دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

تجزیه ارتباط برخی از پارامترهای پایداری در گندم نان با استفاده از نشانگرهای ISSR

آنیتا یاقوتی پور[1]، عزت اله فرشادفر[2] و محسن سعیدی[3]

۱ و ۳- دانشجوی دکترای و دانشیار اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی،کرمانشاه
۲- استاد، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، (نویسنده مسوول: e_farshadfar@yahoo.com)
تاریخ دریافت: ۹۵/۴/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۶/۴/۱۰

چکیده

به‌منظور شناسایی نشانگرهای مرتبط با شاخص‌های تحمل به خشکی در گندم نان (*Triticum aestivum*)، از نشانگرهای ISSR استفاده شد. ۱۸ نشانگر مورد استفاده، ۹۲ مکان در ۲۰ ژنوتیپ گندم نان تولید کرد. میزان اطلاعات چند شکل (PIC) از ۰/٤٦ (UBC-857، UPC-864، UBC-867 و is9) تا ۰/۲۱ (is7) متغیر بود. درصد چندشکلی کل ۹۵/۷۵ درصد برآورد گردید و از بین نشانگرهای مورد استفاده نشانگر UBC-867 با ۱۰۰ درصد چند شکلی، تعداد بالای شاخص‌های محتوای چند شکلی، شاخص نشانگر، شاخص نسبت چندشکلی موثر و شاخص قدرت تفکیک و با توجه به تکثیر بالای نوارها و تولید بیشترین نوارهای چند شکل به‌عنوان مناسب‌ترین نشانگر برای گندم در مطالعات بعدی معرفی شد. برای شناسایی نشانگرهای مثبت مرتبط با پارامتری پایداری، تجزیه رگرسیون گام به گام بین داده‌های ملکولی به‌عنوان متغیرهای مستقل و صفات مطالعه شده به‌عنوان متغیرهای وابسته انجام شد. اکثر آغازگرهای مورد استفاده با صفات مطالعه شده مرتبط بودند. ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون، ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز، آماره حسابی عملکرد، شاخص برتری لین و بینز و شاخص ایمنی اول توسط آغازگرهای بیشتری تبیین شدند. آغازگرهای UBC-848، UBC-869 و is5 بیشترین ارتباط را با پارامترهای پایداری بررسی شده نشان دادند. نتایج نشان داد که نشانگرهای شناسایی شده مرتبط در این مطالعه می‌توانند به‌خوبی برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های گندم نان مورد استفاده قرارگیرند و در انتخاب والدین مناسب برای تولید جمعیت جهت نقشه‌یابی به کار روند. همچنین این نشانگرها برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر به خصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آن‌ها مانند نقشه پیوستگی در دسترس نیست، مفید می‌باشند. برخی از این نشانگرها با بیش از یک صفت مرتبط بودند که می‌تواند ناشی از اثرات پلیوتروپیک QTLهای مرتبط با هم در صفات مختلف باشد.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای پایداری، تجزیه ارتباطی، گندم نان و نشانگرهای ISSR

مقدمه

گندم مهم‌ترین غله است که بیشترین سطح زیرکشت را در بین گیاهان زراعی، به‌خود اختصاص داده است و اغلب در نواحی خشک و نیمه‌خشک با تغییرات زیاد آب و هوای سالانه، رشد می‌کند (۱). با توجه به پیش‌بینی جمعیت ۹ میلیارد نفری برای سال ۲۰۵۰ ولی‌رغم افزایش عملکرد محصولات زراعی، همچنان نگرانی‌ها در مورد امنیت غذایی جهان ادامه دارد (۲۵). ایران با میانگین بارندگی حدود ۲۴۰ میلی‌متر در سال در زمره مناطق خشک و نیمه خشک جهان قرار دارد، که در این شرایط، مهم‌ترین عامل محدودکننده عملکرد این گیاه، تنش خشکی می‌باشد (۲۴). یکی از راه‌کارهای اساسی غلبه بر مشکلات ناشی از این تنش، انتخاب ارقام مقاوم و اصلاح ژنوتیپ‌های سازگار می‌باشد (۵). با توجه به محدود بودن تعداد نشانگرهای مورفولوژیکی و بیوشیمیایی و متأثر بودن این نشانگرها از عوامل محیطی، کاربرد محدودی دارند. نشانگرهای مولکولی به‌ویژه نشانگرهای مبتنی بر DNA با ایجاد تعداد نامحدودی نشانگر و با حذف ارات ناشی از عوامل محیطی، بسیاری از مشکلات مربوط به‌نشانگرهای مورفولوژیکی و بیوشیمیایی را برطرف کرده‌اند. از این رو، تعیین ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات ظاهری و بیوشیمیایی می‌تواند گامی مؤثر در استفاده از گزینش جمعیتی باشد (۲). امروزه ردیابی صفات مطلوب و سهولت انتخاب به کمک نشانگرها[1] از طریق تعیین پیوستگی (لینکاژ) آن‌ها با صفات مهم زراعی (کمی و کیفی) امکان‌پذیر شده است. این موضوع، امکان گزینش سریع و دقیق ژنوتیپ‌های مطلوب را در مراحل اولیه رشد فراهم کرده و طول دوره به‌نژادی را کاهش می‌دهد، در ضمن به‌جای ارزیابی صفات، گزینش غیر مستقیم به کمک نشانگرهای پیوسته صورت می‌گیرد (۲،۴). پیوستگی ژنتیکی بین نشانگرها و مکان‌های ژنی صفات کمی (QTL)[2] محتمل‌ترین توجیه برای وجود رابطه بین نشانگرهای مولکولی و نمود صفات کمی است (۲۸). مطالعه رابطه بین نشانگرهای مولکولی و صفات زراعی دارای کاربردهای متعددی است که برخی از آن‌ها عبارت است از امکان بررسی پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ‌های خاص پیش از ارزیابی فنوتیپی، شناسایی آلل‌های صفات مطلوب در مجموعه‌های ژرم‌پلاسم، تسهیل مکان‌یابی دقیق QTLها و تأیید ژن های کاندید مسوول صفات کمی مثل پایداری و مقاومت به خشکی (۹،۶). در اغلب برنامه‌های اصلاحی، اصلاح ژنتیکی مقاومت به خشکی از طریق انتخاب برای عملکرد صورت می‌گیرد ولی به‌علت وراثت‌پذیری پایین عملکرد تحت شرایط تنش و تغییرات زمانی و مکانی در محیط مزرعه، روش‌های سنتی اصلاح نباتات از سرعت کندی برخوردار می‌باشند. نشانگرهای مولکولی موجب افزایش کارایی در تولید ژنوتیپ‌های مقاوم به خشکی می‌گردد زیرا بیان آن‌ها مستقل از اثرات محیطی است (۹). بعد از شناسایی نشانگرهای مولکولی که با پارامترهای پایداری یا سایر صفات

1- MAS or Marker-aided selection
2- Quantitative Trait Locus

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]
[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

مورفولوژیکی مرتبط با مقاومت به خشکی در ارتباط‌اند می‌توان از آن‌ها به‌عنوان معیارهای گزینش برای مقاومت به‌خشکی و پایداری استفاده کرد. از انتخاب به‌کمک نشانگر در تهیه ژنوتیپ‌های مقاوم به‌خشکی استفاده شده است. کراکمن (۱۶)، در یک تحقیق با مطالعه ۱۴۶ رقم جو بهاره با استفاده از ۲۳۶ نشانگر AFLP[1] ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات عملکرد و پایداری عملکرد را بررسی کرد. رگرسیون چندگانه گام به گام نشان داد که ۱۸ تا ۲۰ نشانگر ۴۰ تا ۵۸ درصد تغییرات مربوط به این دو صفت را تبیین کردند.

در طی دو دهه اخیر نشانگرهای مولکولی مبتنی برDNA بطور گسترده‌ای برای اهداف مختلف در گیاهان و جانوران مورد استفاده قرار گرفته‌اند. از جمله این نشانگرها ISSR[2] است. ISSR نشانگری نیمه تصادفی است که به عنوان ابزار قدرتمندی جهت تحلیل ژنومی از سال ۱۹۹۴ به کار گرفته شده است (۲۹،۳۲) و شامل کاربرد توالی ریز ماهواره به‌عنوان آغازگر در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به منظور تکثیر نشانگرهای چند آللی می‌باشد. مطالعات مختلف نشان داده که این نشانگر به‌علت چند شکلی بالایی که دارد، برای انگشت‌نگاری ژنتیکی، تحلیل تنوع ژنتیکی و نقشه‌یابی ژنتیکی مناسب می‌باشد. به‌علاوه، این تکنیک توانایی تشخیص افراد با روابط خویشاوندی نزدیک را نیز دارد. ISSR نشانگری قابل اعتماد است که از آن برای تخمین تنوع ژنتیکی در سطح بین گونه‌ای و درون گونه‌ای در بسیاری از گونه‌های گیاهی از جمله برنج، گندم، ذرت،سورگوم، لوبیا، چاودار، جو، نخود، سیب زمینی شیرین، شمعدانی و بادام و انواع گیاهان دیگر، استفاده شده است (۳۱،۱۱،۷). بنابراین می‌توان از مزایای این روش به‌ساده بودن، دقت بالا، آنالیز همزمان تعداد زیادی جایگاه، چند شکلی بالا، ارزان بودن و تکرارپذیری بالا اشاره کرد. از معایب این روش نیز می‌توان به الگوی تفکیک شدن به صورت غالب اشاره کرد هر چند که الگوی آن‌ها به‌صورت هم بارز هم در برخی موارد گزارش شده است (۲۷). وانگ و همکاران (۳۰) برای ارزیابی پایداری واریته‌های گندم به جای استفاده از مشاهدات مورفولوژی از مارکرهای SSR استفاده کردند. اینوستروزا و همکاران (۱۲) با استفاده از نشانگرSSR نشان دادند که ۲۱ مکان کروموزومی با عملکرد دانه، ارتفاع گیاه و پایداری عملکرد در ۸ لاین جایگزینی جو به میزان بالایی ارتباط دارند. موتاوا و همکاران (۲۰) با استفاده از مارکرهای ISSR در ۲۰ واریته گندم ارتباط معنی‌دار بین نشانگرها با صفات ارتفاع و وزن هزار دانه در شرایط نرمال و صفات ارتفاع، وزن هزار دانه و تعداد سنبله در متر مربع در شرایط تنش مشاهده کردند. پیوستگی نشانگرهای RAPD و ISSR با عملکرد ۲۰ لاین گندم در دو شرایط تنش و نرمال با صفات مورفولوژی توسط خالد و همکاران (۱۵) با ۱۶ نشانگرISSR بررسی شد و دو نشانگر ارتباط معنی‌داری را نشان دادند. درصد پلی‌مورفیسم از ۳۹/۳ ٪ تا ۵۳/۲٪ برآورد گردید. نشانگرهای پیوسته توانستند ۱۸/۹ تا ۳۴/۹ درصد از تغییرات کل مربوط به صفات مورد بررسی را توجیه نمایند. با توجه به مطالب گفته شده هدف از اجرای این تحقیق، شناسایی نشانگرهای مرتبط با پارامترهای پایداری مورد نظر در۲۰ ژنوتیپ گندم نان با استفاده از سیستم نشانگری ISSR می باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق،۲۰ ژنوتیپ گندم نان در چهار سال زراعی (۹۴-۱۳۹۰)، به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و ارزیابی ارتباط پارامترهای پایداری با نشانگرهای مولکولی بررسی شدند. ژنوتیپ‌ها از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند (جدول ۱).

جدول ۱- کد و نام ژنوتیپ‌های مطالعه شده در این تحقیق

Table 1. Code and the name of wheat genotypes used in the present study

کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ
۱	Geravandi-17	۱۱	WC-47359
۲	WC-47536	۱۲	WC-47403
۳	WC-4919	۱۳	WC-47388
۴	WC-4868	۱۴	WC-4611
۵	WC-5046	۱۵	WC-4515
۶	WC-4995	۱۶	پیشتاز
۷	پیشگام۱	۱۷	Moghan-3
۸	WC-4536	۱۸	WC-47472
۹	پیشگام۲	۱۹	WC-4968
۱۰	WC-47582	۲۰	WC-47528

این پژوهش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار، درچهار سال زراعی (۹۴-۱۳۹۰) در دو شرایط نرمال و تنش خشکی در مزرعه تحقیقاتی گروه زراعت و اصلاح نباتات پردیس کشاورزی ومنابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه اجرا شد. هر کرت شامل چهار خط دو متری به فاصله خطوط ۲۵سانتی متر و تراکم ۴۰۰ بذر در متر مربع بود. در شرایط تنش و نرمال، اولین بارندگی به‌عنوان تاریخ کاشت در نظر گرفته شد و در شرایط تنش در تمام طول رشد آبیاری انجام نشد. موقعیت جغرافیایی و آب و هوایی مزرعهٔ تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه مطابق جدول ۲ می‌باشد.

تجزیه پایداری ۲۰ ژنوتیپ گندم نان با استفاده از داده‌های چهار سال در دو شرایط تنش خشکی و نرمال (هشت محیط) و تجزیه واریانس ارقام در محیط‌های مختلف

1- Amplified fragment length polymorphism

2- Inter Simple Sequence Repeat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

به منظور تعیین وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، انجام شد. تجزیه پایداری عملکرد گندم بر اساس آماره‌های تک متغیره، آماره‌های ضریب تغییرات، واریانس محیطی، اکووالانس ریک، واریانس پایداری، آماره شیب رگرسیونی، میانگین انحراف از رگرسیون، تجزیه واریانس جفتی پلستید و پیترسون، شاخص برتری لین و بینز، شاخص ایمنی- اول، شاخص سازگاری هندسی، آماره پایداری پیفو و لوتیتو و ضریب تشخیص برآورد گردید. برای فرمول نویسی از نرم‌افزار Excel استفاده شد. همچنین در بخش مولکولی ۱۸ آغازگر ISSR استفاده شد (جدول ۳).

جدول ۲- موقعیت جغرافیایی و آب هوایی محل اجرای آزمایش

Table 2. Geographic and meteorological location of the test site

طول جغرافیایی	۴۷ درجه و ۹ دقیقه
عرض جغرافیایی	۳۴ درجه و ۲۱ دقیقه
ارتفاع از سطح دریا	۱۳۱۹متر
متوسط بارندگی	۴۸۰-۴۵۰ میلیمتر
بافت خاک	سیلتی رسی
وضعیت آب و هوایی و وضع طبیعی	سرد معتدل، رشته کوه‌های زاگرس شمالی
متوسط درجه حرارت چهار سال مورد بررسی	۱۴ درجه سانتی‌گراد
میزان بارندگی در سالهای اجرای آزمایش	۳۳۰/۲۵ میلی‌متر

داده‌های مولکولی بر اساس وجود و عدم وجود باند به ترتیب به‌صورت یک و صفر کدگذاری شدند. میزان اطلاعات چند شکل آغازگرها با استفاده از فرمول $Pi = 1 - \sum_{i=1}^{n} P_i^2 PIC$ محاسبه گردید. در این فرمول فراوانی آلل iام و n تعداد آلل‌ها می‌باشد. برای بررسی ارتباط نشانگرهای ISSR و آماره‌های پایداری ابتدا ساختار جمعیت بررسی و سپس تجزیه ارتباطی انجام شد.

از نرم‌افزار STRUCTURE نسخه 2.3.4، به‌منظور تعیین ساختار جمعیت، استفاده شد (۲۳). رابطه بین نشانگرهای ISSR و پارامترهای پایداری با استفاده از رگرسیون چندگانه گام به گام، با استفاده از نرم‌افزار SPSS تعیین گردید. طوریکه، پارامترهای پایداری به عنوان متغیر وابسته و نشانگرهای ISSR به‌عنوان متغیرهای مستقل در نظر گرفته شدند.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه برای ۲۰ ژنوتیپ گندم در چهار سال در دو شرایط تنش و عدم تنش در جدول ۳ ارائه شده است. برای بررسی اثرات معنی‌دار مؤلفه‌های واریانس عملکرد دانه، آزمون F براساس مدل مخلوط (اثر سال تصادفی، ژنوتیپ و مکان ثابت) انجام شد. تفاوت آماری معنی‌داری بین مکان‌ها، سال‌ها، ژنوتیپ‌ها، اثر متقابل سال × مکان، سال × ژنوتیپ، مکان × ژنوتیپ و اثر متقابل سال × مکان × ژنوتیپ در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. نتایج بیانگر آن بود که ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه در محیط‌های مختلف واکنش متفاوتی از خود نشان دادند، عملکرد ارقام متفاوت بوده و بین آن‌ها تنوع ژنتیکی وجود دارد. سال‌ها و مکان‌های مورد مطالعه نیز تأثیر متفاوت بر عملکرد ژنوتیپ‌ها داشتند. با توجه به اینکه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط معنی‌دار بود، پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها، مورد بررسی قرار گرفت (۲۵). در جدول ۴ مقادیر آماره‌های پایداری پارامتری و رتبه‌های آن‌ها برای ۲۰ ژنوتیپ مورد بررسی در هشت محیط آمده است. با توجه به اینکه هر یک از آماره‌های استفاده شده برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها رتبه‌های متفاوتی به ژنوتیپ‌ها می‌دهند و انتخاب براساس هر کدام از این شاخص‌ها ممکن است باعث خطا در تصمیم‌گیری شود لذا جهت انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب از شاخص جمع رتبه‌های داده شده به ژنوتیپ‌ها بر اساس همه آماره‌ها استفاده شد. بر این اساس ژنوتیپی که دارای کوچکترین جمع رتبه باشد از لحاظ همه آماره‌های پارامتری مناسب می‌باشد. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۱۰، ۱۳، ۱۵، ۱۸ دارای برآیند بهتری از پایداری و عملکرد و ژنوتیپ‌های ۳، ۷، ۹، ۱۷ و ۲۰ از لحاظ مجموع رتبه آماره‌های مورد بررسی نامطلوب بودند. محمدی و همکاران (۲۱) نیز برای تعیین پایداری ۱۸ ژنوتیپ گندم نان از آماره‌های واریانس محیطی، ضریب تغییرات ژنوتیپی، واریانس پایداری و شاخص برتری استفاده نمودند.

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های گندم

Table 3. Analysis of variance for the measured traits of wheat genotypes

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	F
سال	۳	۳۳۸۶۶۰۸/۵	۸۷۵/۸**
مکان	۱	۷۹۸۴۲۱۰/۲	۲۰۶۴/۹**
سال × مکان	۳	۷۴۰۸۳۲/۱	۱۹۱/۵**
خطای۱ (تکرار در سال و مکان)	۱۶	۶۱۷۴/۴	۱/۵۹
ژنوتیپ	۱۹	۳۹۱۷۰/۵	۱۰/۱۳**
ژنوتیپ×سال	۵۷	۲۷۳۱۶/۷	۷/۰۶**
ژنوتیپ×مکان	۱۹	۲۱۲۹۰/۴	۵/۵**
ژنوتیپ×سال× مکان	۵۷	۱۶۴۵۴/۳	۴/۲**
خطای ۲ (اشتباه مرکب)	۳۰۴	۳۸۶۶/۶	
کل	۴۷۹		

**: معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

جدول ۴- آماره‌های پایداری پارامتری و رتبه آن‌ها برای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در هشت محیط

Table 4. Parametric stability statistics and their rank for grain yield of genotypes studied in eight environments

ژنوتیپ	میانگین عملکرد		ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون		واریانس انحراف از رگرسیون		ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز	
	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه
۱	۳۱۳/۱۲	۱۲	۱/۱۳	۱۶	۷/۵۶	۱۵	۰/۱۲۷	۱۶
۲	۳۳۴/۰۵	۱۷	۱/۰۱	۱۱	۶/۸۱	۱۳	۰/۰۱۴	۱۱
۳	۲۶۷/۳۷	۴	۰/۹۹	۹	۶/۰۷	۹	-۰/۰۰۷	۹
۴	۲۷۷/۸۱	۶	۰/۸۵	۵	۴/۲۶	۵	-۰/۱۴۷	۵
۵	۲۹۵/۵۹	۸	۰/۸۱	۴	۴/۰۹	۴	-۰/۱۸۸	۴
۶	۲۲۷/۸۲	۱	۰/۵۰	۱	۰/۲۹	۱	-۰/۵۰۳	۱
۷	۳۱۷/۶۶	۱۳	۱/۱۹	۱۷	۸/۶۷	۱۷	۰/۱۹۳	۱۷
۸	۲۶۱/۸۷	۲	۰/۷۱	۲	۲/۷۳	۲	-۰/۲۸۹	۲
۹	۳۲۷/۲۲	۱۵	۱/۳۰	۱۹	۹/۸۸	۱۹	۰/۳۰۲	۱۹
۱۰	۳۰۵/۰۷	۱۱	۱/۰۸	۱۳	۶/۸۰	۱۲	۰/۰۷۷	۱۳
۱۱	۲۶۵/۴۲	۳	۰/۷۵	۳	۳/۰۹	۳	-۰/۲۵۴	۳
۱۲	۳۶۲/۲۰	۱۹	۱/۲۶	۱۸	۹/۲۵	۱۸	۰/۲۶۲	۱۸
۱۳	۳۰۲/۹۵	۱۰	۱/۰۱	۱۱	۵/۹۹	۸	۰/۰۱۲	۱۰
۱۴	۲۹۳/۷۹	۷	۰/۹۴	۷	۵/۵۶	۷	-۰/۰۶۴	۷
۱۵	۳۰۲/۱۰	۹	۰/۸۷	۶	۴/۶۳	۶	-۰/۱۲۶	۶
۱۶	۳۳۸/۶۴	۱۸	۱/۳۹	۲۰	۱۰/۲۱	۲۰	۰/۳۸۸	۲۰
۱۷	۲۷۶/۴۹	۵	۱/۰۱	۱۱	۶/۲۷	۱۰	۰/۰۱۵	۱۲
۱۸	۳۲۳/۷۰	۱۴	۱/۰۹	۱۴	۶/۷۱	۱۱	۰/۰۹۱	۱۴
۱۹	۴۱۱/۸۶	۲۰	۱/۱۲	۱۵	۷/۹۹	۱۶	۰/۱۱۸	۱۵
۲۰	۳۳۲/۶۸	۱۶	۰/۹۸	۸	۷/۴۷	۱۴	-۰/۰۲۱	۸

ادامه جدول ۴

Continue Table 4

ژنوتیپ	آماره پرکینز و جینکز		آماره پلاستید و پیترسون		اکووالانس ریک		واریانس محیطی	
	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه
۱	۴/۶۰	۱۱	۷/۴۰	۱۳	۳/۳۱	۸	۶۵/۵۵	۱۵
۲	۹/۸۷	۱۸	۷/۱۸	۸	۵/۹۳	۱۳	۵۸/۳۶	۱۲
۳	۴/۹۴	۱۲	۷/۴۲	۱۴	۲/۹۷	۷	۵۲/۰۴	۹
۴	۲/۶۸	۵	۷/۴۸	۱۷	۲/۳۴	۴	۳۷/۶۰	۵
۵	۵/۵۷	۱۳	۷/۲۹	۱۰	۴/۵۴	۱۱	۳۶/۷۴	۴
۶	۳/۲۷	۷	۶/۷۹	۲	۱۰/۵۶	۱۹	۱۴/۷۷	۱
۷	۸/۲۸	۱۷	۷/۱۵	۵	۶/۲۳	۱۶	۷۶/۰۸	۱۷
۸	۳/۴۰	۸	۷/۲۷	۹	۴/۸۸	۱۲	۲۷/۴۲	۲
۹	۸/۰۳	۱۶	۷/۰۱	۳	۷/۹۱	۱۸	۸۹/۰۸	۱۹
۱۰	۲/۶۴	۴	۷/۵۲	۱۸	۱/۷۹	۳	۵۸/۵۴	۱۳
۱۱	۳/۱۰	۶	۷/۳۳	۱۱	۴/۰۶	۱۰	۲۹/۶۱	۳
۱۲	۶/۳۲	۱۴/۵	۷/۱۶	۶/۵	۶/۱۲	۱۵	۸۲/۶۴	۱۸
۱۳	۲/۰۶	۳	۷/۵۷	۱۹	۱/۲۴	۲	۵۱/۳۸	۸
۱۴	۶/۳۲	۱۴/۵	۷/۳۴	۱۲	۳/۹۳	۹	۴۷/۸۸	۷
۱۵	۳/۹۱	۹	۷/۴۳	۱۵	۲/۸۹	۶	۴۰/۴۲	۶
۱۶	۱/۶۱	۲	۷/۱۶	۶/۵	۶/۰۹	۱۴	۹۴/۸۷	۲۰
۱۷	۴/۴۸	۱۰	۷/۴۵	۱۶	۲/۶۹	۵	۵۳/۷۶	۱۰
۱۸	۰/۲۵	۱	۷/۶۳	۲۰	۰/۴۳	۱	۵۷/۹۳	۱۱
۱۹	۹/۹۵	۱۹	۷/۱۴	۴	۶/۴۴	۱۷	۶۹/۱۹	۱۶
۲۰	۲۰/۴۷	۲۰	۶/۶۵	۱	۱۲/۳۰	۲۰	۶۴/۰۵	۱۴

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

ادامه جدول ۴

Continue Table 4

ژنوتیپ	واریانس پایداری شوکلا		ضریب تغییرات ژنوتیپی		شاخص برتری لین وبینز		آماره پایداری پیفو و لوتیتو	
	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه
۱	۵/۶۳	۸	۸۱/۷۷	۱۵	۲۰/۷۶	۱۱	۴۱/۳۸	۸
۲	۹/۷۷	۱۳	۷۲/۳۲	۸	۱۱/۰۳	۳	۷۴/۰۹	۱۳
۳	۵/۰۹	۷	۸۵/۳۲	۱۷	۲۹/۶۹	۱۷	۳۷/۱۰	۷
۴	۴/۱۱	۴	۶۹/۸۰	۷	۲۵/۲۵	۱۵	۲۹/۲۹	۴
۵	۷/۵۸	۱۱	۶۴/۸۵	۵	۲۰/۳۵	۸	۵۶/۷۷	۱۱
۶	۱۷/۰۹	۱۹	۵۳/۳۴	۱	۴۷/۲۳	۲۰	۱۳۱/۹۸	۱۹
۷	۱۰/۲۴	۱۶	۸۶/۸۳	۱۸	۲۳/۱۹	۱۳	۷۷/۸۴	۱۶
۸	۸/۱۱	۱۲	۶۳/۲۴	۲	۳۴/۴۶	۱۹	۶۰/۹۵	۱۲
۹	۱۲/۹۰	۱۸	۹۱/۲۱	۲۰	۱۷/۴۹	۷	۹۸/۹۰	۱۸
۱۰	۳/۲۳	۳	۷۹/۳۱	۱۳	۲۰/۷۵	۱۰	۲۲/۳۵	۳
۱۱	۶/۸۱	۱۰	۶۴/۸۳	۴	۳۰/۰۵	۱۸	۵۰/۷۱	۱۰
۱۲	۱۰/۰۷	۱۵	۷۹/۳۷	۱۴	۹/۰۰	۲	۷۶/۴۹	۱۵
۱۳	۲/۳۷	۲	۷۴/۸۲	۱۱	۲۰/۵۶	۹	۱۵/۵۲	۲
۱۴	۶/۶۲	۹	۷۴/۴۸	۱۰	۲۲/۰۱	۱۲	۴۹/۱۸	۹
۱۵	۴/۹۶	۶	۶۶/۵۵	۶	۲۴/۳۷	۱۴	۳۶/۰۶	۶
۱۶	۱۰/۰۳	۱۴	۹۰/۹۵	۱۹	۱۴/۹۸	۶	۷۶/۱۴	۱۴
۱۷	۴/۶۶	۵	۸۳/۸۵	۱۶	۲۶/۶۲	۱۶	۳۳/۶۹	۵
۱۸	۱/۰۹	۱	۷۴/۳۵	۹	۱۳/۵۱	۵	۵/۴۰	۱
۱۹	۱۰/۵۹	۱۷	۶۳/۸۷	۳	۳/۴۶	۱	۸۰/۵۶	۱۷
۲۰	۱۹/۸۳	۲۰	۷۶/۰۷	۱۲	۱۲/۰۴	۴	۱۵۳/۷۱	۲۰

ادامه جدول ۴

Continue Table 4

ژنوتیپ	آماره حسابی عملکرد		ضریب تشخیص		شاخص سازگاری هندسی		شاخص ایمنی اول	
	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه	مقدار	رتبه
۱	۳۷۲/۰۲	۷	۸۸/۴۷	۱۰	۲۳۰/۶۹	۱۰	۲۹۲/۲۳	۱۲
۲	۳۷۳/۴۷	۶	۸۸/۳۴	۴	۲۵۲/۹۶	۴	۳۱۴/۳۴	۱۸
۳	۲۵۷/۵۵	۱۹	۸۸/۳۳	۱/۵	۲۰۰/۳۱	۱۹	۲۴۸/۷۶	۳
۴	۲۸۹/۳۸	۱۷	۸۸/۶۶	۱۳	۲۲۰/۲۲	۱۶	۲۶۱/۹۹	۶
۵	۳۲۹/۷۰	۱۲	۸۸/۸۸	۱۵	۲۳۶/۶۹	۷	۲۷۹/۹۵	۸
۶	۲۱۰/۰۷	۲۰	۹۸/۰۳	۲۰	۱۹۷/۶۱	۲۰	۲۱۷/۹۰	۱
۷	۳۸۵/۰۰	۴	۸۸/۶۱	۱۲	۲۲۵/۴۹	۱۲	۲۹۵/۱۶	۱۳
۸	۳۲۲/۸۵	۱۳	۹۰/۰۶	۱۹	۲۲۳/۶۱	۱۳	۲۴۸/۳۶	۲
۹	۴۲۳/۳۸	۱	۸۸/۹۱	۱۶	۲۲۲/۳۶	۱۵	۳۰۲/۸۷	۱۴
۱۰	۳۵۹/۳۹	۹	۸۸/۳۹	۷	۲۳۷/۳۹	۶	۲۸۵/۳۳	۱۰
۱۱	۳۰۷/۷۱	۱۵/۵	۸۹/۵۷	۱۸	۲۱۵/۷۶	۱۷	۲۵۱/۳۹	۴
۱۲	۴۱۱/۵۰	۳	۸۸/۸۰	۱۴	۲۵۷/۶۳	۲	۳۳۸/۷۵	۱۹
۱۳	۳۰۷/۷۱	۱۵/۵	۸۸/۳۳	۱/۵	۲۳۵/۹۲	۸	۲۸۴/۴۶	۹
۱۴	۳۵۵/۲۵	۱۰	۸۸/۳۸	۶	۲۳۵/۱۰	۹	۲۷۵/۹۴	۷
۱۵	۳۶۵/۷۴	۸	۸۸/۵۵	۱۱	۲۵۴/۵۵	۳	۲۸۵/۷۰	۱۱
۱۶	۳۸۳/۵۵	۵	۸۹/۲۳	۱۷	۲۲۹/۳۴	۱۱	۳۱۳/۵۱	۱۷
۱۷	۲۷۵/۷۶	۱۸	۸۸/۳۴	۴	۲۰۴/۳۲	۱۸	۲۵۷/۵۸	۵
۱۸	۳۴۷/۱۲	۱۱	۸۸/۴۱	۸	۲۴۴/۴۰	۵	۳۰۴/۰۷	۱۵
۱۹	۴۲۳/۰۳	۲	۸۸/۴۵	۹	۳۲۶/۳۰	۱	۳۹۰/۴۰	۲۰
۲۰	۳۱۱/۵۹	۱۴	۸۸/۳۴	۴	۲۲۳/۵۲	۱۴	۳۱۲/۰۳	۱۶

از ژل آگارز ۲ درصد به‌منظور تعیین کیفیت DNA های استخراج شده استفاده شد، همچنین از ۱۸ آغازگر ISSR در بخش مولکولی استفاده شد (جدول ۵). تعداد کل نوارهای تکثیر شده ۹۲ نوار بود، که ۸۸ نوار دارای چند شکلی بودند. درصد چندشکلی کل ۹۴/۷۵ برآورد گردید. در یک تحقیق کاروالهو و همکاران (۷) میزان چند شکلی را ۹۸/۵ درصد با استفاده از ۱۸ نشانگر ISSR بدست آوردند. همه آغازگرهای به‌جز is_{16} ، $is_{14}$$is_5$ وis_7 دارای ۱۰۰ درصد چند شکلی بودند، همچنین کمترین میزان چند شکلی (۶۶/۶۶ درصد) به آغازگر is_7 تعلق داشت. به منظور بررسی میزان چندشکلی نشانگرها از پارامتر محتوای اطلاعات چندشکلی استفاده شد. بیشترین شاخص محتوای چندشکلی مربوط به آغازگرهای UBC-857، UBC-864، UBC-867 و is_9 و کمترین آن مربوط به آغازگر is7 بود. به منظور بررسی میزان چندشکلی نشانگرها از پارامترهایی مانند محتوای اطلاعات چندشکلی[1]، شاخص نشانگر[2]، درصد چندشکلی[3] و قدرت تفکیک[4] استفاده شد (جدول ۵). بیشترین شاخص محتوای چندشکلی مربوط به آغازگرهای UBC-857، UBC-864، UBC-867 و is9 و کمترین آن مربوط به آغازگر is7 بود. در بین شاخص‌های مولکولی بررسی شده، بیشترین شاخص نشانگر متعلق به

1- Polymorphism Information Content 2- Marker Index 3- Polymorphism Percent 4- Resolving Power

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

آغازگرهایis9، is11، UBC-867 و کمترین شاخص نشانگر مربوط به آغازگر is7 بود. نجفی (۲۲) مقادیر شاخص نشانگر را از ۰/۴۱ تا ۳/۳۶ برآورد کرد. بیشترین شاخص نسبت چند شکلی موثر مربوط به آغازگرهای UBC–867 و is9 (۸) و کمترین متعلق به آغازگر is3 (۲) بود. بیشترین شاخص قدرت تفکیک مربوط به آغازگر UBC–867 (۹/۷) و کمترین مربوط به is7 (۱/۵) بود. آغازگر UBC–867 با ۱۰۰ درصد چندشکلی و مقدار بالای شاخص‌های محتوای چندشکلی، شاخص نشانگر، شاخص EMR و شاخص RP و با توجه به تکثیر بالای باندها و تولید نوارهای چندشکلی، بالا به‌عنوان مناسب‌ترین آغازگر برای گندم معرفی شد. نشانگر UBC–867 بهتر از نشانگرهای دیگر می‌تواند فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها را مشخص و آن‌ها را از هم متمایز کند. همچنین تعداد زیاد مکان‌های تکثیر شده در این آزمایش نشان می‌دهد که تعداد کمی از آغازگرهای ISSR با میزان اطلاعات چندشکل بالا، می‌تواند تعداد زیادی نمونه و جمعیت‌های مختلف نمونه را تفکیک کنند. سایر تحقیقات نیز به کارایی بالای نشانگرهای ISSR در مطالعات مرتبط با تعیین تنوع ژنتیکی و روابط تکاملی در گونه‌های گیاهی مختلف اشاره کرده‌اند (۱۹،۵،۱۵). نجفی و همکاران (۲۲) با بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ لاین و رقم گندم با استفاده از نشانگر ISSR، بازه‌ی تغییرات این شاخص را ۰/۱۳ تا ۰/۴۲ بدست آوردند. با استفاده از نرم‌افزار STRUCTURE ساختار جمعیت ۲۰ ژنوتیپ گندم نان تعیین شد (جدول ۶). داده‌های مولکولی ۵ زیر جمعیت تعریف شد که در بین آنها (K=1 تا K=5) زیر جمعیت،K=1 که انحراف معیار و متوسط لگاریتم درست‌نمایی کمتری داشت انتخاب شد تا اثر ساختار جمعیت جدا شود و موجب مشاهده روابط دروغین بین داده‌های فنوتیپی و مولکولی نشود چراکه این ارتباط ناشی از اثر ساختار جمعیت است. بنابراین قبل از تجزیه، پریچارد و همکاران (۲۳) پیشنهاد کردند که افراد جمعیت به زیر جمعیت‌هایی بر اساس الگوریتم تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر مدل تقسیم و سپس تجزیه‌ها در هر زیر جمعیت انجام شود. علت اصلی اثر ساختار جمعیت، آمیزش‌های غیر تصادفی بین گروه‌ها در یک جمعیت است که منجر به جدایی فیزیکی و تغییر فراوانی‌های آللی در هر گروه می‌شود.

جدول ۵- آماره‌های چند شکلی حاصل از بررسی ۲۰ ژنوتیپ گندم با استفاده از نشانگرهای ISSR

Table 5. Multivariate statistics from 20 wheat genotypes using ISSR markers

نام نشانگر	تعداد کل نوارها	تعداد نوار چند شکل	درصد چند شکلی	محتوای چندشکلی	شاخص نشانگر	نسبت چند شکلی موثر	قدرت تفکیک
is6	۷	۷	۱۰۰	۰/۳۲	۲/۲۷	۷	۸/۸
is5	۹	۸	۸۸/۸۸	۰/۳۴	۲/۳۹	۷/۱۱	۹/۶
UBC-869	۴	۴	۱۰۰	۰/۳۳	۱/۳۱	۴	۲/۸
Is3	۲	۲	۱۰۰	۰/۲۹	۰/۵۸	۲	۲/۱
UBC-867	۸	۸	۱۰۰	۰/۴۱	۳/۲۹	۸	۹/۷
UBC-848	۳	۳	۱۰۰	۰/۲۵	۰/۷۶	۳	۴/۹
UBC-857	۳	۳	۱۰۰	۰/۴۶	۱/۳۸	۳	۳
UBC-864	۳	۳	۱۰۰	۰/۴۶	۱/۳۷	۳	۲/۴
is14	۴	۳	۷۵	۰/۳۱	۰/۶۹	۲/۲۵	۱/۸
is15	۶	۶	۱۰۰	۰/۳۷	۲/۲۴	۶	۷/۶
is10	۵	۵	۱۰۰	۰/۲۷	۱/۳۳	۵	۳/۳۳
is13	۳	۳	۱۰۰	۰/۲۵	۰/۷۶	۳	۴/۹
is11	۱۰	۱۰	۱۰۰	۰/۴۵	۴/۵۳	۱۰	۸/۸
is7	۳	۲	۶۶/۶۶	۰/۲۱	۰/۲۸	۱/۳۳	۱/۵
si9	۸	۸	۱۰۰	۰/۴۶	۳/۷۱	۸	۸
is16	۴	۳	۷۵	۰/۲۶	۰/۵۹	۲/۲۵	۳/۱
UBC-807	۳	۳	۱۰۰	۰/۴۱	۱/۲۴	۳	۲/۹
UBC-844	۷	۷	۱۰۰	۰/۴۲	۲/۹۶	۷	۸/۵

جدول ۶- متوسط لگاریتم درست نمایی بر اساس نرم‌افزار STRUCTURE

Table 6. Maximum likelihood estimation based on STRUCTURE software

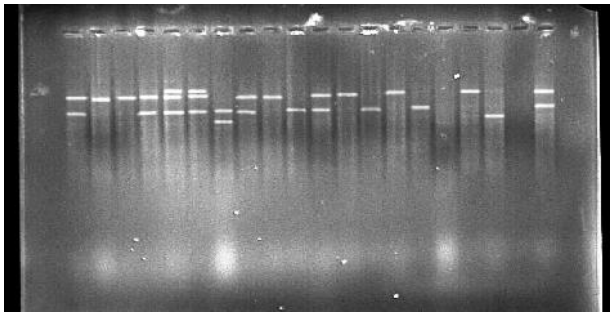
تعداد زیر گروه	متوسط لگاریتم درست‌نمایی	انحراف معیار
۱	۱۰۶۳/۳	۱/۸۲
۲	۱۱۷۹/۹	۲۸
۳	۱۲۴۵	۳۲/۳
۴	۱۲۴۹/۴	۱۴/۵
۵	۱۲۶۲/۰۲	۳۳/۶

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

تجزیه رگرسیون چندگانه گام به گام

نتایج تجزیه ارتباطی ژنوتیپ‌ها بر اساس نشانگر ISSR و پارامتری پایداری با استفاده از تجزیه رگرسیون چندگانه گام به گام برای شناسایی نواحی ژنومی دخیل در کنترل پایداری در گندم با در نظر گرفتن مکان‌های نشانگری به‌عنوان متغیرهای مستقل و آماره‌های پایداری به‌عنوان متغیرهای وابسته در جداول درج شده است. نتایج نشان داد که بین پارامتری پایداری با آغازگرهای ISSR رابطه وجود دارد. اگر چه نقشه‌یابی بر پایه مکان‌های صفات کمی(QTL) برای ردیابی ژن‌های وابسته به صفات، مناسب می‌باشد اما این عمل وقت‌گیر و پر زحمت می‌باشد (۲۵). برای غلبه بر این محدودیت‌ها، شناسایی نشانگرهای وابسته به صفات از طریق رگرسیون مناسب به‌نظر می‌رسد. آنالیز رگرسیونی چند گانه، ضریب تبیین R^2 را تعیین می‌کند که این ضریب نشان دهنده میزان رابطه صفت را با نشانگر مولکولی می‌باشد (۱۰).



شکل ۱- الگوی نواربندی نشانگرهای ISSR با استفاده از آغازگر UBC-869 در ۲۰ ژنوتیپ گندم مورد بررسی
Figure 1. ISSR Marker Strip Pattern Using UBC-869 primer in 20 Wheat Genotypes studied

ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون

۸ مکان تکثیری توسط آغازگرهای ISSR با ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون ارتباط داشتند (جدول ۷) و حدود ۹۸ درصد از تغییرات آن را توجیه کردند. در این حالت بیشترین تأثیر معنی‌دار مربوط به مکان UBC-869 بود.

ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز

با ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز، ۸ مکان تکثیری با نشانگر ISSR مرتبط بودند (جدول ۸) آغازگرهای مرتبط با این آماره ۹۸ درصد از تغییرات آن را توجیه کردند و مکان UBC-869 بیشترین تاثیر مثبت و معنی‌دار را در ضریب رگرسیون داشت.

شاخص سازگاری هندسی

با این شاخص نیز ۸ مکان تکثیری توسط آغازگرهای ISSR رابطه معنی‌داری داشتند و ۹۷ درصد تغییرات این شاخص را توجیه کردند. بیشترین اثر معنی‌دار مربوط به مکان is13 بود که باعث کاهش شاخص سازگاری هندسی می‌گردد (جدول ۹).

جدول ۷- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون
Table 7. Markers have a significant relationship with Finley and Wilkinson regression coefficients

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
UBC-869	۰/۷۱۳	۰/۰۰۰	۰/۴۲۱	۰/۳۸۸
Is5	-۰/۴۲۳	۰/۰۰۰	۰/۲۲۲	۰/۶۰۱
Is5	۰/۳۱۷	۰/۰۰۰	۰/۱۱۱	۰/۷۰۷
UBC-848	۰/۲۸۹	۰/۰۰۰	۰/۱۲۸	۰/۸۵۰
UBC-869	۰/۳۸۶	۰/۰۰۰	۰/۰۳۴	۰/۸۸۴
Is9	-۰/۲۲۷	۰/۰۰۰	۰/۰۴۳	۰/۹۳۹
UBC-867	۰/۱۸	۰/۰۰۰	۰/۰۲	۰/۹۶۶
Is11	۰/۱۳۱	۰/۰۰۰	۰/۰۱۵	۰/۹۸۸

جدول ۸- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز
Table 8. Significant relationships with Perkins and Jinx regression coefficients

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
UBC-869	۰/۷۱۳	۰/۰۰۰	۰/۴۲۱	۰/۳۸۸
Is5	-۰/۴۲۳	۰/۰۰۰	۰/۲۲۲	۰/۶۰۱
Is13	۰/۳۱۷	۰/۰۰۰	۰/۱۱۱	۰/۷۰۷
UBC-848	۰/۲۸۹	۰/۰۰۰	۰/۱۲۸	۰/۸۵۰
UBC-869	۰/۳۸۶	۰/۰۰۰	۰/۰۳۴	۰/۸۸۴
Is9	-۰/۲۲۷	۰/۰۰۰	۰/۰۴۳	۰/۹۳۹
UBC-867	۰/۱۸	۰/۰۰۰	۰/۰۲	۰/۹۶۶
Is11	۰/۱۳۱	۰/۰۰۰	۰/۰۱۵	۰/۹۸۸

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

جدول ۹- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با شاخص سازگاری هندسی

Table 9. Markers have a significant relationship with the index of Geometric Compatibility

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is13	-۰/۲۵۰	۰/۰۰۰	۰/۳۱۲	۰/۲۷۳
Is16	-۰/۳۵۰	۰/۰۰۰	۰/۱۶۶	۰/۴۱۶
Is9	۰/۶۲۹	۰/۰۰۰	۰/۲۲۵	۰/۶۴۷
Is13	۰/۳۹۱	۰/۰۰۰	۰/۱۶۲	۰/۸۲۹
Is14	۰/۲۹۶	۰/۰۰۰	۰/۰۵۶	۰/۸۹۲
Is11	-۰/۲۴۳	۰/۰۰۰	۰/۰۲۴	۰/۹۱۹
UBC-867	۰/۲۳۱	۰/۰۰۲	۰/۰۲۱	۰/۹۴۵

آماره MBIW ۹ مکان تکثیر شده با این آماره ارتباط معنی‌داری داشتند (جدول ۱۰) مکان‌های تکثیری با نشانگرهای ISSR، ۹۸ درصد تغییرات را توجیه کردند و مکان is13 بیشترین تأثیر معنی‌دار و مثبتی را روی این شاخص داشت.

آماره پایداری پیفو و لوتیتو

این آماره با دو مکان تکثیری ارتباط معنی‌دار نشان داد و ۵۶ درصد واریانس کل را توجیه کرد (جدول ۱۱).

واریانس پایداری شوکلا

این آماره هم مشابه آماره پلستید و پیترسون با دو مکان تکثیری همبستگی معنی‌داری نشان داد و ۵۶ درصد از تغییرات مربوط به واریانس پایداری توسط این دو مکان توجیه شد (جدول ۱۲).

جدول ۱۰- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با آماره MBIW

Table 10. Markers with significant relationship with MBIW statistics

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is13	۰/۶۸۲	۰/۰۰۰	۰/۲۹۹	۰/۲۶۰
UBC-867	۰/۶۰۹	۰/۰۰۰	۰/۲۶۱	۰/۵۰۹
UBC-864	-۰/۴۸۰	۰/۰۰۰	۰/۱۷۳	۰/۶۸۳
Is5	۰/۲۳۷	۰/۰۰۰	۰/۰۸۹	۰/۷۷۵
Is11	-۰/۲۰۷	۰/۰۰۰	۰/۰۷۰	۰/۸۵۴
Is6	۰/۱۹۶	۰/۰۰۰	۰/۰۴۵	۰/۹۰۹
UBC-869	-۰/۲۶۱	۰/۰۰۰	۰/۰۲۷	۰/۹۴۴
UBC-844	-۰/۱۸۲	۰/۰۰۰	۰/۰۱۵	۰/۹۶۵
UBC-844	-۰/۱۳۴	۰/۰۰۰	۰/۰۱۴	۰/۹۸۷

جدول ۱۱- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با آماره پایداری پیفو و لوتیتو

Table 11. Markers with significant relationship with the Pewfo and Luttio stability statistics

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is6	-۰/۶۴۰	۰/۰۰۱	۰/۳۶۳	۰/۳۲۷
Is13	-۰/۴۹۹	۰/۰۰۴	۰/۲۴۸	۰/۵۶۴

جدول ۱۲- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با واریانس پایداری شوکلا

Table 12. Significant relationship with Shukla stability variance

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is6	-۰/۶۴۰	۰/۰۰۱	۰/۳۶۳	۰/۳۲۷
Is5	-۰/۴۹۹	۰/۰۰۴	۰/۲۴۸	۰/۵۶۴

ضریب تغییرات ژنوتیپی

این آماره با ۳ مکان ارتباط معنی‌دار نشان داد (جدول ۱۳) و مکان تکثیری توسط آغازگر is13 بیشترین اثر معنی‌دار و منفی را روی این آماره داشت. آغازگرهای مرتبط با این آماره ۹۸ درصد از تغییرات آن را توجیه کردند.

شاخص برتری لین و بینز

۸ مکان تکثیری توسط آغازگرهای نشانگر ISSR با این شاخص رابطه معنی‌دار داشتند (جدول ۱۴) و ۹۸ درصد از تغییرات این شاخص را توجیه کردند. بیشترین تأثیر معنی‌دار مربوط به مکان is5 بود که باعث کاهش شاخص برتری لین و بینز می‌گردد.

جدول ۱۳- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با ضریب تغییرات ژنوتیپی

Table 13. Significant relationship with genotype variation coefficient

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is13	-۰/۹۹۳	۰/۰۰۰	۰/۹۵۳	۰/۹۵۱
UBC-848	-۰/۱۵۹	۰/۰۰۰	۰/۰۲۳	۰/۹۷۳
Is10	-۰/۱۰۲	۰/۰۰۳	۰/۰۱	۰/۹۸۴

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

جدول ۱۴- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با شاخص برتری لین و بینز

Table 14. Markers with significant relationship with Lin and Bains superiority index

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is5	-۰/۶۱۶	۰/۰۰۰	۰/۳۸۶	۰/۳۵۲
UBC-864	۰/۳۶۶	۰/۰۰۰	۰/۱۹۷	۰/۵۳۴
Is15	-۰/۶۸۰	۰/۰۰۰	۰/۱۸۷	۰/۷۲۷
Is10	-۰/۳۵۷	۰/۰۰۰	۰/۰۶۷	۰/۷۹۳
Is5	۰/۳۴۱	۰/۰۰۰	۰/۰۶۱	۰/۸۶۱
Is9	-۰/۲۹۱	۰/۰۰۰	۰/۰۴۷	۰/۹۱۹
Is11	-۰/۲۱۴	۰/۰۰۰	۰/۰۲۹	۰/۹۵۹
Is7	-۰/۱۵۱	۰/۰۰۳	۰/۰۱۵	۰/۹۸۰

ضریب تشخیص

ضریب تشخیص با ۳ مکان تکثیری توسط آغازگرها ارتباط معنی‌دار داشت و ۹۸ درصد تغییرات آن توسط آغازگرها تبیین شد (جدول ۱۵). بیشترین اثر معنی‌دار را مکان is13روی این آماره داشت.

واریانس محیطی

این آماره با ۷ مکان تکثیری مرتبط بود (جدول ۱۶) و بیشترین تأثیر معنی‌دار و مثبت مربوط به مکان UBC-869 بود. آغازگرهای مرتبط با این آماره ۹۶ درصد از تغییرات آن را توجیه کردند.

جدول ۱۵- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با ضریب تشخیص

Table 15. Markers with a significant relationship with the detection coefficient

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is13	-۰/۹۹۳	۰/۰۰۰	۰/۹۵۳	۰/۹۵۱
UBC-484	-۰/۱۵۹	۰/۰۰۰	۰/۰۲۳	۰/۹۷۳
Is10	-۰/۱۰۲	۰/۰۰۳	۰/۰۱	۰/۹۸۴

جدول ۱۶- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با واریانس محیطی

Table 16. Significant relationship with environmental variance

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P value	R^2 changed	R^2 adjusted
UBC-869	۰/۷۰۲	۰/۰۰۰	۰/۳۸۶	۰/۳۵۲
UBC-869	۰/۳۱۴	۰/۰۰۰	۰/۰۵۷	۰/۸۵۳
UBC-848	۰/۴۳۹	۰/۰۰۰	۰/۱۳۹	۰/۷۰۹
Is9	-۰/۳۵۵	۰/۰۰۰	۰/۰۸۶	۰/۷۹۹
Is9	-۰/۳۹۶	۰/۰۰۰	۰/۰۵۷	۰/۹۲۵
Is5	-۰/۷۲۱	۰/۰۰۰	۰/۲۳۰	۰/۵۷۱
UBC-844	۰/۲۲۹	۰/۰۰۰	۰/۰۲۹	۰/۹۶۴

شاخص ایمنی- اول

این شاخص با ۹ مکان تکثیر شده ارتباط معنی‌دار داشت (جدول ۱۷). نشانگرهای مرتبط با این شاخص ۹۷٪ تغییرات را توجیح دادند. بیشترین تأثیر معنی‌دار و مثبت هم مربوط به مکان UBC-869 بود.

میانگین مربعات انحراف از رگرسیون

برای این آماره، ۷ مکان به‌عنوان مکان‌هایی که تأثیرگذار شناخته شد که ۹۶ درصد تغییرات مربوط به این آماره را توجیه کردند (جدول ۱۸). مکان UBC-869 بیشترین اثر معنی‌دار و مثبت را روی این پارامتر داشت.

جدول ۱۷- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با شاخص ایمنی- اول

Table 17. Significant relationship with safety index - First

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P value	R^2 changed	R^2 adjusted
UBC-869	۰/۳۴۷	۰/۰۰۰	۰/۲۶۵	۰/۲۲۴
Is16	۰/۶۵۷	۰/۰۰۰	۰/۲۰۳	۰/۴۰۵
UBC-867	-۰/۵۵۴	۰/۰۰۰	۰/۲۱۳	۰/۶۲۱
UBC-857	-۰/۴۹۰	۰/۰۰۰	۰/۱۳۹	۰/۷۷۲
UBC-844	۰/۲۶۹	۰/۰۰۰	۰/۰۷۶	۰/۸۵۸
Is14	۰/۲۰۱	۰/۰۰۰	۰/۰۴۷	۰/۹۱۶
Is11	۰/۲۰۴	۰/۰۰۰	۰/۰۱۸	۰/۹۳۸
UBC-844	۰/۱۸۹	۰/۰۰۹	۰/۰۱۴	۰/۹۵۶
Is6	۰/۱۳۷	۰/۰۲۵	۰/۰۱۰	۰/۹۷۲

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

جدول ۱۸- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با میانگین مربعات انحراف از رگرسیون

Table 18. Significant relationship with mean square deviation from regression

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P value	R^2 changed	R^2 adjusted
UBC-869	۰/۳۹۰	۰/۰۰۰	۰/۴۰۴	۰/۳۷۱
UBC-864	۰/۴۹۸	۰/۰۰۰	۰/۱۹۱	۰/۵۴۸
Is5	۰/۳۴۸	۰/۰۰۰	۰/۱۳۵	۰/۶۷۹
UBC-848	۰/۲۶۳	۰/۰۰۰	۰/۰۸۴	۰/۷۶۴
Is5	-۰/۵۲۹	۰/۰۰۰	۰/۰۸۵	۰/۸۶۲
Is9	-۰/۱۹۰	۰/۰۰۰	۰/۰۴۱	۰/۹۱۱
UBC-857	۰/۱۹۸	۰/۰۰۰	-۰/۰۰۶	۰/۹۰۹

اکووالانس ریک

۲ مکان تکثیری توسط آغازگرهای نشانگر ISSR با اکووالانس ریک همبستگی معنی‌دار نشان دادند (جدول ۱۹). در حقیقت این ۲ مکان ۵۶ درصد از تغییرات مربوط به اکووالانس ریک را توجیه کردند.

آماره پرکینز و جینکز

برای این آماره، ۵ مکان به عنوان مکان‌های مؤثر شناسایی شدند (جدول ۲۰). این مکان‌ها ۹۳ درصد از تغییرات کل مربوط به این آماره را توجیه کردند.

آماره پلستید و پیترسون θi

برای این آماره، دو مکان دارای همبستگی معنی‌داری بودند(جدول ۲۱) و ۵۶ درصد از تغییرات را در برگرفتند.

جدول ۱۹- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با اکووالانس ریک

Table 19. Significant relationship with Ecovalance Rick

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is6	-۰/۶۴۰	۰/۰۰۱	۰/۳۶۳	۰/۳۲۷
Is5	-۰/۴۹۹	۰/۰۰۴	۰/۲۴۸	۰/۵۶۴

جدول ۲۰- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با آماره پرکینز و جینکز

Table 20. Significant relationship with Perkins and Jinx statistics

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is6	-۰/۷۱۰	۰/۰۰۰	۰/۶۳۲	۰/۶۱۲
UBC-867	۰/۳۹۶	۰/۰۰۰	۰/۱۱۳	۰/۷۱۶
Is9	-۰/۴۸۵	۰/۰۰۰	۰/۰۶۶	۰/۷۷۷
UBC-867	-۰/۴۴۵	۰/۰۰۰	۰/۰۹۶	۰/۸۸۴
UBC-844	۰/۲۸۷	۰/۰۰۲	۰/۰۴۵	۰/۹۳۷

جدول ۲۱- نشانگرهای دارای رابطه معنی‌دار با آماره پلستید و پیترسون

Table 21. Significant relationship With Plastid and Peterson statistics

نام نشانگر	ضریب رگرسیون (B)	P-value	R^2 changed	R^2 adjusted
Is6	-۰/۶۴۰	۰/۰۰۱	۰/۳۶۳	۰/۳۲۷
Is5	-۰/۴۹۹	۰/۰۰۴	۰/۲۴۸	۰/۵۶۴

برخی از نشانگرها با بیش از یک صفت همبستگی داشتند که ارتباط یک نشانگر با بیش از یک صفت می‌تواند ناشی از اثرات پلیوتروپی و یا پیوستگی QTLهای مرتبط با هم در صفات مختلف باشد (۱۸،۸). اما برای آگاهی بیشتر از این رابطه، ایجاد یک جمعیت در حال تفرق و نقشه‌یابی لینکاژی آن می‌تواند مفید باشد (۹). اثر پلیوتروپیک زمانی رخ می‌دهد که یک ژن بتواند به‌طور هم‌زمان در بروز چندین صفت تاثیر داشته باشد، همچنین QTLهای مرتبط با همدیگر که صفات مختلف را کنترل می‌کنند نیز می‌توانند منجر به ایجاد یک نشانگر واحد شوند که با بیش از یک صفت همبستگی داشته باشد (۱۸)، بین این صفات نیز ممکن است همبستگی وجود داشته باشد و کاهش یا افزایش در هر کدام می‌تواند باعث کاهش یا افزایش دیگری شود (۱۹).

نتایج مطالعه حاضر و تحقیقات ذکر شده نشان می‌دهد که چنانچه از آغازگرهای بیشتری استفاده شود می‌توان به شناسایی نشانگرهایی که دارای همبستگی بالا با صفات زراعی باشند، امید داشت و از آن‌ها استفاده کرد. البته لازم است نشانگرهای شناسایی شده در جمعیت‌های بزرگ و همچنین در جمعیت‌های در حال تفرق آزمون شوند تا از پیوستگی آن‌ها با صفات مربوطه اطمینان حاصل شود و بدین ترتیب کارایی استفاده از این نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی افزایش یابد (۲).

مکان تکثیری UBC-869 با آماره‌های شاخص ایمنی اول، میانگین مربعات انحراف از رگرسیون، واریانس محیطی، ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون و ضریب تغییرات ژنوتیپی دارای همبستگی بود، لذا می‌توان نتیجه گرفت که

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

دارای اثرات پلیوتروپی می‌باشد. مکان تکثیری is5 با ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون، واریانس پایداری شوکلا، آماره پلاستید و پیترسون، اکووالانس ریک، میانگین مربعات انحراف از رگرسیون، شاخص برتری لین و بینز همبستگی داشت. مکان تکثیر شده‌ی is6 نیز با آماره پرکینز و جینکز پیوستگی داشت. مکان UBC-848 با ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون میانگین مربعات انحراف از رگرسیون و واریانس محیطی پیوسته بود، همچنین مکان UBC-869 با ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون و ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز ارتباط داشت.

میانگین مربعات انحراف از رگرسیون با مکان‌های تکثیری UBC-869، is5 و UBC-848، واریانس محیطی با مکان‌های UBC-869 و UBC-848، ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون با مکان‌های UBC- 869 و UBC-848 ارتباط داشتند. در مجموع مکان‌های UBC-848، UBC-869 و IS۵ با اکثر صفات بررسی شده ارتباط داشتند.

اکثر نشانگرهای تولیدی توسط آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق بر روی آماره‌های پایداری مطالعه شده موثر بودند. محل قرار گیری این نشانگرها در داخل ژنوم احتمالا مناطقی از ژنوم می‌باشد که کد کننده ژن‌های مربوط به صفات مورد نظر می‌باشد (۲۸). بعد از شناسایی نشانگرهای مولکولی که با آماره‌های پایداری درارتباط‌اند می‌توان از آن‌ها به‌عنوان معیارهای گزینش برای پایداری استفاده کرد. با هر صفت چندین نشانگر همبستگی نشان دادند. نشانگری که بالاترین R^2 changed و ضریب رگرسیون را داشته به‌عنوان موثرترین نشانگر در ارتباط با آن صفت در نظر گرفته می‌شود (۱۴). برای ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون، ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز و واریانس محیطی نشانگر UBC-869، برای شاخص سازگاری هندسی نشانگر is9، برای آماره MBIW، ضریب تغییرات و ضریب تشخیص نشانگر is13، برای آماره‌های پایداری پیفو و لوتیتو، واریانس پایداری شوکلا، آماره پرکینز و جینکز، اکووالانس ریک و آماره پلستید و پیترسون نشانگر is6، برای شاخص برتری لین و بینز نشانگرis5، برای شاخص ایمنی اول نشانگر is16، برای مجموع ضرایب مولفه اثر متقابل نشانگر is5 و برای میانگین مربعات انحراف از رگرسیون نشانگر UBC-864، به‌عنوان موثرترین نشانگر شناسایی شدند. بیشترین تعداد نشانگر مثبت برای آماره‌های ضرایب رگرسیون فینلی و ویلکینسون، پرکینز و جینکز، شاخص ایمنی اول شناسایی شد در ضمن تعداد نشانگرهای موثر در این صفات نیز یکسان بودند. تجزیه رگرسیونی چند متغیره یک روش مناسب و سریع برای یافتن رابطه بین صفات و نشانگرها می‌باشد. نشانگرهایی که در این مطالعه با صفات همبستگی نشان دادند می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی MAS به کار روند. از مزایای بارز این روش این است که می‌تواند مکان‌های صفات کمی (QLT) را ردیابی کند، همچنین نیاز به زمان و هزینه کمتری دارد و به تشکیل جمعیت جهت نقشه‌یابی نیاز ندارد. انتخاب نتاج برتر از نظر صفات مهم، کاری دشوار می‌باشد اما با شناسایی نشانگرهای وابسته به صفت می‌توان نتایج برتر را در مراحل اولیه رشد آن‌ها شناسایی کرد (۲۸).

با توجه به نتایج مطالعه حاضر، می‌توان نتیجه گرفت که نشانگرهای مرتبط شناسایی شده می‌توانند راهنمای خوبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار در گندم نان باشند. در برنامه‌های اصلاحی تعیین ژنوتیپ‌های پایدار معمولا وقت و هزینه زیادی می‌طلبد. با این حال، نشانگرهای مرتبط شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بخصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آن‌ها مانند نقشه لینکاژی در دسترس نیست مفید باشد. همچنین، این نشانگرها می‌توانند در انتخاب والدین مناسب برای تولید جمعیت جهت نقشه‌یابی و تولید ارقام هیبرید به کار روند.

منابع

1. Ahangari, A., M. Rasoli and M. Naderi. 2009. Evaluation of effective traits in drought stress resistance in wheat. Agricultural Proceedings Agricultural and Plant Breeding, Markazi Province Agricultural Jihad Organization (In Persian).
2. Abdollahi Mandolkani, B. and H. Azizi. 2014. Association analysis of morphologic traits with by inter-simple sequence repeat markers in Alfalfa (*Medicago sativa* L.). Journal of Cellular and Molecular Research, 27(2): 260-268 (In Persian).
3. Azizi, H., A., Bernosi, B. Abdollahi Mandolkani and R. Darvish zadeh. 2011. Study of genetic diversity and structure of Alfalfa(Medicago sativa L.) populations using the inter-simple sequence repeat markers. New Genealogy Journal, 6(4): 61-69 (In Persian).
4. Ashraf, M. and P.J. Harris 2005. Abiotic stresses: plant resistance through breeding and molecular approaches. Food Products Press. USA. Binghamton, 725 pp.
5. Briggle, L. and B. Curtis. 1987. Wheat worldwide. Wheat and wheat improvement. 1-32.
6. Gebhardt, C., A. Ballvora, B. Walkemeier, P. Oberhagemann and K. Schüler. 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.
7. Carvalho, A., M. Matos, J. Lima-Brito, H. Guedes-Pinto and C. Benito. 2005. DNA fingerprint of F_1 interspecific hybrids from the Triticeae tribe using ISSRs. Euphytica, 143: 93-99.
8. Culp, T., D. Harrell and T. Kerr. 1979. Some genetic implications in the transfer of high fiber strength genes to upland cotton. Crop Science, 19: 481-484.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

9. Ebrahimi, A., M. Naghavi, M. Sabokdast and S.S.A. Moradi. 2011. Association analysis of agronomic traits with microsatellite markers in Iranian barley landraces barley. Modern Genetics Journal, 6(1): 35-43.
10. Gomez, K.A. and A.A. Gomez. 1984. Statistical procedures for agricultural research. John Wiley and Sons. Science, 680 pp.
11. Huang, J. and M. Sun. 2000. Genetic diversity and relationships of sweetpotato and its wild relatives in Ipomoea series Batatas (Convolvulaceae) as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) and restriction analysis of chloroplast DNA. Theoretical and Applied Genetics, 100: 1050-1060.
12. Inostroza, L., A. del Pozo, I. Matus, D. Castillo, P. Hayes, S. Machado and A. Corey. 2009. Association mapping of plant height, yield and yield stability in recombinant chromosome substitution lines (RCSLs) using Hordeum vulgare subsp. spontaneum as a source of donor alleles in a Hordeum vulgare subsp. vulgare background. Molecular Breeding, 23: 365-376.
13. Jabbarzadeh, Z., M. Khosh-Khui, H. Salehi and A. Saberivand .2013. Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as reproducible and specific tools for genetic diversity analysis of rose species. African Journal of Biotechnology, 9: 6091-6095.
14. Kar, P.K., P.P. Srivastava, A.K. Awasthi and S.R. Urs. 2008. Genetic variability and association of ISSR markers with some biochemical traits in mulberry (Morus spp.) genetic resources available in India. Tree Genetics and Genomes. 4: 75-83
15. Khaled, A.G.A., M.H. Motawea and A.A. Said. 2015. Identification of ISSR and RAPD markers linked to yield traits in bread wheatunder normal and drought conditions. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology.
16. Kraakman A.T., R.E. Niks P.M. Van den Berg P. Stam and F.A. Van Eeuwijk. 2004. Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars. Genetics, 168: 435-446.
17. Li, Q., Q.C. Liu, H. Zhai, D.F. MA, X. Wang, X.Q. Li and Y.P. Wang. 2008. Genetic diversity in main parents of sweetpotato in China as revealed by ISSR markers. Acta Agronomica Sinica, 34: 972-977.
18. Meredith, W.R. and R. Bridge. 1971. Breakup of linkage blocks in cotton, Gossypium hirsutum L. Crop Science, 11: 695-698.
19. Miletic, R., M. Zikic, N. Mitic and R. Nicolic. 2005. Pomological characteristic of superior selections of European filbert (*C. avellana* L.). Genetica. 37: 103-111.
20. Motawea, M., A. Said and A. Khaled. 2015. ISSR Markers-Trait Associations and Stability. Plant Breeding Biotechnology, 3(2): 167-177.
21.Mohammadi M., R. Karimizadeh, N. Sabaghnia and M.K. Shefazadeh. 2012a. Genotype -Environment Interaction and Yield Stability Analysis of New Improved Bread Wheat Genotypes. Turkish Journal of Field Crops, 17: 67-73.
22. Najaphy, A., R.A. Parchin and E. Farshadfar. 2012. Comparison of phenotypic and molecular characterizations of some important wheat cultivars and advanced breeding lines. Australian Journal of Crop Science, 6: 326.
23. Pritchard, J.K., M. Stephens and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155: 945-959.
24. Razeghi yadak, F., SH. Haidari and K. Sori. 2010. Effect of drought stress on activity of acid and alkaline phosphatase in seed embryonic axis of two bread wheat cultivars in early stages of germination. Journal of Iranian Crop Science, 41(2): 385-393 (In Persian).
25. Rakshit S., K. Ganapathy, S. Gomashe, A. Rathore, R. Ghorade, M.N. Kumar, K. Ganesmurthy, S. Jain, M. Kamtar and J. Sachan. 2012. GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. Euphytica, 185: 465-479.
26. Rosegrant, M. and M. Agcaoili. 2010. Global food demand, supply, and price prospects to 2010. International Food Policy Research Institute, Washington, DC USA.
27. Semagn, K., Å. Bjørnstad and M. Ndjiondjop. 2006. An overview of molecular marker methods for plants. African Journal of Biotechnology, 5(25): 2540-2568.
28. Virk, P., B. Ford-Lloyd, M. Jackson, H. Pooni, T. Clemeno and H. Newburry. 1996. Marker-assisted prediction of agronomic traits using diverse rice germplasm. 1995. Third International Rice Genetics Symposium, Manila (Philippines). International Rice Research Institute.
29. Vaillancourt, A., K. Nkongolo, P. Michael and M. Mehes. 2008. Identification, characterisation, and chromosome locations of rye and wheat specific ISSR and SCAR markers useful for breeding purposes. Euphytica, 159(3): 297-306.
30. Wang, L.X., H.B. Li, T.C. Gu, L.H. Liu, B.S. Pang, J. Qiu and C.P. Zhao. 2014. Assessment of wheat variety stability using SSR markers. Euphytica, 195(3): 435-452.
31. Wolff, K. and M. Morgan-Richards. 1998. PCR markers distinguish Plantago major subspecies. Theoretical and Applied Genetics, 96(2): 282-286.
32. Zietkiewicz, E., A. Rafalski and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics, 20(2): 176-183.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]

Association Analysis for Stability Parameters in Bread Wheat Using ISSR Markers

Anita Yaghotipoor[1], Ezatollah Farshadfar[2] and Mohsen Saeidi[3]

1 and 3- PhD Student, Associate Professor, College of Agriculture, Razi University, Kermanshah
2- Professor, College of Agriculture, Razi University, Kermanshah
(Corresponding author: e_farshadfar@yahoo.com)
Received: July 5, 2016 Accepted: July 1, 2017

Abstract

Intersimple sequence repeat (ISSR) markers were evaluated in order to identify informative markers associated with drought tolerance indices in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Eighteen ISSR primers amplified 92 loci among 20 bread wheat genotypes. Polymorphic information content (PIC) ranged from 0.46 (UBC-857, UBC-864, UBC-867, is9) to 0.21 (is7), with an average of 2.05. Stepwise regression analysis between molecular data as independent variable, and parametric stability statistics as dependent variables was performed to identify informative markers associated with the parametric stability statistics. Most of the used ISSR primers showed significant association with the parametric stability statistics. Stability statistics included Finlay and Wilkinson's coefficient of regression, Perkins and Jinks's coefficient of regression, MBIW, Lin and Binns's superiority index, SFi and $NP^{(2)}_i$ were explained by more primers. ISSR markers, UBC-848, UBC-869 and is5 showed the most association with stability statistics. It is possible to use these markers along with stability statistics in wheat breeding programs for identification of stable genotypes and suitable parents to produce mapping populations. Also, these results could be useful in marker- assisted breeding programs when no other genetic information is available. Some of ISSR markers were associated with more than one trait in multiple regression analysis. Such an association may arise due to pleiotropic effect of the linked quantitative trait locus (QTL) on different traits.

Keywords: Association analysis, Bread wheat, ISSR markers, Parametric stability, Statistics

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.153]