm930-4B*، پنج آلل؛ برای نشانگر *Xgwm149-4B*، پنج آلل؛ برای نشانگر *Xgwm1084-4B*، پنج آلل و برای نشانگر *Xgwm988-4B*، پنج آلل مشاهده شد (جدول ۵). در کروموزوم 7D نیز برای نشانگرهای *Xgwm44-7D*، *Xgwm295-7D* و *Xgwm885-7D* به‌ترتیب چهار، چهار و هشت آلل مشاهده شد (جدول ٦). بر این اساس در کروموزوم 4B انتظار ۷۵۰ = ۵× ۵× ۵× ٦ نوع هاپلوتایپ و در کروموزوم 7D انتظار ٦٤ = ٤ × ٤ × ۸ نوع هاپلوتایپ می‌رود به‌شرطی که جمعیت خیلی بزرگ مورد مطالعه قرار گیرد. البته ممکن است برخی از هاپلوتایپ‌ها بیشتر، برخی دیگر کمتر، برخی هاپلوتایپ‌ها نادر باشند و یا اصلاً وجود نداشته باشند. با توجه به تعداد ۵۲ نمونه مورد بررسی در این آزمایش طبیعی است که تنها بخشی از این تنوع کل در این افراد قابل مشاهده باشد.

در کروموزوم 4B از ۱۳ گروه هاپلوتایپی، چهار گروه دارای یک ژنوتیپ بود و هیچ‌یک از ۵۱ ژنوتیپ، مطابقت آللی از لحاظ همه جایگاه‌های نشانگری با رقم بهاره چینی نداشتند (جدول ۷). از نظر نشانگرهای واقع روی کروموزوم 7D ژنوتیپ شماره ۳۲ مطابقت آللی کاملی با ژنوتیپ بهاره چینی داشت (جدول ٦). نتایج به‌دست آمده نشان داد که الگوی باندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در نشانگر *Xgwm44-7D* و *Xgwm295-7D* نسبت به نشانگر *Xgwm885-7D* مطابقت آللی بیشتری با ژنوتیپ مرجع (بهاره چینی) داشت (جدول ٦).

به‌طور کلی ژنوتیپ‌هایی که رفتار کراسینگ‌اوری یکسانی داشتند در یک گروه هاپلوتایپی قرار می‌گیرند (Yu *et al.*, 2006). اگر ژنوتیپ‌ها الگوی آللی یکسان با مکان نشانگری پیوسته به QTL مورد نظر داشته باشند به احتمال زیاد در بر دارنده همان QTL می‌باشند (McCartney *et al.*, 2004). در مطالعه محمدی نژاد و همکاران (Mohammadi-Nejad *et al.*, 2008) جهت بررسی تحمل به شوری در ژنوتیپ‌های برنج، ۳٦ ژنوتیپ بر اساس QTL ناحیه سالتول در ۱۸ گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند که هیچ‌کدام از ۳۰ ژنوتیپ ترکیبی مشابه پوکالی (ژنوتیپ مرجع) تولید نکردند. تولی و همکاران (Tavala *et al.*, 2015) با تجزیه هاپلوتایپی ۲۲ ژنوتیپ برنج، ۱٦ گروه هاپلوتایپ مختلف را تحت تنش خشکی شناسایی کرد. همچنین در مطالعه مک‌کارتنی و همکاران (McCartney *et al.*, 2004) جهت بررسی تنوع هاپلوتایپی مقاومت به فوزاریوم ۷۹ لاین گندم بر اساس ٤۱ نشانگر ریزماهواره در ۷٦ گروه هاپلوتایپی قرار گرفتند. جهانگیرزاده خیاوی و همکاران (Jahangirzadeh Khiavi *et al.*, 2018) نیز با مطالعه تنوع DNA کلروپلاستی در ٥٤ ژنوتیپ سیب بومی ایران، شش گروه هاپلوتایپی گزارش کردند.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

ارتباط نشانگرها با صفات فنوتیپی: به‌منظور بررسی وجود ارتباط بین صفات و نشانگر، تجزیه واریانس در قالب طرح کاملاً تصادفی با تکرار نامساوی برای تک‌تک نشانگرها انجام شد. بر همین اساس، نتایج تجزیه واریانس برای نشانگرهای مربوط به کروموزوم 4B نشان داد که بین برخی صفات فنوتیپی با نشانگرهای *Xgwm149-4B* و *Xbarc163-4B* ارتباط معنی‌دار آماری وجود دارد. بین ژنوتیپ‌های متعلق به گروه‌های آللی نشانگر *Xgwm149-4B* با صفات روز تا گلدهی، ارتفاع گیاه و تعداد دانه در سنبله و طول میانگره دوم ارتباط معنی‌داری مشاهده شد (جدول ۹). همچنین بین ژنوتیپ‌های متعلق به گروه‌های آللی نشانگر *Xbarc163-4B* در صفت طول برگ‌پرچم اختلاف معنی‌دار آماری مشاهده شد (جدول ۹). این نتایج ممکن است بیانگر پیوستگی نشانگرهای مور نظر روی کروموزوم 4B با بخشی از ژن‌های کنترل‌کننده صفات مذکور باشد.

در نشانگر *Xgwm149-4B*، مقایسه میانگین‌ها برای صفت روز تا گلدهی نشان داد که تیمار پنج (آلل ۱۵۳جفت‌باز) با میانگین ۱۱۱/۵ روز، کمترین مقدار را داشت (جدول ۱۰). گلدهی زودتر در مناطقی که با تنش‌های محیطی مواجه هستند یک صفت مطلوب زراعی و یکی از عوامل مقاومت به تنش‌ها محسوب می‌شوند. علاوه‌بر این در سیستم کشت مضاعف، گندم یکی از گیاهانی است که به‌عنوان کشت اول و به‌صورت مضاعف با گیاهانی مانند ذرت و سویا (به‌عنوان کشت دوم) کشت می‌شود (Fang *et al.*, 2010; Caviglia *et al.*, 2011). به‌منظور اجرای صحیح سیستم کشت مضاعف از ارقام زودرس گندم استفاده می‌شود، به‌همین دلیل در مناطقی با پتانسیل کشت مضاعف گزینش ارقام زودرس اهمیت ویژه‌ای می‌یابد (Moomaw *et al.*, 1991). ژنوتیپ‌هایی که آلل ۱۵۳ جفت‌باز را دارا بودند (شش ژنوتیپ) دوره گلدهی ۱۰۹ تا ۱۱۶ روز را نشان دادند (داده‌ها نمایش داده نشده‌اند). مقایسه میانگین‌ها برای صفت ارتفاع بوته در نشانگر *Xgwm149-4B* نشان داد که تیمار پنج (آلل ۱۵۳جفت‌باز) با میانگین ۷۹/۴۱ سانتی‌متر، یک گروه مجزای قرار گرفت و دارای کمترین میانگین بود که به‌عنوان آلل اختصاصی برای ارتفاع بوته برای نیمه‌پاکوتاهی انتخاب گردید (جدول ۱۰). در ژنوتیپ‌هایی که آلل ۱۵۳ جفت‌باز را داشتند بازه ارتفاع ۷۴/۲۵ تا ۸۹/۷۵ بود (داده‌ها نمایش داده نشده‌اند). بسیاری از ارقام تجاری گندم نان، ارقام نیمه‌پاکوتاه هستند (Ganeva *et al.*, 2005). با مطالعه یکسری لاین‌های ایزوژن از نظر ارتفاع بوته در گندم نان گزارش شده است که لاین‌های نیمه‌پاکوتاه جذب نور کانوپی، تبادلات گازی، شاخص برداشت و عملکرد دانه بیشتری در مقایسه با لاین‌های پابلند و پاکوتاه دارند (Gent, 1991). در نشانگر *Xgwm149-4B*، مقایسه میانگین‌ها برای صفات طول میانگره دوم و تعداد دانه در سنبله نشان داد که ژنوتیپ‌های قرار گرفته در تیمار پنج (آلل ۱۵۳ جفت‌باز) دارای کمترین طول میانگره دوم و بیشترین تعداد دانه در سنبله را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۱۰). طول میانگره دوم کوتاه‌تر در ژنوتیپ‌هایی که آلل ۱۵۳ جفت‌باز را داشتند به ماهیت نیمه‌پاکوتاهی این ژنوتیپ‌ها برمی‌گردد. هدف نهایی اصلاح گیاهان زراعی افزایش عملکرد می‌باشد و تعداد دانه در سنبله یکی از اجزای مهم تشکیل دهنده عملکرد نهایی دانه است (Poehlman, 2013). در این مطالعه با توجه به این‌که سایر صفات مرتبط با عملکرد (میانگین طول ۱۰ دانه، میانگین عرض ۱۰ دانه و وزن ۱۰۰ دانه) با هیچ‌کدام از نشانگرها ارتباطی نداشتند می‌توان از آلل ۱۵۳ جفت‌باز برای گزینش گیاهان با عملکرد بالا بخصوص در مناطقی که گیاهان پیش از گلدهی و در زمان باروری با تنش‌های خشکی و گرما، روبرو می‌شوند، استفاده نمود. جاگادیش و همکاران (Jagadish *et al.*, 2015) گزارش کردند که زمانی که گیاه پیش از گلدهی و در زمان باروری با تنش خشکی و گرما مواجه شود، کاهش عملکرد بیشتر با تأثیر منفی بر تعداد دانه اتفاق می‌افتد و تغییر در وزن دانه نقش کمتری دارد، بنابراین گزینش ژنوتیپ‌هایی با تعداد دانه بیشتر در سنبله می‌تواند مانع کاهش شدید عملکرد گندم در شرایط تنش خشکی و گرما در زمان باروری شود. با توجه به ارتباط نشانگر *Xgwm149-4B*، با صفات فنوتیپی می‌توان گفت چنانچه به‌نژادگر علاقه‌مند به گزینش ژنوتیپ‌هایی باشد که به‌طور هم‌زمان سه حالت مطلوب یعنی گلدهی زودتر، نیمه‌پاکوتاهی و تعداد دانه در سنبله بیشتر را داشته باشد، می‌تواند از آلل اختصاصی شناسایی شده (۱۵۳ جفت‌باز) از نشانگر *Xgwm149-4B* در برنامه اصلاحی و یا غربال‌گری استفاده نماید. ابری و همکاران (Abri *et al.*, 2020) نیز روی کروموزوم

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

4B گندم، جهت گزینش هم‌زمان سه حالت مطلوب یعنی عرض دانه، تعداد دانه در سنبله بیشتر و افزایش شاخص سطح برگ از طریق عرض برگ‌پرچم یک آلل اختصاصی ۱۹۹ جفت‌بازی از نشانگر *Xgwm888-4B* شناسایی کردند.

با مقایسه میانگین برای صفت طول برگ‌پرچم در نشانگر *Xbarc163-4B*، مشخص شد که آلل ۱۶۲ جفت‌باز نشانگر *Xbarc163-4B* ، دارای بیشترین طول برگ‌پرچم می‌باشد (جدول ۱۱). با افزایش طول برگ‌پرچم سطح برگ‌پرچم نیز افزایش می‌یابد و گیاه کارخانه بزرگ‌تری برای فتوسنتز دارد؛ البته باید توجه داشت که هر چه طول برگ‌پرچم زیاد شود برگ حالت افتاده به خود گرفته و میزان انرژی خورشیدی جذب شده کاهش خواهد یافت (Van Slageren *et al*., 1994).

نتایج تجزیه واریانس برای نشانگرهای مربوط به کروموزوم 7D نشان داد که فقط نشانگر *Xgwm885-7D*، با برخی صفات فنوتیپی شامل طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه و تعداد پنجه بارور ارتباط معنی‌دار آماری دارد (جدول ۹) که احتمالاً بیانگر پیوستگی نشانگر *Xgwm885-7D* با بخشی از ژن‌های کنترل‌کننده صفات مذکور می‌باشد. مقایسه میانگین برای صفت طول پدانکل در نشانگر *Xgwm885-7D* نشان داد که طول پدانکل ژنوتیپ‌هایی که آلل ۱۶۶ جفت‌باز را دارند (تیمار هفت با میانگین ۵۰/۵۸ سانتی‌متر)، به‌طور معنی‌داری بیشتر از سایر ژنوتیپ‌ها است (جدول ۱۲) و به‌عنوان آلل اختصاصی برای طول پدانکل بیشتر در نظر گرفته شد. در مورد تأثیر طول پدانکل بر عملکرد گندم گزارش‌های متناقضی وجود دارد، به‌طوری که برخی طول پدانکل بیشتر (Modarresi *et al*., 2010) و برخی طول پدانکل کمتر (Bennett *et al*., 2012a,b) را در جهت دستیابی به عملکرد بیشتر مناسب دانسته‌اند. همچنین مقایسه میانگین برای صفات تعداد پنجه و تعداد پنجه بارور نشان داد که ژنوتیپ‌های قرار گرفته در تیمار شش (آلل ۱۶۸ جفت‌باز) دارای بیشترین تعداد پنجه و تعداد پنجه بارور می‌باشند (جدول ۱۲).

جدول ۹- تجزیه واریانس صفات به‌منظور ارتباط بین نشانگرهای ریزماهواره و صفات مورد مطالعه روی کروموزوم‌های 4B و 7D

Table 9. Analysis of variance for traits in order to association between microsatellite markers and the studied traits on chromosomes 4B and 7D

نشانگر Marker	صفت Trait	درجه آزادی df	میانگین مربعات تیمار MST	میانگین مربعات خطا MSE	F	P	CV%
Xgwm149-4B	روز تا گلدهی Day to anthesis	4	247.93**	43.08	5.76	0.0007	5.42
	ارتفاع بوته Plant height	4	574.71**	97.51	5.89	0.0006	10.36
	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	4	418.46**	191.72	4.25	0.0051	29.47
	طول میانگره دوم Penultimate length	4	59.45*	19.29	3.08	0.0247	20.80
Xbarc163-4B	طول برگ‌پرچم Flag leaf length	4	52.44*	18.70	2.8	0.036	16.32
Xgwm885-7D	طول پدانکل Peduncle length	6	82.90**	24.46	3.39	0.0070	12.62
	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	6	513.97*	203.52	2.53	0.034	30.55
	تعداد پنجه Number of tiller	6	67.09*	22.99	2.92	0.017	38.03
	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	6	46.53*	16.35	2.85	0.019	36.96

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and **: Significant in 5% and 1% probability levels, respectively

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

جدول ۱۰- مقایسه میانگین صفات برای نشانگر *Xgwm149-4B*

Table 10. Comparing the means of traits for *Xgwm149-4B* marker

تیمار Treatment	آلل (جفت‌باز) Allele (bp)	تعداد ژنوتیپ Number of genotypes	روز تا گلدهی Day to anthesis	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد دانه در سنبله Number of grains per spike	طول میانگره دوم (سانتی‌متر) Penultimate length (cm)
1	161	8	115.87[b]	96.53[ab]	58.62[a]	24.00[a]
2	159	17	123.41[a]	96.91[ab]	40.00[b]	20.23[ab]
3	157	10	124.30[a]	103.47[a]	45.60[b]	21.90[a]
4	155	11	122.72[a]	92.95[b]	43.00[b]	22.27[a]
5	153	6	111.50[c]	79.41[c]	60.83[a]	16.33[b]

در هر ستون میانگین‌هایی که حرف مشترک دارند با هم تفاوت معنی‌دار آماری ندارند (Duncan = 0.05).

In each column, means that followed by same letter(s) are not significantly different (Duncan = 0.05).

جدول ۱۱- مقایسه میانگین صفت برگ‌پرچم برای نشانگر *Xbarc163-4B*

Table 11. Comparing the means of flag leaf length for *Xbarc163-4B* marker

تیمار Treatment	آلل (جفت‌باز) Allele (bp)	تعداد ژنوتیپ Number of genotypes	طول برگ‌پرچم (سانتی‌متر) Flag leaf length (cm)
1	162	7	30.78[a]
2	160	16	25.12[b]
3	158	11	27.13[ab]
4	156	11	26.50[ab]
5	154	5	23.45[b]

در هر ستون میانگین‌هایی که حرف مشترک دارند با هم تفاوت معنی‌دار آماری ندارند (Duncan= 0.05).

In each column, means that followed by same letter(s) are not significantly different (Duncan= 0.05).

جدول ۱۲- مقایسه میانگین صفات برای نشانگر *Xgwm885-7D*

Table 12. Comparing the means of traits for *Xgwm885-7D* marker

تیمار Treatment	آلل (جفت‌باز) Allele (bp)	تعداد ژنوتیپ Number of genotypes	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	تعداد پنجه Number of tillers	تعداد پنجه بارور Number of fertile tillers
1	180	3	34.33[b]	61.66	8.00[b]	7.00[b]
2	176	4	39.41[b]	62.00[a]	11.00[b]	9.00[b]
3	174	13	38.39[b]	51.28[ab]	10.85[b]	9.28[b]
4	172	11	38.81[b]	44.00[ab]	13.00[ab]	11.36[ab]
5	170	9	39.97[b]	42.45[ab]	12.66[ab]	11.55[ab]
6	168	8	37.56[b]	34.87[b]	18.37[a]	15.50[a]
7	166	3	50.58[a]	50.00[ab]	10.00[b]	9.00[b]

در هر ستون میانگین‌هایی که حرف مشترک دارند با هم تفاوت معنی‌دار آماری ندارند (Duncan= 0.05).

In each column, means that followed by same letter(s) are not significantly different (Duncan= 0.05).

تعداد پنجه بارور از جمله خصوصیاتی است که از آن می‌توان به‌عنوان معیارهایی برای انتخاب در جهت بهبود عملکرد دانه استفاده نمود (Sharma, 1993). البته در مورد نقش پنجه‌ها بر تولید گندم نظرات متفاوتی به‌دلیل تأثیرات عوامل محیطی و ژنتیکی وجود دارد و یکی از مهم‌ترین عوامل تعیین‌کننده، میزان رطوبت در دسترس در طول فصل رشد می‌باشد (Chen *et al.*, 2008; Ghorbani *et al.*, 2010). برای مثال تنش خشکی باعث کاهش تعداد پنجه بارور در ارقام پرپنجه خواهد شد و از این طریق موجب اتلاف آب و کاهش عملکرد گندم می‌شود؛ در این شرایط گیاهانی که پنجه کمتری دارند رطوبت بیشتری در اختیار ساقه‌های اصلی قرار می‌دهند و حداکثر بهره‌وری و حداکثر عملکرد دانه حاصل می‌شود (Duggan *et al.*, 2000).

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

ارتباط نشانگرها با صفات زراعی مورد نظر به‌منظور شناسایی QTLهای کنترل‌کننده این صفات در بسیاری از گیاهان بررسی شده است. زمانی که چنین ارتباطی بین نشانگر و صفت به وجود آمد، گزینش غیرمستقیم می‌تواند از طریق بررسی حضور یا عدم حضور نشانگرهای مورد نظر صورت گیرد که می‌تواند به‌طور جدی هزینه‌های برنامه‌های اصلاحی را کاهش داده و علاوه‌بر این زمان مورد نیاز برای اصلاح یک رقم جدید را کوتاه‌تر نماید (Yin *et al*., 2003). بدیهی است در برنامه‌های اصلاحی گزینش تنها بر اساس یک صفت صورت انجام نمی‌گیرد و با توجه به هدف و در نظر گرفتن شرایط محیطی عمل گزینش جهت نیل به اهداف برنامه اصلاحی انجام می‌شود. به هر حال نتایج این آزمایش می‌تواند به‌عنوان ابزاری در دسترس به‌نژادگران قرار گیرد تا با توجه به هدف برنامه‌های اصلاحی گندم از آن استفاده بهینه را نمایند.

References

Abri, A., Zaynali Nezhad, K., Alami, M. and Bagherikia S. (2020). Study of haplotype variation and association of microsatellite alleles on chromosome 4B of bread wheat with some agronomic traits. *Journal of Crop Breeding*, **12(34):** 1-14 (In Persian).

Bennett, D., Izanloo, A., Reynolds, M., Kuchel, H., Langridge, P. and Schnurbusch, T. (2012a). Genetic dissection of grain yield and physical grain quality in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under wat-limited environments. *Theoretical and Applied Genetics*, **125:** 255-271.

Bennett, D., Reynolds, M., Mullan, D., Izanloo, A., Kuchel, H., Langridge, P. and Schnurbusch, T. (2012b). Detection of two major grain yield QTL in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under heat, drought and high yield potential environments. *Theoretical and Applied Genetics*, **125:** 1473-1485.

Börner, A., Schumann, E., Fürste, A., Cöster, H., Leithold, B., Röder, M. and Weber, W. (2002). Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, **105:** 921-936.

Breseghello, F. and Sorrells, M.E. (2007). QTL analysis of kernel size and shape in two hexaploid wheat mapping populations. *Field Crops Research*, **101(2):** 172-179.

Caviglia, O.P., Sadras, V.O. and Andrade, F.H. (2011). Yield and quality of wheat and soybean in sole-and double-cropping. *Agronomy Journal*, **103:** 1081-1089.

Chen, C., Neill, K., Wichman, D. and Westcott, M. (2008). Hard red spring wheat response to row spacing, seeding rate, and nitrogen. *Agronomy Journal*, **100:** 1296-1302.

Chen, Z., Cheng, X., Chai, L., Wang, Z., Bian, R., Li, J., Zhao, A., Xin, M., Guo, W., Hu, Z. and Peng, H. (2020). Dissection of genetic factors underlying grain size and fine mapping of QTgw. cau-7D in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, **133(1):** 149-162.

Cook, J.P., Blake, N.K., Heo, H.Y., Martin, J.M., Weaver, D.K. and Talbert, L.E. (2017). Phenotypic and haplotype diversity among tetraploid and hexaploid wheat accessions with potentially novel insect resistance genes for wheat stem sawfly. *The Plant Genome*, **10(1):** 1-10.

Creste, S., Neto, A.T. and Figueira, A. (2001). Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. *Plant Molecular Biology Reporter*, **19:** 299-306.

Dakouri, A., McCallum, B.D. and Cloutier, S. (2013). Haplotype diversity and evolutionary history of the Lr34 locus of wheat. *Molecular Breeding*, **33:** 639-655.

Denčić, S., Kastori, R., Kobiljski, B. and Duggan, B. (2000). Evaluation of grain yield and its components in wheat cultivars and landraces under near optimal and drought conditions. *Euphytica*, **113:** 43-52.

Doyle, J. and Doyle, J. (1987). Genomic plant DNA preparation from fresh tissue-CTAB method. *Phytochem Bull*, **19:** 11-15.

Duggan, B., Domitruk, D. and Fowler, D. (2000). Yield component variation in winter wheat grown under drought stress. *Canadian Journal of Plant Science*, **80:** 739-745.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

Fang, Q., Ma, L., Yu, Q., Ahuja, L., Malone, R. and Hoogenboom, G. (2010). Irrigation strategies to improve the water use efficiency of wheat–maize double cropping systems in North China Plain. *Agricultural Water Management*, **97:** 1165-1174.

Farooq, M., Hussain, M. and Siddique, K.H. (2014). Drought stress in wheat during flowering and grain-filling periods. *Critical Reviews in Plant Sciences*, **33:** 331-349.

FAO. (2020). Statistics: FAOSTAT - Food and Agriculture Organization. http://fao.org/crop/statistics. Accessed 1 April 2020.

Ganeva, G., Korzun, V., Landjeva, S., Tsenov, N. and Atanasova, M. (2005). Identification, distribution and effects on agronomic traits of the semi-dwarfing Rht alleles in Bulgarian common wheat cultivars. *Euphytica*, **145:** 305-315.

Gebhardt, C., Ballvora, A., Walkemeier, B., Oberhagemann, P. and Schüler, K. (2004). Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. *Molecular Breeding*, **13:** 93-102.

Gent, M.P. (1995). Canopy light interception, gas exchange, and biomass in reduced height isolines of winter wheat. *Crop Science*, **35:** 1636-1642.

Ghaffari, A. and Jalal Kamali, M. (2013). Wheat Productivity in Islamic Republic of Iran: Constraints and opportunities. In: Paroda, R., Dasgupta, S., Mal, B., Singh, S.S., Jat, M.L. and Singh, G., Eds., *Proceedings of the Regional Consultation on Improving Wheat Productivity in Asia*, PP. 98-111. Bangkok, Thailand.

Ghorbani, M.H., Harutyunyan, H., Soltani, A. and KamkarB. (2010). Tillers contribution on wheat yield in rainfed and saline soil in different row spacing and plant density. *Journal of Crop Prouduction*, **3(4):** 125-142 (In Persian).

Guo, Y., Sun, J., Zhang, G., Wang, Y., Kong, F., Zhao, Y. and Li, S. (2013). Haplotype, molecular marker and phenotype effects associated with mineral nutrient and grain size traits of TaGS1a in wheat. *Field Crops Research*, **154:** 119-125.

Gupta, P.K. and Varshney, R. (2000). The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica*, **113:** 163-185.

Jagadish, K.S., Kishor, P.B.K., Bahuguna, R.N., von Wirén, N. and Sreenivasulu, N. (2015). Staying alive or going to die during terminal senescence-an enigma surrounding yield stability. *Frontiers in Plant Science*, **6:** 1070

Jahangirzadeh Khiavi, S., Zamani, Z., Fatahi, M. and Ashourpour, M. (2018). Comparison of chloroplast DNA diversity in some Iranian apple genotypes, commercial cultivars and rootstocks. *Plant Genetic Researches*; **5(1):** 77-86 (In Persian).

Kato, K., Miura, H. and Sawada, S. (2000). Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **101:** 1114-1121.

Kulwal, P.L., Mir, R.R., Kumar, S. and Gupta, P.K. (2010). QTL analysis and molecular breeding for seed dormancy and pre-harvest sprouting tolerance in bread wheat. *Journal of Plant Biology*, **37:** 59-74.

Kumar, N., Kulwal, P., Balyan, H. and Gupta, P. (2007). QTL mapping for yield and yield contributing traits in two mapping populations of bread wheat. *Molecular Breeding*, **19:** 163-177.

Lelley, T. and Stachel, M. (1998). Microsatellites can differentiate wheat varieties from different agroecological areas and of different quality. *In Proceedings of the 9th International Wheat Genetics Symposium*, University of Saskatchewan, Canada.

Manifesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suárez, E.Y. and Dubcovsky, J. (2001). Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Science*, **41(3):** 682-690.

McCartney, C., Somers, D., Fedak, G. and Cao, W. (2004). Haplotype diversity at fusarium head blight resistance QTLs in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **109:** 261-271.

Miah, G., Rafii, M.Y., Ismail, M.R., Puteh, A.B., Rahim, H.A., Islam, K.N. and Latif, M.A. (2013). A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. *International Journal of Molecular Sciences*, **14:** 22499-22528.

Mir Drikvand, R., Najafian, G., Bihamta, M.R. and Ebrahimi, A. (2015) Detection of QTLs associated to some grain traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.), using association mapping. *Plant Genetic Researches*, **1(2):** 43-54 (In Persian).

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

Modarresi, M., Mohammadi, V., Zali, A. and Mardi, M. (2010). Response of wheat yield and yield related traits to high temperature. *Cereal Research Communications*, **38:** 23-31.

Mohammadi-Nejad, G., Arzani, A., Rezai, A., Singh, R. and Gregorio, G. (2008). Assessment of rice genotypes for salt tolerance using microsatellite markers associated with the saltol QTL. *African Journal of Biotechnology*, **7(6):** 730-736.

Moomaw, R., Lesoing, G. and Francis, C. (1991). *Two Crops in One Year: Doublecropping*. University of Nebraska-Lincoln, Nebraska, USA.

Naroui Rad, M.R., Farzanju, M., Fanay, H.R., Arjmandy Nejad, A.R., Ghasemy, A. and Polshekane Pahlevan, M.R. (2006). The study genetic variation and factor analysis for morphological characters of wheat native accessions of Sistan and Baluchistan. *Pajouhesh and Sazandegi*, **73:** 50-57 (In Persian).

Nave, M., Avni, R., Ben-Zvi, B., Hale, I. and Distelfeld A. (2016). QTLs for uniform grain dimensions and germination selected during wheat domestication are co-located on chromosome 4B. *Theoretical and Applied Genetics*, **129(7):** 1303-1315.

Poehlman, J.M. (2013). *Breeding Field Crops*. Springer Science & Business Media, New York, USA.

Ramya, P., Chaubal, A., Kulkarni, K., Gupta, L., Kadoo, N., Dhaliwal, H.S., Chhuneja, P., Lagu, M. and Gupt, V. (2010). QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Applied Genetics*, **51(4):** 421-429.

Röder, M.S., Huang, X.Q. and Börner, A. (2008). Fine mapping of the region on wheat chromosome 7D controlling grain weight. *Functional and Integrative Genomics*, **8(1):** 79-86.

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

Sardouie-Nasab, S., Mohammadi-Nejad, G. and Zebarjadi, A. (2013). Haplotype analysis of QTLs attributed to salinity tolerance in wheat (*Triticum aestivum*). *Molecular Biology Reports*, **40:** 4661-4671.

Sari, E., Berraies, S., Knox, R.E., Singh, A.K., Ruan, Y., Cuthbert, R.D. and Burt, A.J. (2018). High density genetic mapping of Fusarium head blight resistance QTL in tetraploid wheat. *Plos One*, **13(10):** e0204362.

Sharma, R. (1993). Selection for biomass yield in wheat. *Euphytica*, **70:** 35-42.

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

Song, Q., Shi, J., Singh, S., Fickus, E., Costa, J., Lewis, J., Gill, B., Ward, R. and Cregan, P. (2005). Development and mapping of microsatellite (SSR) markers in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **110:** 550-560.

Spielmeyer, W., McIntosh, R.A., Kolmer, J. and Lagudah, E.S. (2005). Powdery mildew resistance and Lr34/Yr18 genes for durable resistance to leaf and stripe rust cosegregate at a locus on the short arm of chromosome 7D of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, **111(4):** 731-735.

Tavala, R., Aalami, A., Sabouri. and Sabouri A. (2015). Evaluation of haplotype and allelic diversity of SSR markers linked to major effect QTL on chromosome 9 controlling drought tolerance in rice. *Cereal Research*, **5(2):** 107-119 (In Persian).

Van Slageren, M. (1994). *Wild Wheats: A Monograph of Aegilops L. and Amblypyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae), 1st*. Agricultural University Wageningen, Wageningen, Netherland.

Wu, Q.H., Chen, Y.X., Zhou, S.H., Fu, L., Chen, J.J., Xiao, Y., Zhang, D., Ouyang, S.H., Zhao, X.J., Cui, Y. and Zhang, D.Y. (2015). High-density genetic linkage map construction and QTL mapping of grain shape and size in the wheat population Yanda1817× Beinong6. *PloS One*. **10(2):** e0118144.

Würschum, T. (2012). Mapping QTL for agronomic traits in breeding populations. *Theoretical and Applied Genetics*, **125:** 201-210.

Yao, H., Xie, Q., Xue, S., Luo, J., Lu, J., Kong, Z., Wang, Y., Zhai, W., Lu, N., Wei, R. and Yang, Y. (2019). HL2 on chromosome 7D of wheat (*Triticum aestivum* L.) regulates both head length and spikelet number. *Theoretical and Applied Genetics*, **132(6):** 1789-1797.

Yao, J., Wang, L., Liu, L., Zhao, C. and Zheng, Y. (2009). Association mapping of agronomic traits on chromosome 2A of wheat. *Genetica*, **137:** 67-75.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

Yin, X., Stam, P., Kropff, M.J. and Schapendonk, A.H. (2003). Crop modeling, QTL mapping, and their complementary role in plant breeding. *Agronomy Journal*, **95:** 90-98.

Yu, J.B., Bai, G.H., Cai, S.B. and Ban, T. (2006). Marker-assisted characterization of Asian wheat lines for resistance to Fusarium head blight. *Theoretical and Applied Genetics*, **113:** 308-320.

Yu, L.X., Liu, S., Anderson, J.A., Singh, R.P., Jin, Y., Dubcovsky, J., Brown-Guidera, G., Bhavani, S., Morgounov, A. and He, Z. (2010). Haplotype diversity of stem rust resistance loci in uncharacterized wheat lines. *Molecular Breeding*, **26:** 667-680.

Zaynali Nezhad, K., Weber, W., Röder, M., Sharma, S., Lohwasser, U., Meyer, R., Saal, B. and Börner, A. (2012). QTL analysis for thousand-grain weight under terminal drought stress in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, **186:** 127-138.

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]

Determination of Haplotype Variation and Relationship Among Desirable Agronomic Traits and Microsatellite Alleles on Chromosomes 4B and 7D in Bread Wheat

Esmaeil Dasturani[1], Khalil Zaynali Nezhad[2,*], Masood Soltani Najafabadi[3], Mohammadhadi Pahlevani[4], Hassan Soltanlo[4] and Saeed Bagherikia[5]

1- Former M.Sc. Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
2- Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
4- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
5- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran

(Received: December 3, 2020 – Accepted: July 18, 2021)

Abstract

The aim of this study was to determine the haplotype groups and identify the specific alleles associated with desirable agronomic characteristics in bread wheat. For this purpose, 42 local bread wheat genotypes belong to Iran region and nine commercial cultivars along with Chinese Spring variety (reference genotype) were cultivated in the format of augmented design and evaluated based on their 13 phenotypic traits. The results of descriptive statistics showed that awn length and day to flowering had the highest and lowest phenotypic coefficient of variation, respectively. Eight microsatellite markers were used to investigate the haplotype variation of QTLs associated with phenotypic traits located on wheat chromosomes 4B and 7D. The result showed that the genotypes were classified into 13 and 6 haplotype groups according to the allelic comparison with the reference genotype on chromosome 4B and 7D, respectively. In order to investigate the relationship between traits and markers, analysis of variance was performed based on completely randomized design with unequal numbers of replications for each marker. In general, of the 13 traits studied, there was a statistically significant linkage for eight traits and for the three traits, an allele-specific was introduced simultaneously. If the breeders are interested in genotype selection that simultaneously have three desirable characteristics such as early anthesis, semi-dwarfing and a greater number of grains per spike, they can use an allele-specific (153 bp) of *Xgwm149-4B* marker.

Keywords: Phenotypic traits, Marker-assisted selection, Landrace wheat, Allele-specific marker

* **Corresponding Author, E-mail: zaynalinezhad@gau.ac.ir**

[Downloaded from pgr.lu.ac.ir on 2024-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.1.8.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.1.9]