دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

نقشه‌یابی QTLهای متحمل به شوری در نتاج حاصل از تلاقی ارقام گاسپارد و خارچیا در گندم نان

جمیله عابدی[۱]، امین باقی‌زاده[۲] و قاسم محمدی نژاد[۳]

۱- کارشناسی ارشد، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران
۲- گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران
(نویسنده مسوول: amin_4156@yahoo.com)
۳- گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
تاریخ دریافت: ۹۴/۲/۲۲ تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۰/۲۳

چکیده

به‌منظور مکان‌یابی QTLهای مرتبط با تحمل به شوری و تعیین سهم هر QTL در تنوع فنوتیپی در شرایط مزرعه جمعیتی شامل ۹۶ خانواده $F_{2:3}$ حاصل از تلاقی ارقام خارچیا (والد متحمل) و گاسپارد (والد حساس) طی ۲ سال ارزیابی شدند. از میان ۹۲ نشانگر ریز ماهواره برای ارزیابی والدین، ۳۲ نشانگر حالت چند شکلی داشتند که برای تجزیه استفاده گردیدند. بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب سه عدد QTL برای صفت ارتفاع گیاه بر روی کروموزوم‌های 7D، 3B و 4B مکان‌یابی گردید که در مجموع این QTLها ۳۷ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. سه عدد QTL نیز برای صفت اندازه گیاهچه بر روی کروموزوم‌های 7B و 7D یافت شد که جمعاً ۳۸ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه می‌کردند. برای هریک ازصفات تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن دانه سنبله اصلی دو عدد QTL بر روی کروموزوم 7D و برای صفت تعداد کل دانه نیز دو عدد QTL بر روی کروموزوم 4B شناسایی گردید. یک عدد QTL نیز برای هر کدام از صفات تعداد میانگره و طول میانگره بر روی کروموزوم 7D یافت شد که به ترتیب۱۲ و ۱۱ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه می‌کردند. برای هر یک از صفات تعداد سنبلچه، پنجه بارور و طول سنبله نیز یک عدد QTL بر روی کروموزوم 4B یافت شد که هر یک ۱۲ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. تجزیه ژنتیکی صفات پیچیده از قبیل تحمل به شوری و شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی امکان انتخاب به کمک نشانگر را فراهم کرده و نهایتاً سبب بهبود کارایی گزینش می‌شود.

واژه‌های کلیدی: تنش شوری، گندم نان، نشانگرهای SSR، QTL

مقدمه

گندم نان (*T. aestivum*) از مهم‌ترین محصولات جهان بوده و در مناطق خشک و نیمه خشک قوت غالب مردم را تشکیل می‌دهد. در این مناطق کمبود آب به‌عنوان عامل اصلی و شوری خاک عامل ثانویه کاهش رشد گیاه و عملکرد دانه به شمار می‌رود (۲۵). بیش از ۶ درصد از اراضی جهان و حدود ۵۰ درصد از اراضی آبی دنیا دارای مشکل شوری هستند (۹). در ایران نیز مساحت اراضی شور بالغ بر ۱۸/۵ میلیون هکتار است (۳۱). با توجه به اینکه منابع آبی با کیفیت مطلوب برای آبیاری محصولات در جهان محدود است، لذا استفاده از آب‌های شور و نیمه‌شور برای کشاورزی اجتناب‌ناپذیر می‌باشد و در چنین شرایطی، یکی از عوامل مؤثر در تولید و بهره برداری از خاک و آب شور، استفاده از ارقام گیاهی متحمل به شوری است. شواهد و مدارک زیادی در مورد تأثیر شوری بر رشد و عملکرد گیاهان زراعی و شناسایی ژنوتیپ‌های جدید گیاهی که دارای تحمل بالا به شوری باشند (مخصوصا" گندم نان) وجود دارد (۵، ۲۴، ۲۶، ۲۹). اما تحمل به شوری یک صفت کمی و متأثر از ساز و کارهایی است که شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شوری نان را بسیار دشوار نموده است (۱). اصلاح تحمل به شوری توسط محققین زیادی مطالعه شده است (۳۰،۲۷،۱۰). موفقیت‌های بدست آمده در گذشته به دلیل پیچیدگی کار برای اصلاح، فقدان احساس ضرورت و فوریت واقعی برای اصلاح آن، تنوع ژنتیکی ناکافی برای تحمل به شوری، پیچیدگی اثرات متقابل شوری با عوامل محیطی و فقدان تکنیک‌های گزینشی کارا چندان قابل توجه نبوده است (۲۷،۹،۸). ولی در حال حاضر با پیشرفت‌هایی که در اصلاح ارقام، تکنیک‌های ارزیابی (۱۲)، بهبود توارث ژنتیکی (۲۰،۱۱)، استفاده از نشانگرهای مولکولی و روش‌های مکان‌یابی (۱۷،۱۶،۱۵) انجام گرفته است، پیشرفت اصلاح برای تحمل به شوری و سایر تنش‌های غیرزنده تسهیل شده است. توسعه نشانگرهای مولکولی و تهیه نقشه‌های ژنتیکی در گندم، مکان‌یابی ژن‌های کنترل کننده صفات کمی را امکان‌پذیر و استفاده از آن‌ها را در برنامه‌های گزینش به کمک مارکر[۱] فراهم کرده است (۴،۲). نشانگرهای میکروساتلیت[۲] یا توالی‌های ساده تکراری به دلیل پلی مورفیسم بالا، همبارز بودن، مکان کروموزومی مشخص، قرار گرفتن در نواحی غیرکد شونده، سادگی و هزینه نسبتاً پایین، کاربرد بسیار زیادی در تهیه نقشه‌های لینکاژی داشته‌اند. لانگ و همکاران (۱۹) با نشانگرهای SSR و خانواده‌های F_3 پرنج توانستند پیوستگی معنی‌داری بین نشانگر RM223 و QTL[۳] مربوط به تحمل شوری در کروموزوم شماره یک بیابند که به ترتیب ۹۲ و ۸۲ درصد تنوع فنوتیپی در مرحله رویشی و زایشی به این مکان ژنی نسبت داده شده است. دیازدلئون و همکاران (۶) در مکان‌یابی QTLهای متحمل به شوری در گندم نان در شرایط مزرعه در جمعیت نقشه‌یابی حاوی ۱۱۴ اینبرد نوترکیب (RIL[۴]) حاصل از تلاقی opta85 و synthetic hegxaploid w7984، حدود سی و شش عدد QTL در شرایط شور ($EC=12\ ds\ m^{-1}$) و بیست و دو عدد QTL تحت شرایط نرمال ($EC=1\ ds\ m^{-1}$) شناسایی نمودند. آن‌ها QTL کنترل‌کننده صفت زمان رسیدگی را بر روی کروموزوم 5A شناسایی کردند. مگان و همکاران (۲۲) نیز در بررسی خود بر روی لوکوس دفع Na^+ به‌عنوان صفتی برای

1- Marker assisted selection 2- Microsatellite, simple sequence repeat (SSR) 3- Quantitative Trait Locus
4- Recombinant Inbred Lines

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]
[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

تحمل شوری در گندم دوروم، مکان دفع Na^+ را با استفاده از روش مکان‌یابی QTL و نشانگرهای AFLP[1]، RFLP[2] و SSR بر روی کروموزوم ۲A با LOD[3] برابر با ۷/۵ نقشه یابی‌کردند. در کل به دلیل پیچیدگی ژنوم گندم هگزاپلوئید، اثر متقابل با محیط و وابستگی QTLها به ساختار ژنتیکی جمعیت، مطالعات بیشتری باید صورت می‌گرفت تا بتوان با مقایسه نقشه‌های مختلف با قطعیت مکان QTLها را شناسایی نمود. هدف مطالعه حاضر مکان‌یابیQTLهای برخی از صفات زراعی گندم نان در نسل $F_{2:3}$ نتایج حاصل از تلاقی ارقام گاسپارد و خارچیا در گندم نان تحت شرایط شوری و تعیین سهم هر یک از این نشانگرها در توجیه تنوع فنوتیپی صفات مذکور بود.

مواد و روش‌ها

بررسی فنوتیپی

در این آزمایش از تلاقی رقم متحمل خارچیا و رقم حساس گاسپارد گندم نان استفاده شد. این آزمایش در سال زراعی ۸۹–۱۳۸۸ در مزرعه‌ای واقع در اختیارآباد کرمان انجام شد. این مزرعه در ۱۷ کیلومتری کرمان واقع شده و خاک آن دارای بافت لومی رسی است. میزان شوری آب و خاک منطقه به ترتیب برابر ۱۰ و ۸/۲ دسی‌زیمنس بر متر بوده است. عملیات تهیه زمین شامل شخم پاییزه، دیسک، کوددهی و تهیه ردیف‌های کاشت بود. والدین و بذور تک بوته F_2 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار در شرایط مزرعه کشت و در نهایت صفات اندازه گیاهچه، تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن دانه سنبله اصلی، تعداد کل دانه در بوته، تعداد پنجه بارور، ارتفاع بوته، تعداد میانگره، طول میانگره، طول سنبله، و تعداد سنبلچه مورد ارزیابی قرار گرفتند.

ارزیابی ژنوتیپی

نمونه‌های برگی از ۹۶ تک‌بوته F_2 حاصل از تلاقی ارقام گاسپارد و خارچیا تهیه شد. DNA ژنومی طبق روش دلاپورتای تغییریافته از برگ‌های جوان استخراج شد و کمیت و کیفیت DNA ژنومی با استفاده از ژل آگارز ۰/۶ درصد و اسپکتروفتومتری تعیین شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از دستگاه ترموسایکلر اپندورف[4] در حجم۱۰میکرولیتر و با غلظت DNA ، ۲ نانوگرم بر میکرولیتر انجام گردید. به منظور تکثیر قطعات DNA چرخه های PCR به شرح زیر انجام شد: بعد از ۵ دقیقه واسرشت‌سازی در دمای ۹۴°C، ۳۵ چرخه شامل: یک دقیقه در دمای ۹۴°C، ۴۵ ثانیه در دمای اتصال مربوط به هر پرایمر، یک دقیقه در دمای ۷۲ C° و بسط نهایی ۵ دقیقه در دمای ۷۲ C° انجام شد. محصولات PCR در ژل پلی اکریل آمید ۸٪ تفکیک شده و سپس توسط نیترات نقره رنگ آمیزی شدند. آغازگرها از نقشه‌های ریزماهواره ارایه شده توسط سایر محققین و همچنین از سایت گرامینه انتخاب شدند (۲۸). در مجموع ۹۲ جفت آغازگرSSR به‌منظور بررسی چندشکلی والدین مورد استفاده قرار گرفتند که تعداد ۳۲ نشانگر چند شکل (جدول ۱) الگوی نواربندی متفاوتی برای دو والد، نشان دادند. در مرحله بعد نمونه‌های DNA افراد با استفاده از ۳۲ جفت آغازگر فوق تکثیر شدند و فرآورده‌های حاصل به‌منظور تعیین ژنوتیپ افراد، الکتروفورز شدند.

تجزیه آماری

برای تجزیه‌ی آماری نشانگرهای SSR، امتیازدهی به باندهای واضح به صورت کمی (حضور و عدم حضور و دو باندی بودن) به ترتیب (A، B و H) نشان داده شد و برای ۳۲ آغازگر مورد استفاده ماتریس مربوطه تشکیل گردید.

ترسیم نقشه‌ی پیوستگی و تجزیه QTL

برای ترسیم نقشه‌ی لینکاژی ابتدا ماتریسی (دارای ۹۶ سطر و ۳۲ ستون که شامل ۹۶ خانواده F3 و ۳۲ نشانگر چندشکل) براساس وضعیت قرار گرفتن آلل‌های نشانگری در والدین به صورت حروف A، B و H که قابلیت استفاده و اجرا در MapManager و QGene را دارند تهیه و سپس نقشه لینکاژی آن ترسیم شد و فاصله ژنومی (سانتی‌مورگان) با استفاده از تابع کوزامبی با فاصله کمتر از 50 سانتی‌مورگان محاسبه گردید. نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) برای داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی ۹۶ تک بوته صورت گرفت. پیمایش برای یافتن QTL با استفاده از نرم‌افزارهای QTL Cartographe و QGene در سطح احتمال ۱ درصد و با در نظر گرفتن LOD آستانه‌ی نرم‌افزار که براساس چرخش داده‌ها با توزیع تجربی داده‌ها بدست می‌آید و نقشه‌یابی QTL به وسیله‌ی برنامه QTL Cartographer و با استفاده از روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام گرفت. مکان‌یابی QTLها براساس پویش ۲ سانتی‌مورگان در نظر گرفته شد. تجزیه QTL برای همه صفات مورد بررسی به طور جداگانه صورت پذیرفت. نهایتاً تجزیه QTL، تعداد و مکان QTLهای موجود برای هر صفت، میزان اثر هر QTL (میزان تنوع توجیه شده توسط هر QTL شناسایی شده) و نوع عمل QTL را در اختیار قرار داد.

1- Amplified fragment Length Polymorphism 2- Restriction Fragment Length Polymorphism 3- Logarithm of odds
4- Eppendorf

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

جدول ۱- نشانگرهای ریزماهواره، دمای اتصال، مکان کروموزومی و طول قطعه نشانگرهای چندشکل در سطح والدین مورد استفاده در گندم نان

Table 1. SSR markers, annealing temperature, chromosomal location and fragment length in polymorphism markers on parents in bread wheat genotypes

نشانگر ریزماهواره	دمای اتصال (درجه سانتی‌گراد)	توالی تکراری(موتیف)	مکان کروموزومی	طول قطعه
Xgwm6	55	(GA)40	4B	196-207bp
Xgwm44	60	(GA)28	7D	176-178bp
Xgwm46	60	(GA)2GC(GA)33	7B	176-179bp
Xgwm102	60	(CT)15	2D	145-153bp
Xgwm114	60	(GA)53	3B	142-168bp
Xgwm148	55	(CA)22	2B	152-167bp
Xgwm186	60	(GA)26	5A	106-132bp
Xgwm249	55	(GA)11(GGA)8	2D	150-154bp
Xgwm251	55	(CA)28	4B	109-110bp
Xgwm257	60	(GT)30	2B	190-192bp
Xgwm261	55	(CT)21	2D	164-194bp
Xgwm271	60	(CT)4imp(GA)10	5D	179bp
Xgwm274	50	(GT)27	1B, 7B	177-184bp
Xgwm285	60	(GA)27	3B	222-227bp
Xgwm295	60	(GA)25	7D	254-258bp
Xgwm297	55	(GT)12(GA)18	7B	150-168bp
Xgwm320	55	(GT)9(GA)15	2D	226bp
Xgwm332	60	(GA)36	7A	290-211bp
Xgwm340	60	(GA)26	3B	159bp
Xgwm350	55	(GT)14	7A	209-215bp
Xgwm368	60	(AT)25	4B	259-271bp
Xgwm400	60	(CA)21	7B	143-150bp
Xgwm408	55	(CA)>22(TA)(CA)7(TA)9	5B	148-182bp
Xgwm428	60	(GA)22	7D	133-137bp
Xgwm437	50	(CT)24	7D	109-111bp
Xgwm484	55	(CT)29	2D	43-153bp
Xgwm495	60	(GA)20	4B	160-178bp
Xgwm539	60	(GA)27	2D	143-157bp
Xgwm565	60	(CA)10	5D	142-150bp
Xgwm601	60	(CT)17	4A	142-152bp
Xgwm608	60	(GA)16	4D	144-151bp
Xgwm613	60	(CT)23	6B	114-118bp

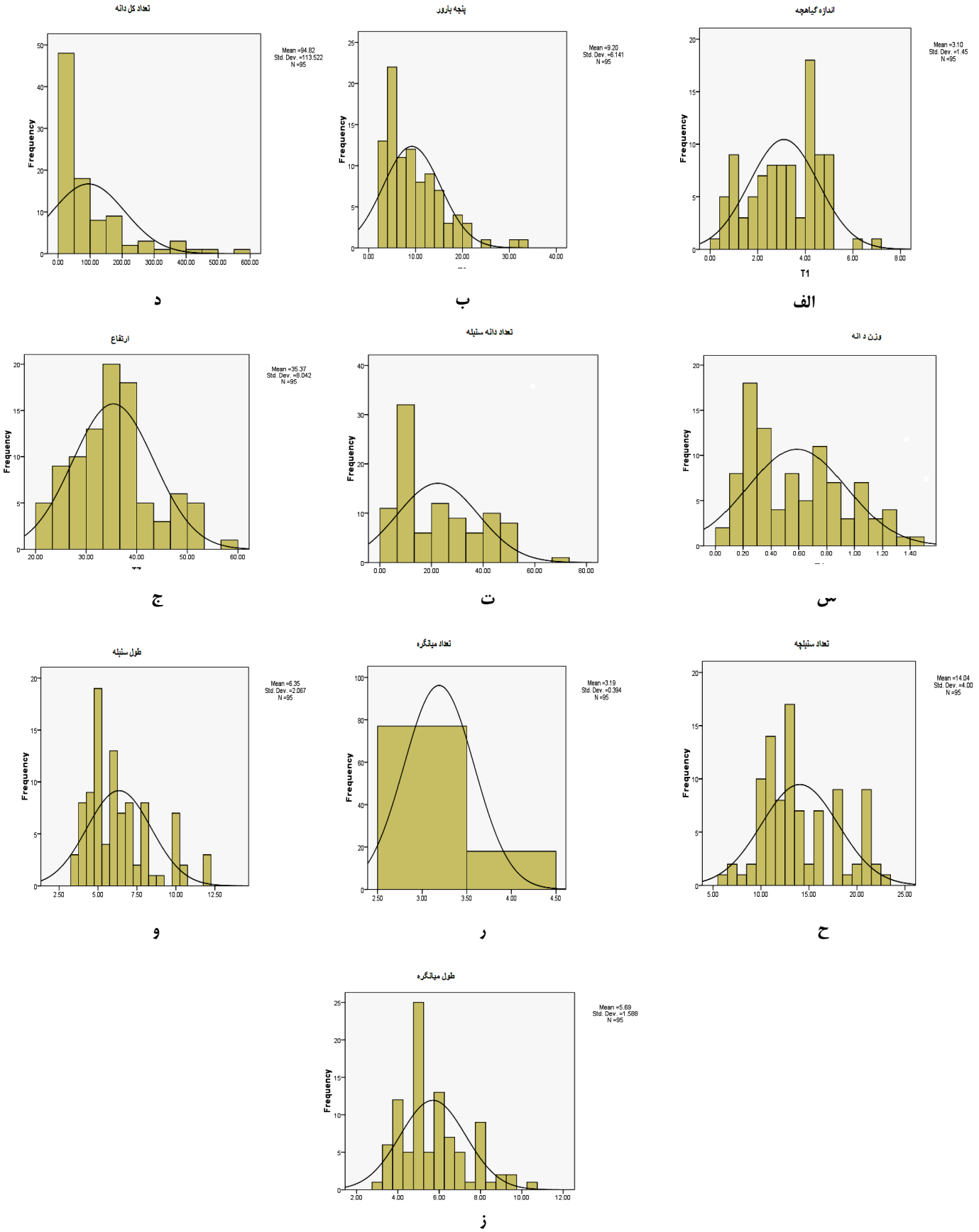
نتایج و بحث

نتایج ارزیابی فنوتیپی

پراکنش صفات در خانواده F_3 نشان داد که صفات مورد مطالعه دارای توزیع نرمال هستند (شکل ۱)، توزیع فنوتیپی پیوسته و نرمال صفات اندازه‌گیری شده در جامعه مورد مطالعه حاکی از وجود وراثت پلی‌ژنیک در صفات مورد بررسی است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]



شکل ۱- توزیع فراوانی صفات زراعی در شرایط تنش شوری در نسل F_3، (الف) اندازه گیاهچه، (ب)تعداد پنجه بارور، (د) تعداد کل دانه، (س) وزن دانه سنبله ، (ت) تعداد دانه در سنبله ، (ج) ارتفاع گیاه، (ح) تعداد سنبلچه، (ر) تعداد میانگره، (ج) طول‌سنبله. (ز) طول میانگره،

Figure 1. Frequency distribution of agronomic traits in conditions of salinity stress in F3 generation, (A) Seedling size, (B) Number of fertile tillers, (D) Total number of seeds, (S) Grain weight per spike, (T) Number of seeds per spike, (K) Hight Plant, (H) Number of spikelets (R) Number of internodes, (J) Spike length. (Z) Internode length.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

نتایج تجزیه QTL

نتایج تجزیه QTL به روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب برای صفاتی که QTL در آنها مشاهده شده در جدول (۲) خلاصه شده است. شکل (۲) نمونه‌ای از QTLهای مکان‌یابی شده در برخی کروموزم‌ها را برای صفت تعداد کل دانه نشان می‌دهد. برای صفت اندازه گیاهچه تحت شرایط مزرعه سه عدد QTL مشاهده که ۲ تای آن بر روی کروموزوم ۷D و یکی نیز بر روی کروموزوم ۷B یافت شد که در مجموع ۳۸ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. مانو و همکاران (۲۱) QTLهای کنترل‌کننده تحمل به شوری در مرحله گیاهچه را در جو به ترتیب با دو، پنج، شش و هفت عدد QTL بر روی کروموزوم‌های ۲H، ۱H، ۶H و ۵H در لاین

دابل هاپلوئید Steptoe/Morex و هفت عدد QTL بر روی کروموزوم ۵H در لاین دابل هاپلوئید Harrington/TR306 گزارش کرده‌اند. برای صفت تعداد سنبلچه یک عدد QTL بر روی کروموزوم ۴B و در فاصله بین دو نشانگر xgwm251 و xgwm368 یافت شد که ۱۲ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کرد. برای صفت تعداد کل دانه نیز دو عدد QTL بر روی کروموزوم ۴B یافت شد که ۲۵ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. برای صفت ارتفاع بوته سه عدد QTL به ترتیب بر روی کروموزوم‌های ۷D، ۴B و ۳B یافت شد که جمعاً ۳۷ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. برای صفت پنجه بارور یک عدد QTL بر روی کروموزوم ۴B یافت شد که ۱۲درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کرد. دیازدلئون و همکاران (۶) در مکان‌یابی QTLهای متحمل به شوری در گندم نان در شرایط مزرعه در ۱۱۴ جمعیت ریل (RIL) حاصل از تلاقی opta85 و synthetic hegxaploid w7984 QTLی برای تعداد پنجه و تعداد دانه بر روی بازوی بزرگ کروموزوم ۲D تحت شرایط نرمال ($EC=1\ ds\ m^{-1}$) پیدا کردند که ۱۷ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کرد و تحت تنش شوری نیز QTLهایی بر روی کروموزوم‌های مختلف شناسایی کردند. آن‌ها برای تعداد سنبلچه، QTLهایی بر روی کروموزوم‌های ۴A، ۶A، ۲D و برای صفت تعداد دانه در بلال دو عدد QTL بر روی کروموزوم‌های ۴A، ۷B شناسایی کردند. لیودانگ و همکاران (۷) در شرایط تنش خشکی با بررسی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفت ارتفاع گیاه هفت عدد QTL مطلوب تأثیرگذار ارتفاع گیاه را به ترتیب روی کروموزوم‌های ۴B، ۱B(دو ناحیه)، ۶A (دو ناحیه)، ۶D و ۷A تشخیص دادند که تنوع فنوتیپی توسط هر QTL از ۵/۲ تا ۵۰/۱ درصد متغیر بود که در مطالعه حاضر نیز بر روی کروموزوم ۴B QTLی شناسایی گردید. برای صفت طول سنبله یک عدد QTL بر روی کروموزوم ۴B با تغییرات فنوتیپی ۱۲ درصد یافت شد. محمدی و همکاران (۲۳) در نقشه‌یابی QTLهای صفات مورفولوژیکی گندم با ۱۴۴ لاین اینبرد نوترکیب برای صفت طول خوشه دو عدد QTL بر روی کروموزوم‌های D ۲و ۶B شناسایی کردند. برای هر یک از صفات تعداد میانگره و طول میانگره یک عدد QTL بر روی کروموزوم ۷D یافت شد که به ترتیب ۱۲ و ۱۱ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. بورنر و همکاران (۳) برای مکان‌یابی QTLهای مربوط به صفات مهم زراعی گندم نان در یک جمعیت شامل ۱۱۴ لاین اینبرد نوترکیب (RIL) در چند محیط مختلف، برای طول آخرین میانگره تنها یک عدد QTL بر روی کروموزوم ۲B پیدا کردند. برای وزن دانه سنبله دو عدد QTL بر روی کروموزوم ۷D یافت شد که ۲۴ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کرد. ده عدد QTL مؤثر بر وزن دانه بر روی کروموزوم‌های ۶B، ۵B، ۴B، ۳B، ۲B، ۲A، ۱A، ۷B با مطالعه‌ی مکان‌های‌ژنی کنترل‌کننده صفات کمی مرتبط با وزن دانه و آزمون وزن در گندم دوروم توسط هوشمند و همکاران (۱۴) گزارش شده است. همچنین کومار و همکاران (۱۸) برای وزن دانه یک عدد QTL روی هر کدام از بازوهای کرموزوم BS2، AS1 و AS7 بر روی گندم یافتند. برای صفت تعداد دانه در سنبله دو عدد QTL بر روی کروموزوم۷D یافت شد که ۲۳ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند. گوپتا و همکاران (۱۳) چهار عدد QTL روی کروموزوم‌های ۲A، ۴B و ۷A برای تعداد دانه هر سنبله در تلاقی PH132×WL711 گندم نان گزارش کردند. نتایج نشان داد که جمعیت حاصل از تلاقی ارقام گاسپارد × خارچیا برای شناسایی QTLهای گندم یک جمعیت در حال تفرق مناسب به شمار می‌رود. جایگاه مشترک برخی از QTLهای مکان‌یابی شده بیانگر پیوستگی ژنی یا اثر پلیوتروپیک است، در نتیجه در گزینش بر اساس صفات مورد بررسی باید جهت همبستگی آن‌ها مدنظر قرار گیرد. در مجموع با توجه به نتایج این پژوهش استنباط می‌شود از بین مکان‌های ژنی مطرح شده، QTLهای شناسایی شده بر روی کروموزوم ۷D نقش عمده‌ای در کنترل تحمل به شوری در گندم نان را دارند. با بررسی نزدیکترین نشانگرها به این QTLها از جمله Xgwm437 در جوامع بزرگ با زمینه‌های ژنتیکی متفاوت که برای این صفات تفکیک نشان می‌دهند و داده‌های فنوتیپی دقیق دارند و همچنین آزمون آن‌ها برای ارقام شناخته شده حساس و متحمل به شوری و همچنین لحاظ نمودن مکان‌های ژنی مؤثر بر این ویژگی‌ها، می‌توان آن‌ها را جهت استفاده در برنامه‌های گزینش به کمک نشانگر پیشنهاد داد.

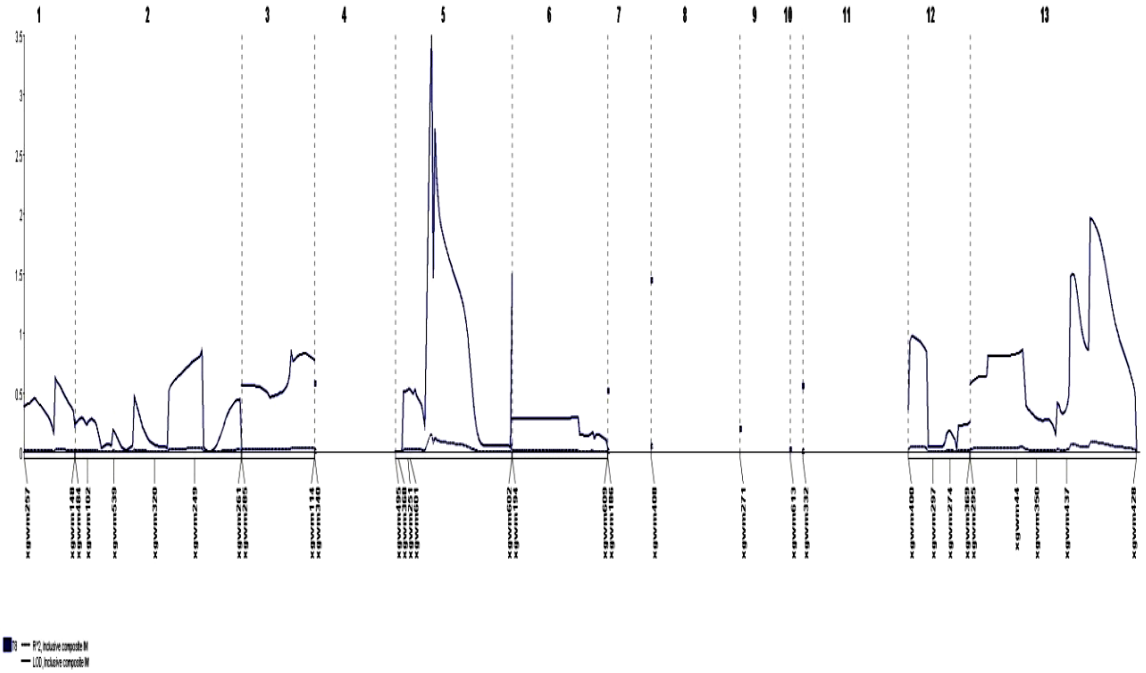
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

جدول ۲- QTLهای شناسایی شده به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب برخی از صفات زراعی جمعیت نسل سوم تحت شرایط تنش شوری در گندم نان

Table 2. Identified QTLs by mapping composite interval method for some agricultural traits in the third -generation plants under salinity stress conditions in bread wheat

QTL	اثر غالبیت	اثر افزایشی	R^2	کروموزوم	LOD	موقعیت	صفت
QSS-7B-1	۳۵/۱۷۸	−۶۸/۱	۰/۱۲	7B	۲/۶	۲	اندازه گیاهچه
QSS-7D-1	−۳/۹۸	۱/۳۸۶	۰/۱۳	7D	۲/۹	۵۲	
QSS-7D-2	−۲/۲۵۶	۰/۵۱۹	۰/۱۳	7D	۲/۹	۶۲	
QHP-7D-1	−۸۰/۶۴	۱۵۱/۳۴	۰/۱۱	7D	۲/۵	۲	ارتفاع گیاه
QHP-4B-1	۲/۲۷	−۴/۱۷	٪۱۳	4B	۳/۰	۱۴۲	
QHP-3B-1	−۵۸۲/۹۰	۲۹۸/۱۵	٪۱۳	3B	۲/۸	۶۰	
QNOS-4B-1	۱/۱۸	−۱/۹۸	۰/۱۲	4B	۲/۶	۱۴۲	تعداد سنبلچه
QSL-4B-1	۰/۶۱۶	−۱/۰۲	۰/۱۲	4B	۲/۷	۱۴۲	طول سنبله
QNOI-7D-1	−۰/۲۷	−۰/۰۴	۰/۱۲	7D	۲/۶۷	۲۰۲	تعداد میانگره
QIL-7D-1	−۱۰۲/۵۲	−۰/۲۴	۰/۱۱	7D	۲/۵۰	۱۴۶	طول میانگره
QNOFT-4B-1	−۲۲/۲۴	۱۲/۱۸	۰/۱۲	4B	۲/۶	۴۴	تعداد پنجه بارور
QTNOS-4B-1	−۷۹۲/۲۶	۳۲۳/۱۰۵	۰/۱۳	4B	۳/۰۰	۴۲	تعداد کل دانه
QTNOS-4B-2	۷۰۴۰/۹۱	۱۵۰۳/۵۴	۰/۱۲	4B	۲/۶۵	۴۸	
QGPNS-7D-1	−۱۲۶۳/۴۵	−۲۵/۸۴	۰/۱۲	7D	۲/۵۵	۱۴۶	تعداد دانه در سنبله اصلی
QGPNS-7D-2	−۳۵۰۷/۰۵	−۶۵/۹۳	۰/۱۱	7D	۲/۵۲	۱۴۸	
QMSGW-7D-1	−۷۹۲/۲۶	−۶/۳۷	۰/۱۲	7D	۲/۶۲	۴۲	وزن دانه سنبله اصلی
QMSGW-7D-2	۷۰۴۰/۹۱	−۶/۶۴	۰/۱۲	7D	۲/۶۲	۴۸	



شکل ۲- QTLهای شناسایی شده برای تعداد کل دانه

Figure 2. Identified QTLs for the total number of seeds

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

منابع

1. Ashraf, M. and P.J.C. Harris. 2004. Potential biochemical indicatora of salinity tolerance in plant. Plant Science, 166: 3-16.
2. Babu, R., S.K. Nair, B.M. Prasanna and H.S. Gupta. 2004. Integrating marker-assisted selection in crop breeding - Prospects and challenges. Curr. Sci, 5: 607-619.
3. Börner, A., E. Schumann, A. Fürste, H. Cöster, B. Leithold, M.S. Röder and W.E. Weber. 2002. Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.), Theor Appl Genet, 105: 921-936.
4. Collard, B.C.Y., M.Z.Z. Jahufer, J.B. Brouwer and E.C.K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. Euphytica, 142: 169-196.
5. Colmer, T.D., T.J. Flowers and R. Munns. 2006. Use of wild relatives to improve salt tolerance in wheat. Journal of Excremental Botany, 57: 1059-1078.
6. Diaz de Leon, J.L., R. Escoppinichi, N. Geraldo, T. Castellanos, A. Mujeeb-Kazi and M.S. Roder. 2011. Quantitative trait loci associated with salinity tolerance in field grown bread wheat, Euphytica, 181: 371-383.
7. Dong-Cheng, L., G. Mu-Qiang, G. Rong-Xia, L. Run-Zhi, C. Shuang-He, L. Xiao-Li and A.M. Zhang. 2002. Mapping Quantitative Trait Loci for Plant Height in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Using a $F_{2:3}$ Populations, JGG, 29(8): 706-71.
8. Flowers, T.J. and A.R. Yeo. 1995. Breeding for salinity resistance in crop plants: Where next? Australia Journal of Plant Physiology, 22: 875-884.
9. Flowers, T.J., A. Garcia, M. Koyama and A.R. Yeo. 1997. Breeding for salinity resistance in crop plants: The role of molecularbiology. Acta Physiologia Plantarum, 19(4): 427-433.
10. Gregorio, G.B., D. Senadhira and R.D. Mendoza. 2002. Progress in breeding for salinity tolerance and associated abiotic stresses in rice. Field Crop Research, 79: 91-101.
11. Gregorio, G.B. and D. Sendhira. 1993. Genetic analysis of salinity tolerance in rice. Theoretical and Applied Genetics, 86: 333-338.
12. Gregorio, G.B., D. Senadhira and R.D. Mendoza. 1997. Screening rice for salinity tolerance. IRRI Discussion paper series No. International Rice Research Institute. Philippines, 22 pp.
13. Gupta, P.K., H.S. Balyan, P.L. Kulwal, N. Kumar, A. Kumar, R.R. Mir, A. Mohan, J. Kumar and J. Zhejiang. 2007. QTL analysis for some quantitative traits in bread wheat, University Science B, 8: 807–814.
14. Houshmand, S., R.E. Knox, F.R. Clarke, J.M. Clarke and C.P. Pozniak. 2008. Quantitative trait loci associated with kernel weight and test weight in durum wheat, 24-29.
15. Jansen, R.C. and P. Stam. 1994. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. Genetics, 136: 1447-1455.
16. Kearsey, M.J. and A.G.L. Farquhar. 1998. QTL analysis in plants; Where are we now?. Heredity, 80: 137-142.
17. Kearsey, N.J. and V. Hyne. 1998. QTL analysis: a simple marker- regression approach. Theor. Appl. Genet, 89: 698-702.
18. Kumar, G.P., B.H. Singh, K.P. Laxminarayan, N. Kumar, A. Kumar, M.R. Rouf, A. Mohan and J. Kumar. QTL analysis for some quantitative traits in bread wheat, *Journal of* Zhejiang University - Science *B*, 8: 807-814.
19. Lang, N.T., S. Yanagihara and B.C. Buu. 2001. A microsatellite marker for a gene contributing salt tolerance on rice at the vegetative and reproductive stages. SABRAO Journal of Breeding and Genetics, 33(1): 1-10.
20. Lee, K.S., D. Sendhira and G.B. Gregorio. 1996. Genetic analysis of salinity tolerance in japonica rice. SABRAO journal of Breeding and Genetic, 28(2): 7-13.
21. Mano, Y. and T. Akeda. 1997. Mapping quantitative trait loci for salt tolerance at germination and the tolera seedling in barley (*Hordeum Vulgare* L.). Euphytica, 94(3): 263-272.
22. Megan, P., S. Evans, A. Ray and H.A. Ruiz. 2004. Locus for sodium exclusion (Nax1) a trate for salt tolerance, mapped in durum wheat. Functional plant Biology, 31: 1105-1114.
23. Mohammadi, V., M.R. Ghanadeh, A.A. Zali, B. Yazdi Samadi and P. Bern. 2005. QTL mapping of morphological traits of wheat. Iranian Journal of Agricultural Science, 36: 145-157 (In Persian).
24. Munns, R. and R.A. James. 2003. Screening methods for salinity tolerance: case study whith tetraploid wheat. Plant Soil, 253: 201-218.
25. Munns, R., A. Hare, R.A. James and G.j. Rebetzke. 2000. Genetic variation for improving the salt tolerance of durum wheat. Australian Journal of Agricultural Research, 51: 69-74.
26. Munns. R., R.A. James and A. Lauchli. 2006. Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. Journal of Excremental Botany, 57: 1025-1043.
27. Ponnamperuma, F.N. 1984. Role of cultivar tolerance in increasino in saline landa. Strategies for crop improvement. John Willey and Sons, 443 pp.
28. Roder, M.S., V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaocke, M.H. Tixier, P. Lerou and M.W. Ganal. 1998. A microsatellite map of wheat. Genetics, 144: 2007-2023.
29. Schachtmann, D.P. and R. Munns. 1992. Sodium accumulation in leaves of Triticum pieces the differ in salt tolerance. Australian Journal of Plant Physiology. 19: the differ in salt tolerance. Australian Journal of Plant Physiology, 19: 331-340.
30. Shannon, M.C. 1984. Breeding, selection and the genetics of salt tolerance. In: Staples, R.CR and G.H. Toenniessen. Salinity tolerance in plants. Johan Willey and Sons, 231-254.
31. Siadat, H., M. Bybordi and M.J. Malakoti Salt. 1997. Affected soils of Iran: A country report. International symposium on sustainable management of salt affected soils in the arid and University of ain shams, 102-110.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]

Mapping of Tolerant Salinity QTLs in the Progeny of Gaspard and Kharchia Cultivars in Bread Wheat

Jamileh Abedi[1], Amin Baghizadeh[2] and Ghasem Mohammadi-Nejad[3]

1- Post graduate Student, Graduate University of Advanced Technology, Kerman-Iran.
2- Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman-Iran, (Corresponding author: amin_4156@yahoo.com)
3- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman-Iran
Received: May 12, 2015 Accepted: January 13, 2018

Abstract

For QTL mapping of related salt tolerance QTLs and determining the contribution of each QTL to phenotypic variation, a population consisting of 96 F2:3 families derived from the cross Kharchia (parent tolerant) and Gaspard (susceptible parent) were evaluated during 2 years. Of the 92 microsatellite markers used to evaluate parents, 32 markers were polymorphic which were used for analysis. Three QTLs were found according to mapping composite interval method for plant height trait, which were located on chromosome 7D, 3B and 4B. In total, these QTLs explained 37 percent of phenotypic variation. Also, 3 QTLs were found on chromosome 7B and 7D for the size of seedling, which accounted for 38 percent of phenotypic variance were identified. For number of grains per spike and grain weight per main spike traits, 2 QTLs on chromosome 7D and 2 QTL for seed number trait on chromosome 4B. One QTL was found on chromosome 7D for each of the internode number and internode length traits which explained 12 and 11% of the phenotypic variance, respectively. For each of the number of spikelets, fertile tiller and spike length traits 1 QTL was found on chromosome 4B which explained 12% of the phenotypic variation. Genetic analysis of complex traits such as tolerance to salinity and identification of genetic locations controlling quantitative traits allow marker-assisted selection and ultimately improve the selection efficiency.

Keywords: QTL, Salinity, SSR Marker, Wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.125]