

نقشه یابی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی گندم نان در وضعیت طبیعی و تنش اسمزی

براتعلی فاخری^{۱*} و ابوالفضل خالق بابکی^۲

۱. دانشیار و دانشجوی سابق کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران
(تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۱۰/۱۳ - تاریخ تصویب: ۱۳۹۲/۱۱/۳۰)

چکیده

با وجود اهمیت تنش خشکی در مراحل اولیه رشد و استقرار گیاه، این موضوع در برنامه‌های اصلاحی به‌عنوان معیار انتخاب نادیده گرفته شده است. بدین منظور ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب حاصل از تلاقی Seri M82 و Babax با دو والد بررسی شد. این تحقیق در سال ۱۳۹۰ در آزمایشگاه تحقیقات دانشگاه زابل، در قالب دو طرح بلوک تصادفی با دو تکرار و در وضعیت تنش اسمزی (۰/۸- مگا پاسکال) و بدون تنش اجرا شد. صفات درصد و شاخص سرعت جوانه‌زنی، میزان کربوهیدرات‌های محلول در آب، محتوای رطوبت نسبی برگ، طول ساقه‌چه، ریشه‌چه و نسبت آنها، وزن تر و خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه، بنیه بذر، تعداد ریشه‌چه و شاخص تنش جوانه‌زنی اندازه‌گیری شدند. تجزیه QTL به روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب برای هر محیط مجزا و برای میانگین دو محیط انجام گرفت. نقشه پیوستگی ژنتیکی نشانگرهای مولکولی شامل ۲۴۹ نشانگر AFLP، ۷۴ نشانگر SSR و ۲۶۴ نشانگر DArT، برای تجزیه QTL به‌کار رفت. براساس نتایج تجزیه واریانس مرکب، اثر گونه برای همه صفات نامبرده معنادار بود. برای سایر صفات، تفکیک متجاوز از والدین در دو جهت مثبت و منفی مشاهده شد. برای صفات آزمایشی در مجموع ۳۴ ناحیه با QTL به‌دست آمد. واریانس فنوتیپی توجیه‌شده با این QTLها از ۲۸/۸۱-۱۵/۸۶ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به‌ترتیب برای صفات محتوای رطوبت نسبی برگ و شاخص تنش جوانه‌زنی به‌دست آمد. QTL جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی‌مورگان کروموزوم 1B کنترل‌کننده محتوای رطوبت نسبی برگ، پایداری کامل داشت. در نتیجه ممکن است استفاده از آن در گزینش به کمک نشانگر مؤثر باشد. گزینش به کمک نشانگر برای محتوای رطوبت نسبی برگ ممکن است موجب افزایش مقاومت گیاه برای حفظ رشد آن در خاک‌های در معرض تنش خشکی در مراحل بحرانی اولیه رشد شود.

واژه‌های کلیدی: تنش اسمزی، جایگاه صفت کمی (QTL)، رگه خالص نوترکیب (RIL)، گندم نان.

مقدمه

آغاز فصل تنش خشکی را تجربه می‌کنند (Landjeva et al., 2008). گندم‌های با بنیه اولیه قوی‌تر، سریع‌تر بر روی سطح خاک سایه می‌اندازند و هدر رفتن آب را کاهش می‌دهند. هدر رفتن آب با تبخیر از سطح خاک بر کارایی مصرف آب به‌خصوص در نواحی خشک، جایی که بیشترین بارندگی ابتدای فصل زراعی اتفاق می‌افتد، تأثیر می‌گذارد (Spielmeyer et al., 2007). همچنین

خشکی از جمله تنش‌های فیزیکی است که از مهم‌ترین علل محدودکننده رشد و تولید گیاهان زراعی در مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان شناخته شده است (Kirigwi et al., 2004). رشد اولیه گیاه مهم‌ترین مرحله برای استقرار گیاه، به‌خصوص در شرایط تنش خشکی است. علاوه بر این غلاتی که در پاییز کشت می‌شوند، اغلب در

رشد سریع اولیه با افزایش قدرت رقابت گیاه در مواجهه شدن با علف‌های هرز افزایش منجر به کاهش رشد علف‌های هرز می‌شود (عبدالشاهی و همکاران، ۱۳۸۸).

صفات ریشه‌ای مستقیماً بر اجزای عملکرد گندم در وضعیت تنش تأثیر می‌گذارد؛ در نتیجه اصلاحگران گندم به ناچار برای صفات ریشه‌ای مستقیماً گزینش انجام می‌دهند (Waines & Ehdai, 2007). اگرچه ساختار ریشه، نقش مهمی در عملکرد گندم به‌ویژه در شرایط تنش خشکی دارد، ولی اطلاعاتی درباره کنترل ژنتیکی صفات آن وجود ندارد (Sanguineti et al., 2007). صفات دیگری از جمله درصد و سرعت جوانه‌زنی و بنیه بذر نیز در انتخاب برای مقاومت به خشکی در برنامه‌های به‌زادای مؤثر خواهند بود. اولین بار فردریش نوبه (Friedrich Nobbe, 1830-1922) در سال ۱۸۷۶ بنیه بذر را تعریف کرد. به عقیده او علاوه بر جوانه‌زنی، سرعت و یکنواختی سبز شدن بذرها هم نقش مهمی در کیفیت آن دارند (به نقل از Copland & Mc Donald, 1995). با توجه به اینکه زادآوری یا تجدید نسل گیاهان با بذر یکی از مهم‌ترین ویژگی‌های گیاهان زراعی است، بنابراین بررسی‌های اکوفیزیولوژیک تولیدمثل با بذر اهمیت خاصی دارد. تولیدکنندگان محصولات کشاورزی به بذرهایی با قدرت جوانه‌زنی و بنیه مناسب نیاز دارند تا با کشت آنها محصول بیشتر و بهتری به‌دست آورند. بنیه پایین بذر ممکن است به دو روش بر عملکرد تأثیر بگذارد: اول درصد گیاهچه‌های سبز شده در مزرعه بیش از اندازه پیش‌بینی شده کاهش می‌یابد و در نتیجه تراکم گیاه به کمتر از اندازه مطلوب می‌رسد.

دوم آنکه، ممکن است سرعت رشد گیاهچه در چنین گیاهانی کمتر از سرعت رشد گیاهان حاصل از بذرهایی قوی باشد (Roberts & Osei-Bonsu, 1998). جوانه‌زنی از مهم‌ترین مراحل رشد گیاه است، طوری که در این مرحله دوام، استقرار و عملکرد نهایی گیاهان زراعی تضمین می‌شود (De & Kar, 1995). کاهش پتانسیل اسمزی و ماتریک سبب کاهش دسترسی بذر به آب می‌شود. بنابراین پتانسیل آب محیط مستقیماً بر سرعت جذب آب و جوانه‌زنی بذر تأثیر می‌گذارد (رحیمیان مشهدی و همکاران، ۱۳۷۰). روش‌های مرسوم اصلاح نباتات، برای بهبود صفات زراعی در گندم

دستاوردهای بسیار مفیدی دارند. توسعه فناوری نشانگرهای مولکولی، تهیه نقشه‌های پیوستگی ژنومی با چگالی بالا را برای بسیاری از گیاهان از جمله گندم امکان‌پذیر کرده است. با رشد سریع تهیه نقشه‌های پیوستگی مترکم براساس نشانگرهای مولکولی و یافتن جایگاه صفت مسئول تنوع کمی (Quantitative trait loci=QTL) و استفاده از آن برای گزینش به کمک نشانگر (Marker assisted selection=MAS)، انتخاب در نسل‌های اولیه برنامه‌های اصلاحی امکان‌پذیر شد و کارایی آن بهبود یافت (Ayoub et al., 2003؛ Han et al., 1997). در این روش تفرق هم‌زمان صفات کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی و در نهایت تعداد ژن‌ها (عوامل مؤثر)، نوع عمل آنها، میزان اثر هر یک بر آورد و مکان QTL روی ژنوم شناسایی می‌شود. جایگاه، تعداد و آثار QTL ها به اصلاحگران در درک کنترل ژنتیکی صفات گیاه و عمل انتخاب برای بهبود و اصلاح گیاهان کمک می‌کند (Broman & Speed, 1999).

با وجود اهمیت تنش خشکی در مرحله بحرانی اولیه رشد و استقرار گیاه، در اکثر مطالعات نادیده گرفته شده است (Landjeva et al., 2008). بسیاری از صفاتی که در مقاومت گیاه به تنش خشکی نقش دارند، با چندین ژن کنترل می‌شوند و به‌صورت کمی به ارث می‌رسند. بنابراین، شناسایی QTL‌های مربوط و کاربرد آنها در انتخاب به کمک نشانگر در بهبود گیاهان نقش مهمی دارد. بنابراین هدف از این تحقیق تعیین مکان QTL‌ها برای برخی از صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در وضعیت بدون تنش و تنش اسمزی، برآورد میزان تأثیر هر یک و تعیین نشانگرهای مولکولی پیوسته با آنها برای پیشنهاد جهت گزینش به کمک نشانگر است.

مواد و روش‌ها

گروه آزمایشی شامل نسل F8.9 رگه‌های اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی دو گونه هگزاپلوئید خالص بهاره و نیمه پاکوتاه گندم نان به نام‌های Seri M82 نسبتاً حساس به خشکی (Fox et al., 1996) و Babax بسیار مقاوم به تنش خشکی (Fox et al., 1996)، است. این گونه‌ها و ۱۶۷ لینه اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی آنها

داده شدند. سپس ۵۰ بذر در پتری دیش‌های ۱۵ سانتی‌متری استریل محتوی کاغذ واتمن شماره ۱ در دو وضعیت تنش اسمزی ناشی از پلی‌اتیلن‌گلیکول ۶۰۰۰ (۰/۸- مگاپاسکال) و بدون تنش اسمزی (آب مقطر) کشت شدند. پتانسیل لازم با حل کردن ۲۱۲ گرم پلی‌اتیلن‌گلیکول در یک لیتر آب مقطر دو بار تقطیر به‌دست آمد. مقدار پلی‌اتیلن‌گلیکول مصرفی برای ایجاد پتانسیل لازم از رابطه (۱) (Michel Burlyn & Kaufmann, 1973) به‌دست آمد.

(Olivares-villegas *et al.*, 2007) با دقت ضدعفونی شدند. بدین منظور ابتدا بذرهای برای ده ثانیه در الکل ۹۶ درصد و سپس ۵۰ ثانیه در محلول هیپوکلریت سدیم ۰/۵ درصد قرار داده (وایتکس تجاری شامل هیپوکلریت سدیم فعال با غلظت ۵/۲۵ درصد با ۹ قسمت آب مقطر استریل رقیق شد تا غلظت هیپوکلریت سدیم فعال به ۰/۵ درصد برسد) و پس از آن چندین بار با آب مقطر استریل شست‌وشو شدند. سپس به مدت ۳۰ ثانیه در محلول یک در هزار بنومیل، ضدعفونی سطحی و سه مرتبه با آب مقطر شست‌وشو

(رابطه ۱)

$$\phi = -(1.18 \times 10^{-2})C - (1.18 \times 10^{-4})C^2 + (2.67 \times 10^{-4})CT + (8.39 \times 10^{-7})C^2T$$

(Agrawai, 1991) به‌دست آمد؛ که در آن N تعداد بذر جوانه‌زده و K تعداد کل بذر کاشته شده است. رطوبت نسبی برگ با استفاده از فرمول

$$RWC = \frac{(LFW - LDW)}{(LTW - LDW)} \times 100$$

(Pessarakli, 1999) محاسبه شد که در آن LFW وزن تر برگ، LDW وزن خشک برگ و LTW وزن برگ در حالت اشباع است. به منظور محاسبه شاخص بنیه بذر (VI) از رابطه

$$VI = \frac{(\%Gr \times SI)}{100}$$

(Abdulbaki & Anderson, 1970) استفاده شد که در آن VI شاخص بنیه بذر، %Gr درصد جوانه‌زنی بذر و SI طول گیاهچه به میلی‌متر است. شاخص تنش جوانه‌زنی (GSI) با محاسبه شاخص سرعت جوانه‌زنی در وضعیت تنش (PIS) و بدون تنش (PIN) و براساس رابطه

$$GSI = \frac{(PI_S / PI_N)}$$

(Bouslama & Schapaugh, 1984) اندازه‌گیری شد. برای محاسبه شاخص سرعت جوانه‌زنی از رابطه (۲) (Maguire, 1962) استفاده شد که در آن ndi بذرهای جوانه‌زده در روز n ام است.

در این رابطه ϕ پتانسیل اسمزی، C غلظت پلی‌اتیلن‌گلیکول ۶۰۰۰ بر حسب گرم در لیتر و T دما بر حسب سانتی‌گراد است.

این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های تصادفی با دو تکرار در آزمایشگاه تحقیقات دانشکده کشاورزی دانشگاه زابل انجام شد. از روز دوم به مدت ۱۰ روز هر ۴۸ ساعت یک بار بذرهای جوانه‌زده شمارش شدند و صفات درصد جوانه‌زنی (Germination percentage=GP)، شاخص سرعت جوانه‌زنی (Promptness index=PI)، طول ساقچه (Shoot length=SL)، طول ریشه‌چه (Root length=RL)، نسبت طول ساقچه به طول ریشه‌چه (SL/RL)، وزن تر ریشه‌چه (Root fresh weight=RFW)، وزن خشک ریشه‌چه (Root dry weight=RDW)، وزن تر ساقچه (Shoot fresh weight=SFW)، وزن خشک ساقچه (Shoot dry weight=SDW)، تعداد ریشه‌چه (Number of root=NR)، بنیه بذر (Seed vigor=VI)، میزان کربوهیدرات‌های محلول در آب (Water soluble carbohydrate=WSC)، محتوای رطوبت نسبی برگ (Relative water content=RWC) و شاخص تنش جوانه‌زنی (Germination stress index=GSI) اندازه‌گیری شدند. میزان کربوهیدرات‌های محلول در آب به روش (Irigoyen *et al.* 1992) محاسبه شد. درصد جوانه‌زنی بذر با استفاده از رابطه $\%GP = (N / K) \times 100$

(رابطه ۲)

$$PI = nd2(1) + nd4(0.8) + nd6(0.6) + nd8(0.4) + nd10(0.2)$$

در روز آخر آزمایش ۱۰ گیاهچه به طور تصادفی نمونه برداری و تعداد ریشه‌چه، طول ریشه‌چه و ساقه‌چه با خط‌کش با دقت ۰/۱ میلی‌متر اندازه‌گیری شد. وزن تر ساقه‌چه و ریشه‌چه با ترازوی با دقت ۰/۰۰۰۱ اندازه‌گیری و بعد از قرار گرفتن نمونه‌ها در آون ۷۰ درجه سانتیگراد به مدت ۲۴ ساعت وزن خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه اندازه‌گیری شد. پس از میانگین‌گیری از داده‌ها (۱۰ نمونه اندازه‌گیری شده از هر پلات)، تجزیه‌های آماری برای همه صفات شامل تجزیه واریانس مرکب برای دو وضعیت تنش اسمزی و بدون تنش با رویه ANOVA نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۲ انجام شد. همبستگی ساده فنوتیپی بین صفات برای میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی محاسبه شد. آمارهای توصیفی برای هر صفت جداگانه روی میانگین وضعیت طبیعی و تنش اسمزی محاسبه شد. اختلاف بین والدین (P1-P2) با LSD حاصل از تجزیه واریانس والدین و اختلاف بین میانگین والدین و میانگین رگه‌های اینبرد نو ترکیب $(\bar{X}_{RIL} - \bar{X}_P)$ با LSD حاصل از تجزیه واریانس رگه‌های اینبرد نو ترکیب به همراه والدین مقایسه شدند. تفکیک متجاوز از والدین در جهت مثبت و منفی به ترتیب با فرمول‌های $Gp=BRIL-BP$ و $GN=WRIL-$ محاسبه شدند که در آنها Gp و GN به ترتیب تفکیک متجاوز از والدین در جهت مثبت و منفی، $BRIL$ و $WRIL$ بهترین و بدترین رگه اینبرد نو ترکیب و BP و WP بهترین و بدترین والد شدند. تفکیک متجاوز از والدین با LSD حاصل از تجزیه واریانس رگه‌های اینبرد نو ترکیب به همراه والدین مقایسه شدند. توارث‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول

شده.

نقشه پیوستگی نشانگرهای مولکولی شامل ۲۴۹ نشانگر AFLP، ۷۴ نشانگر SSR و ۲۶۴ نشانگر DArT بود که با McIntyre *et al.* (2010) تهیه شده است. تجزیه QTL جداگانه برای هر یک از وضعیت تنش اسمزی، طبیعی و میانگین آنها انجام شد. برای تعیین QTL ها و برآورد اندازه اثر آنها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (Composite interval mapping=CIM) استفاده شد. حداقل LOD برای شناسایی QTL ها ۲/۵ و حداقل فاصله پویش ۲ سانتی‌مورگان در نظر گرفته شد. نشانگرهای پس‌زمینه (Cofactor) با رگرسیون پیشرو-پسرو (Forward-backward regression) تعیین شدند. علاوه بر تعیین جایگاه و میزان اثر هر QTL، واریانس فنوتیپی نیز محاسبه شد که با هر یک از QTL ها و نیز مجموع QTL ها در یک مدل رگرسیون چندگانه توجیه می‌شدند. قله‌های LOD موقعیت QTL را نشان داد. آثار QTL در قله موقعیت QTL و حدود اعتماد ۹۵ درصد QTL ها به دست آمد. برای تعیین اینکه آیا دو پیک مجاور هم نماینده QTL واحد هستند یا اینکه هر یک به QTL جداگانه‌ای مربوط می‌شوند، از کاهش مقدار LOD بین دو پیک استفاده شد (اگر بین دو پیک مجاور آفتی به اندازه $LOD \geq 2$ یا $LRS \geq 9/21$ وجود داشت، آنرا باید دو QTL جداگانه در نظر گرفت). تجزیه QTL با نرم‌افزار WinQTL 2.5 Cartographer انجام شد.

نتایج و بحث

بررسی توزیع فراوانی میانگین داده‌های فنوتیپی صفات، نشان‌دهنده وجود توزیع طبیعی در همه صفات بود. نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب ۱۶۸ رگه خالص نو ترکیب گندم و والدین آنها در جدول ۱ نشان داده شده است. اثر گونه برای سایر صفات آزمایشی بسیار معنادار

$$h^2 = [1 - (MS_{G \times E} / MS_G)] / 2$$

یا

$$h^2 = \left\{ \sigma_g^2 / [\sigma_g^2 + (\sigma_{ge}^2 / e) + (\sigma_e^2 / re)] \right\}$$

جداسازی لاین‌های برتر برای استفاده معمول از آنها درست نشده است، این مسئله توجیه‌کردنی است. اختلاف بین میانگین لاین‌های نوترکیب خالص و میانگین والدین برای سایر صفات بررسی شده بی‌معنا بود. در نتیجه لاین‌های نوترکیب خالص آزمایشی نماینده کل لاین‌های خالص ممکن حاصل از تلاقی M82 Seri و Babax بود و صفات بررسی شده عمدتاً با آثار جمع‌پذیر ژن‌ها کنترل می‌شدند. میانگین والدین برای صفات بررسی شده در دامنه تغییرات نتاج قرار گرفتند و ژنوتیپ‌های برتر از هر والد طیف وسیعی از تنوع صفات در نتاج را نشان داد. به عبارت دیگر، بهترین رگه‌های نوترکیب خالص از نظر سایر صفات آزمایشی برتر از بهترین والد بود و اختلاف آنها برای بیشتر صفات معنادار بود. از طرف دیگر بدترین رگه‌های نوترکیب خالص از نظر سایر صفات بررسی شده بدتر از بدترین والد بود و اختلاف آنها برای بیشتر صفات معنادار بود. این مسئله، احتمالاً بیان‌کننده وجود تفکیک متجاوز از والدین در دو جهت مثبت و منفی است. در نتیجه، آلل‌های زیادی بین دو لاین والدینی برای کنترل صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در وضعیت تنش اسمزی و طبیعی پراکنده شده‌اند.

بود. این مسئله نشان‌دهنده تنوع زیاد داخل جمعیت بود. از آنجا که این جامعه لاین‌های نوترکیب خالص هستند، بنابراین تنوع موجود در این جمعیت غالباً ناشی از آثار افزایشی است. اثر محیط برای محتوای نسبی آب برگ در سطح احتمال ۵ درصد و برای سایر صفات در سطح احتمال ۱ درصد معنادار بود. بنابراین محیط‌های گوناگون در بروز صفات اثر متفاوتی داشته‌اند. اثر متقابل گونه × محیط برای همه صفات به جز محتوای نسبی آب برگ در سطح احتمال ۱ درصد معنادار بود. در نتیجه واکنش گونه‌ها در محیط‌های گوناگون، متفاوت بوده است. برآورد آماره‌های آماری ساده برای صفات بررسی شده روی میانگین وضعیت تنش اسمزی و طبیعی در جدول ۲ نشان داده شده است. Babax نسبت به M82 Seri برای صفاتی همچون طول ساقچه، تعداد ریشه‌چه، وزن تر ساقچه‌چه، وزن تر ریشه‌چه، وزن خشک ساقچه‌چه، وزن خشک ریشه‌چه، سرعت جوانه‌زنی، نسبت طول ساقچه‌چه به ریشه‌چه و شاخص تنش جوانه‌زنی مقادیر بیشتر و برای سایر صفات مقادیر کمتری را نشان داد. اختلاف بین لاین‌های والدینی برای همه صفات به جز وزن تر ریشه‌چه، محتوای رطوبت نسبی و نسبت طول ساقچه‌چه به ریشه‌چه بی‌معنا بود. از آنجا که جامعه حاصل از M82 Seri و Babax به منظور اصلاح و

جدول ۱. تجزیه واریانس مرکب ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب و والدین آنها برای ۱۳ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در وضعیت تنش اسمزی و طبیعی

میانگین مربعات							درجه آزادی	منابع تغییر
RDW	SDW	RFW	SFW	NR	RL	SL		
۲۳۷/۵۲**	۳۱۳/۹۹**	۳۱۶۳/۶۲**	۶۰۰۳۶/۳۶**	۴/۷۵**	۳۹۲/۸۴**	۳۸۳/۴۶**	۱	محیط
۶/۳۵	۴/۰۵	۸۵۳/۶۷	۳۵۱/۶۹	۰/۷۰	۳۶/۲۶	۱۳/۶۳	۲	بلوک داخل محیط
۱/۹۸**	۲/۳۹**	۱۹۳/۱۳**	۱۸۷/۷۹**	۱/۴۸**	۳/۲۹**	۱/۹۷**	۱۶۹	گونه
۰/۹۱**	۱/۳۱**	۱۱۲/۳۵**	۸۶/۵۸**	۰/۵۰**	۱/۶۷**	۱/۰۴**	۱۶۹	گونه × محیط
۰/۴۶	۰/۵۲	۵۱/۲۰	۴۰/۶۷	۰/۲۳	۰/۵۹	۰/۳۶	۳۳۸	خطا
۲۶/۵۰	۲۴/۸۹	۲۴/۰۶	۲۲/۱۴	۱۳/۰۸	۲۱/۸۸	۱۹/۳۵		ضریب تغییرات (/)
۷۸/۴۷	۸۱/۳۷	۷۹/۷۳	۸۶/۷۷	۶۸/۴۰	۸۱/۸۸	۸۵/۸۰		ضریب تبیین (/)

* و ** به ترتیب معنادار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns بی‌معنا؛ SL، طول ساقچه‌چه؛ RL، طول ریشه‌چه؛ NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقچه‌چه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ SDW، وزن خشک ساقچه‌چه؛ RDW، وزن خشک ریشه‌چه.

ادامه جدول ۱

میانگین مربعات						درجه آزادی	منابع تغییر
SL/RL	Vi	PI	GP	WSC	RWC		
۰/۸۳**	۳۲۲۶/۸۵**	۲۶۳۶۲/۴۲**	۱۵۵۳۷۹/۱۷**	۰/۵۵**	۴۴/۷۸*	۱	محیط
۰/۲۱	۶۵/۸۰	۵۵/۲۱	۱۰۵۶۰	۱/۴۶	۳۳/۰۰	۲	بلوک داخل محیط
۰/۰۹**	۱۳/۷۹**	۳۰/۲۴**	۳۲۱/۷۵**	۱/۰۷**	۹۱/۳۹**	۱۶۹	گونه
۰/۰۵**	۴/۱۰**	۸/۴۱**	۲۰۲/۹۵**	۰/۰۸**	۱۰/۲۶ ^{ns}	۱۶۹	گونه × محیط
۰/۰۳	۱/۰۳	۱/۱۸	۱۰/۹۲	۰/۰۴	۸/۵۴	۳۳۸	خطا
۱۸/۳۹	۱۷/۷۱	۶/۶۱	۳/۹۹	۲/۵۹	۳/۷۴		ضریب تغییرات (/)
۶۳/۸۶	۹۳/۰۶	۹۸/۷۹	۹۸/۴۰	۶۶/۶۴	۸۵/۶۷		ضریب تبیین (/)

* و ** به ترتیب معنادار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns بی‌معنا؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی برگ؛ WSC، محتوای کربوهیدرات‌های محلول در آب؛ GP، درصد جوانه‌زنی؛ PI، شاخص سرعت جوانه‌زنی؛ Vi، بنیه‌بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه به ریشه‌چه.

بالا در وضعیت تنش اسمزی است و می‌توان انتخاب را بر نمود فنوتیپی این صفت پایه‌ریزی کرد. با توجه به تنوع موجود برای برخی از صفات، استنباط شد که انتخاب برای بهبود آنها مؤثر خواهد بود. با این حال، کارایی انتخاب بستگی به پیشرفت ژنتیکی پیش‌بینی شده دارد. صفاتی که توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی زیادی دارند، ممکن است در کنترل عمل جمع‌پذیر ژن‌ها باشند. علاوه بر این، برآورد بالای توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی ممکن است به دلیل واریانس محیطی پایین صفات باشد (Panse, 1957). صفاتی که هم‌زمان توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی ندارند، احتمالاً در کنترل آثار جمع‌ناپذیر ژن‌ها (غالبیت و اپیستازی) هستند (Liang & Walter, 1968).

ضرایب تنوع فنوتیپی برای سایر صفات بررسی شده بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی بودند ولی در بسیاری از حالات این دو تفاوت کمی داشتند. این مسئله، نشان‌دهنده آثار کم عوامل محیطی در برآورد آنهاست. بیشترین ضریب تنوع فنوتیپی به ترتیب به صفات شاخص تنش جوانه‌زنی و پس از آن به بنیه بذر تعلق داشت. بیشترین و کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط به صفات درصد جوانه‌زنی و کربوهیدرات‌های محلول در آب بود. توارث‌پذیری صفات برای محتوای رطوبت نسبی برگ، سرعت جوانه‌زنی، شاخص سرعت جوانه‌زنی، بنیه بذر و تعداد ریشه‌چه نسبتاً بالا بود. در نتیجه استفاده از آنها برای انتخاب ژنوتیپ‌های با جوانه‌زنی بالا امکان‌پذیر است. در این بین سرعت جوانه‌زنی مهم‌ترین معیار برای انتخاب بذر با قوه نامیه

جدول ۲. آماره‌های ساده ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مربوط به جوانه‌زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب و والدینشان برای

میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی

GSI	SL/RL	Vi	PI	GP%	WSC	RWC	RDW	SDW	RFW	SFW	NR	RL	SL	
۴۸/۲۶	۱/۲۱	۶/۴۸	۱۶/۵۶	۸۴/۰۰	۸/۰۱	۷/۱۴۳	۰/۰۰۲۹	۰/۰۰۲۴	۰/۰۲۳	۰/۰۲۴	۳/۵۵	۳/۳۶	۴/۲۰	P1 (Babax)
۴۱/۲۷	۰/۸۹	۶/۷۶	۱۵/۳۰	۸۵/۵۰	۸/۰۶	۷/۶۵۵	۰/۰۰۲۱	۰/۰۰۲۶	۰/۰۲۲	۰/۰۲۶	۳/۴۰	۴/۰۸	۳/۴۰	P2 (Seri M82)
۶/۹۹ ^{ns}	۰/۳۳ ^{**}	-۰/۲۸ ^{ns}	۱/۲۶ ^{ns}	-۱/۵۰ ^{ns}	-۰/۰۵ ^{ns}	-۵/۱۲ ^{**}	۰/۰۰۰۸ ^{ns}	۰/۰۰۰۸ ^{ns}	۰/۰۱۱ [*]	۰/۰۰۸ ^{ns}	-۱/۱۵ ^{ns}	-۰/۷۲ ^{ns}	-۱/۸۰ ^{ns}	P1-P2
۴۴/۷۷	۱/۰۵	۶/۶۲	۱۵/۹۳	۸۴/۷۵	۸/۰۴	۷/۳۹۹	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰۳۰	۰/۰۲۸	۰/۰۳۰	۳/۴۸	۳/۷۲	۳/۸۰	$\bar{x} = (P1+P2)/2$
۱۹/۵۹	-۰/۶۶	۳/۱۷	۱۰/۷۰	۶۵/۵۰	۷/۵۵	۶/۵۴۴	۰/۰۰۱۳	۰/۰۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۶	۲/۹۰	۲/۰۶	۱/۷۷	Worst RIL
۷/۱۷۱	۱/۲۲	۸/۵۳	۲۶/۸۱	۹۷/۵۰	۸/۴۱	۹/۰۹۶	۰/۰۰۴۳	۰/۰۰۴۷	۰/۰۴۵	۰/۰۳۸	۴/۶۵	۵/۰۵	۴/۸۱	Best RIL
۵۲/۱۲	-۰/۵۶	۵/۳۶	۱۶/۱۱	۳۲/۰۰	-۱/۸۶	۲۵/۵۲	۰/۰۰۳۰	۰/۰۰۳۲	۰/۰۳۰	۰/۰۲۲	۱/۷۵	۲/۹۹	۳/۰۴	Range
۴۵/۰۴	۰/۹۰	۵/۷۳	۱۶/۴۷	۸۲/۶۱	۸/۰۳	۷/۸۰۴	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰۲۹	۰/۰۲۹	۰/۰۲۸	۳/۷۱	۳/۵۱	۳/۲۴	-
۱۰/۴۹	-۰/۱۱	۰/۹۷	۲/۷۶	۷/۴۶	-۱/۱۳	۰/۰۵	۰/۰۰۰۵	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۵	۰/۰۰۵	-۰/۳۵	۰/۵۷	۰/۵۷	X_{RIL}
۱/۱۱۴	۱۳/۰۶	۱۳/۸۲	۵/۱۴	۲/۷۱	۷/۱۴	۲/۷۱	۱۹/۱۶۰۰	۱۹/۰۳۰۰	۱۷/۵۰۰	۱۷/۲۰۰	۹/۳۵	۱۷/۲۶	۱۴/۱۴	SD _{RIL}
۰/۲۷ ^{ns}	-۰/۱۵ ^{ns}	-۰/۸۹ ^{ns}	۰/۵۴ ^{ns}	-۲/۱۴ ^{ns}	-۰/۰۱	۴/۰۵ ^{ns}	۰/۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۱ ^{ns}	۰/۰۰۳ ^{ns}	-۰/۰۰۳ ^{ns}	-۰/۲۴ ^{ns}	-۰/۲۱ ^{ns}	-۰/۵۵ ^{ns}	CV _{RIL}
-۲/۱۶۸ ^{**}	-۰/۲۳ ^{ns}	-۳/۳۱ ^{**}	-۴/۶۰ ^{**}	-۲/۰۰ ^{**}	-۰/۴۶ ^{**}	-۵/۹۹ ^{**}	-۰/۰۰۰۸ ^{ns}	-۰/۰۰۱۱ ^{ns}	-۰/۰۰۷ ^{ns}	-۰/۰۱۰ [*]	-۰/۵۰ ^{ns}	-۱/۳۰ [*]	-۱/۶۳ ^{**}	-
۲۳/۴۵ ^{**}	۰/۰۱ ^{ns}	۱/۷۷ [*]	۱۰/۲۵ ^{**}	۱۳/۵۰ ^{**}	-۰/۳۵ [*]	۱۴/۴۱ ^{**}	۰/۰۰۱۴ ^{**}	۰/۰۰۱۳ [*]	۰/۰۱۲ [*]	۰/۰۰۴ ^{ns}	۱/۱۰ ^{**}	۰/۹۷ ^{ns}	۰/۶۱ ^{ns}	$G_N = W_{RIL} - W_P$
۲۱/۸۸	۷/۴۸	۱۳/۹۰	۱۶/۳۸	۸/۸۰	۳/۹۸	۵/۸۲	۱۳/۷۵۰۰	۱۵/۱۱۰۰	۱۰/۵۱۰	۱۰/۸۴۰	۶/۵۷	۱۰/۶۸	۱۲/۲۰	G _P = B _{RIL} - B _P
۲۴/۵۲	۱۴/۹۰	۱۹/۵۲	۱۷/۰۸	۹/۲۰	۸/۱۴	۶/۴۲	۲۳/۵۰۰۰	۲۴/۳۳۰۰	۲۰/۴۱۰	۲۰/۲۰۰	۱۱/۴۲	۲۰/۱۹	۱۸/۵۹	GCV (%)
۱۸/۱۵	۰/۰۷	۱/۱۷	۳۵/۲۷	۴۴/۳۶	-۰/۰۸	۸/۵۰	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۰۵	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	-۰/۲۹	۰/۴۱	۰/۵۲	PCV (%)
۱۹/۵۷	۲۲/۲۲	۳۵/۱۳	۳۶/۰۹	۱۸/۴۶	۴۶/۲۶	۴۴/۳۹	۲۷/۰۲	۲۲/۵۹	۲۰/۹۱	۲۶/۹۵	۳۳/۱۱	۲۴/۶۲	۲۳/۶۰	GC _{5%}
														h ²

* و ** به ترتیب معنادار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns، بی‌معنا؛ G_N، تفکیک متجاوز در جهت منفی؛ G_P، تفکیک متجاوز در جهت مثبت؛ B_{RIL}، بهترین لاین خالص نوترکیب؛ B_P، بهترین والد؛ W_{RIL}، بدترین لاین خالص نوترکیب؛ W_P، بدترین والد؛ PCV، ضریب تنوع فنوتیپی؛ GCV، ضریب تنوع ژنتیکی؛ GC_{5%}، پیشرفت ژنتیکی برای ۵ درصد گزینش؛ h²، توارث‌پذیری خصوصی؛ SL، طول ساقه‌چه؛ RL، طول ریشه‌چه؛ NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقه‌چه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ SDW، وزن خشک ساقه‌چه؛ RDW، وزن خشک ریشه‌چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی برگ؛ WSC، میزان کربوهیدرات محلول در آب؛ GP%، درصد جوانه‌زنی؛ PI، شاخص سرعت جوانه‌زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه‌زنی.

سرعت جوانه‌زنی توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی نسبتاً بالایی داشت، بنابراین در توارث‌پذیری این صفت احتمالاً کنترل ژنتیکی جمع‌پذیر وجود دارد. توارث‌پذیری نسبتاً بالا و پیشرفت ژنتیکی کم برای صفات تعداد ریشه‌چه،

در شدت انتخاب ۵ درصد، میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار که به صورت درصدی از میانگین بیان شده است، به ترتیب از ۰/۰۴ درصد برای وزن خشک ریشه‌چه تا ۴۴/۳۶ درصد برای درصد جوانه‌زنی متغیر بود. صفت

صفات وزن تر و خشک ساقه‌چه (۰/۹۱) و پس از آن به طول ریشه‌چه و بنیه بذر (۰/۸۳) تعلق داشت. همبستگی شاخص تنش جوانه‌زنی با درصد جوانه‌زنی (۰/۸۱) و وزن تر و خشک ریشه‌چه (۰/۸۱) بسیار بالا و در سطح احتمال ۱ درصد معنادار بود. همبستگی‌های بالای بین صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک مربوط به جوانه‌زنی ممکن است ناشی از هم‌مکانی QTL های کنترل‌کننده آنها باشد. علاوه بر این، ممکن است تنوع یک صفت، تنوع صفات دیگر را تشریح کند (سیاه‌سر و همکاران، ۱۳۸۸).

بنیه بذر، محتوای رطوبت نسبی و کربوهیدرات‌های محلول در آب نشان داد که احتمالاً آثار جمع‌ناپذیر ژن‌ها سهم مهمی در توارث این صفات دارند. برای سایر صفات برآورد توارث‌پذیری و متعاقب آن پیشرفت ژنتیکی پایینی به‌دست آمد. بنابراین این صفات احتمالاً با آثار جمع‌ناپذیر ژن‌ها کنترل می‌شود.

همبستگی‌های ساده فنوتیپی ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب به همراه والدین‌شان برای ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در میانگین دو وضعیت تنش و بدون تنش اسمزی در جدول ۳ نشان داده شده است. بیشترین همبستگی به

جدول ۳. همبستگی‌های ساده فنوتیپی ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مربوط به جوانه‌زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم و

والدین آنها برای میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی.

SL/RL	Vi	PI	GP%	WSC	RWC	RDW	SDW	RFW	SFW	NR	RL	SL	
											۰/۶۷	RL	
											۰/۴۹	۰/۴۲	NR
										۰/۵۱	۰/۴۹	۰/۶۱	SFW
									۰/۷۶	۰/۴۶	۰/۳۷	۰/۳۷	RFW
								۰/۶۹	۰/۹۱	۰/۵۳	۰/۵۴	۰/۵۹	SDW
							۰/۵۹	۰/۸۱	۰/۶۲	۰/۴۰	۰/۲۸	۰/۳۴	RDW
						-۰/۱۳	-۰/۰۶	-۰/۱۰	-۰/۰۵	-۰/۱۳	-۰/۱۰	-۰/۰۵	RWC
					۰/۰۲	۰/۱۲	-۰/۰۷	-۰/۰۴	-۰/۱۳	۰/۰۸	-۰/۰۱	-۰/۰۷	WSC
				-۰/۰۵	۰/۰۰	۰/۱۱	۰/۲۰	۰/۱۷	۰/۲۶	۰/۲۳	۰/۲۰	۰/۲۳	GP%
			۰/۵۱	-۰/۱۱	-۰/۰۱	۰/۰۳	۰/۱۲	۰/۰۸	۰/۱۸	۰/۲۳	۰/۲۱	۰/۲۴	Pi
		۰/۴۵	۰/۵۹	-۰/۰۶	-۰/۰۹	۰/۳۰	۰/۵۷	۰/۳۸	۰/۵۸	۰/۵۱	۰/۸۳	۰/۷۹	Vi
	۰/۰۴	۰/۰۹	۰/۱۰	-۰/۰۵	۰/۰۳	۰/۱۵	۰/۱۳	۰/۰۹	۰/۱۸	۰/۰۱	-۰/۳۲	۰/۳۴	SL/RL
۰/۰۹	۰/۴۶	۰/۵۰	۰/۸۱	-۰/۰۳	۰/۰۱	۰/۰۶	۰/۰۶	۰/۱۰	۰/۱۳	۰/۱۵	۰/۱۴	۰/۱۹	GSI

ضرایب همبستگی که بزرگتر از ۰/۲۳ یا کوچکتر از -۰/۲۳ است در سطح احتمال ۵ درصد و ضرایب همبستگی که بزرگتر از ۰/۳۰ یا کوچکتر از -۰/۳۰ است در سطح احتمال ۱ درصد معنادار هستند؛ SL، طول ساقه‌چه؛ RL، طول ریشه‌چه؛ NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقه‌چه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ SDW، وزن خشک ساقه‌چه؛ RDW، وزن خشک ریشه‌چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی برگ؛ WSC، میزان کربوهیدرات محلول در آب؛ GP%، درصد جوانه‌زنی؛ PI، شاخص سرعت جوانه‌زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه‌زنی.

برگ و شاخص تنش جوانه‌زنی در وضعیت میانگین تنش اسمزی و طبیعی به‌دست آمد. LOD در دامنه ۶/۲۷-۳/۵۲ قرار داشت. بیشترین و کمترین LOD به‌ترتیب مربوط به QTL های محتوای رطوبت نسبی برگ در وضعیت تنش اسمزی و شاخص تنش جوانه‌زنی در وضعیت میانگین تیمارهای تنش و بدون تنش اسمزی بودند. وضعیت طبیعی دو QTL برای طول ساقه‌چه (*Q2sISKn* و *Q1sISKn*) بر روی کروموزوم‌های 1B و 4 به‌ترتیب در جایگاه‌های ۵۷/۰۰ و ۸۲/۵۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۶/۵۷ و ۲۸/۹۲ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. این QTL ها به‌ترتیب با نشانگرهای 1B-gwm413 و 4A-aca/cta-8

QTL های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Babax و Seri M82 در وضعیت بدون تنش و تنش اسمزی در جدول ۴ و شکل ۱ و برای میانگین آنها در جدول ۵ و شکل ۱ نشان داده شده است. برای صفات بررسی‌شده در مجموع ۳۴ جایگاه واجد QTL (۱۱ جایگاه برای وضعیت بدون تنش اسمزی، ۱۲ جایگاه برای وضعیت اعمال تنش اسمزی و ۱۱ جایگاه برای میانگین دو وضعیت) به‌دست آمد. واریانس فنوتیپی توجیه‌شده با این QTL ها از ۱۵/۸۶-۲۸/۸۱ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به‌ترتیب برای محتوای رطوبت نسبی

اسمزی یک QTL (*QrfwSKm*) برای وزن تر ریشه‌چه روی کروموزوم 1A و در جایگاه ۱۱/۴۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۷/۹۳ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۰۱۴- و با نشانگر 1A-wPt-3904 پیوستگی داشت. در وضعیت طبیعی QTL، *QsdwSKn* برای وزن خشک ساقه‌چه بر روی کروموزوم 1D در جایگاه ۳۷/۴۰ سانتی‌مورگان نقشه‌یابی شد. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۰۰۲- داشت، با نشانگر 1D-aca/caa-2 پیوستگی داشت و ۱۶/۴ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. برای وزن خشک ریشه‌چه بر روی کروموزوم 4A در جایگاه ۷۰/۷۰ سانتی‌مورگان یک QTL (*QrdwSKn*) در وضعیت طبیعی تعیین مکان شد که در مجموع ۱۶/۹۸ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۰۰۲-، با نشانگر 4Aagg/cta-9 لینکاژ داشت. در وضعیت طبیعی برای RWC در جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی‌مورگان بر روی کروموزوم 1B یک QTL (*QrwcSKn*) شناسایی شد که ۲۶/۵۱ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۱۲۶- و با نشانگر 1B-wPt-1403 پیوستگی داشت. در وضعیت تنش اسمزی برای RWC یک QTL (*QrwcSKs*) روی کروموزوم 1B در جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که اثر افزایشی ۰/۰۱۶۳- داشت و ۲۸/۵۲ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند و با نشانگر 1B-wPt-1403 لینکاژ داشت. QTL، *QrwcSKm* روی کروموزوم 1B و در جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی‌مورگان در میانگین دو وضعیت برای RWC به‌دست آمد که ۲۸/۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند، اثر افزایشی ۰/۰۱۴۸- و با نشانگر 1B-wPt-1403 پیوستگی داشت. در وضعیت طبیعی دو QTL (*Q1wscSKn* و *Q2wscSKn*) روی کروموزوم‌های 1A و 3B به‌ترتیب در جایگاه‌های ۳۵/۳۰ و ۱۰/۱۶۰ سانتی‌مورگان برای صفت میزان کربوهیدرات‌های محلول در آب شناسایی شد. این QTL ها به‌ترتیب ۱۷/۱۵ و ۱۸/۲۳ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند و دارای اثر افزایشی ۰/۰۵۸۷ و ۰/۰۶۴۷ بودند و با نشانگرهای 1A-wmc097 و 3B-act/ctc-2 پیوستگی داشتند. QTL،

پیوستگی و اثر افزایشی ۰/۲۷۸۹- و ۰/۳۳۲۷- داشتند. در وضعیت تنش خشکی برای طول ساقه‌چه یک QTL (*QslSKs*) روی کروموزوم 7A در جایگاه صفر سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۸/۴۱ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کرد. این QTL اثر افزایشی ۰/۲۲۶۰- و با نشانگر 7A-wPt-6460 پیوستگی داشت. یک QTL برای طول ریشه‌چه (*QrlSKn*) در جایگاه ۳۱/۴۰ سانتی‌مورگان بر روی کروموزوم 4B در وضعیت طبیعی شناسایی شد که ۲۰/۴۳ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کرد. این QTL با نشانگر 4B-aac/ctg-7 پیوستگی و اثر افزایشی ۰/۲۸۵۰- داشت. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی برای تعداد ریشه‌چه دو QTL (*Q1nrSKm* و *Q2nrSKm*) روی کروموزوم‌های 4A و 7A در جایگاه ۹۷/۸۰ و ۱۸/۳۰ سانتی‌مورگان شناسایی شدند که به‌ترتیب ۱۸/۲۳ و ۱۶/۱۲ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند. این QTL ها به‌ترتیب اثر افزایشی ۰/۱۱۰۰ و ۰/۰۸۷۶ و با نشانگرهای 4A-aca/ctg-3 و 7A-wmc0233 پیوستگی داشتند. در وضعیت طبیعی برای وزن تر ساقه‌چه یک QTL (*QsfwSKn*) در جایگاه ۲۹/۳۰ سانتی‌مورگان بر روی کروموزوم 1D شناسایی شد که ۱۷/۲۷ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL در مجاورت نشانگر 1D-acc/ctc-1 قرار داشت و اثر افزایشی ۰/۰۰۱۹- داشت. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش خشکی دو QTL، *Q1sfwSKm* و *Q2sfwSKm* برای وزن تر ساقه‌چه روی کروموزوم‌های 1A و 7A شناسایی شدند که به‌ترتیب ۲۱/۳۶ و ۱۵/۵۵ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند. این QTL ها به‌ترتیب اثر افزایشی ۰/۰۰۱۶ و ۰/۰۰۱۴ و در مجاورت نشانگرهای 1A-wPt-8016 و 7A-aca/cag-8 قرار داشتند.

در وضعیت تنش خشکی برای وزن تر ریشه‌چه روی کروموزوم 1A یک QTL (*QrfwSKs*) در جایگاه ۶۲/۸۰ سانتی‌مورگان نقشه‌یابی شد که ۲۱/۴۴ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۰۲۵ و با نشانگر 1A-aca/cag-13 پیوستگی داشت. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش

توجیه می‌کند. این QTL با نشانگر 4A-aca/cta-8 پیوستگی داشت. QTL، *QvisSKs* روی کروموزوم 7D در جایگاه ۱۸/۳۰ سانتی‌مورگان برای بنیهٔ بذر در وضعیت تنش اسمزی شناسایی شد که ۱۶/۳۱ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۳۸۶۰ و با نشانگر 7D-aca/cac-7 پیوستگی داشت. برای بنیهٔ بذر یک QTL (*QvisSKm*) برای میانگین دو وضعیت روی کروموزوم 2B در جایگاه ۴۹/۰۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۵/۹۶ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۲۴۸۰ و با نشانگر 2B-wmc0332 پیوستگی داشت. در وضعیت طبیعی برای نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه یک QTL (*Qsl/rISKn*) روی کروموزوم 5A در فاصلهٔ ۴۰/۰۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۶/۹۴ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL اثر افزایشی ۰/۰۳۹۴ و با نشانگر 5A-gwm304 پیوستگی داشت. در وضعیت تنش خشکی برای این صفت دو QTL (*Qisl/rISKs*) و *Q2sl/rISKs* به ترتیب روی کروموزوم‌های 1A و 7A در جایگاه‌های ۶۷/۸۰ و ۸۶/۲۰ سانتی‌مورگان شناسایی شدند که به ترتیب ۲۶/۰۹ و ۱۸/۵۸ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند. این QTL ها به ترتیب اثر افزایشی ۰/۰۶۱۶ و ۰/۰۴۵۲ و با نشانگرهای 1A-aca/cag-13 و 7A-aca/caa-1 لینکاژ داشتند. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی برای شاخص تنش جوانه‌زنی یک QTL (*QgsiSKm*) روی کروموزوم 4A و در جایگاه ۱۰۶/۵۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۵/۸۶ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند. این QTL دارای اثر افزایشی ۲/۶۶۳۰ بود و با نشانگر 4A-aca/cag-1 پیوستگی داشت. در وضعیت طبیعی برای صفات تعداد ریشه‌چه، وزن تر ریشه‌چه، درصد و سرعت جوانه‌زنی، در وضعیت تنش اسمزی برای صفات طول و تعداد ریشه‌چه، وزن تر و خشک ساقه‌چه و وزن خشک ریشه‌چه و در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی برای صفات طول ساقه‌چه و ریشه‌چه، وزن خشک ساقه‌چه و ریشه‌چه، سرعت جوانه‌زنی و نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه QTL یافت نشد. در دو وضعیت آزمایشی و میانگین آنها،

QwscSKs روی کروموزوم 1B در جایگاه ۴۱/۷۰ سانتی‌مورگان برای میزان کربوهیدرات‌های محلول در آب در وضعیت تنش اسمزی شناسایی شد که ۱۶/۸۵ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند و اثر افزایشی ۰/۰۴۳۷ داشت. این QTL با نشانگر 1B-4-aac/caa پیوستگی داشت. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی یک QTL (*QwscSKm*) برای میزان هیدرات‌های کربن محلول در آب روی کروموزوم 1B در جایگاه ۲۸/۲۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که ۱۹/۵۶ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کند و اثر افزایشی ۰/۰۴۴۴ و با نشانگر 1B-wPt-1403 لینکاژ داشت. در وضعیت تنش اسمزی برای درصد جوانه‌زنی سه QTL (*Q1gpiSKs*، *Q2gpiSKs* و *Q3gpiSKs*) به ترتیب روی کروموزوم‌های 2B، 4A و 7D در جایگاه‌های ۳۴/۲۰، ۱۰۶/۵۰ و ۱۷/۳۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد. میزان واریانس فنوتیپی توجیه‌شده با این QTL ها به ترتیب ۱۷/۰۵، ۱۶/۱۲ و ۱۵/۶۹ درصد بود و اثر افزایشی ۴/۳۲۳۰، ۳/۷۳۱۰ و ۳/۴۵۸۰ داشتند. این QTL ها در مجاورت نشانگرهای 2B-gwm388، 4A-aca/cag-1 و 7D-aca/cac-7 قرار داشتند. در میانگین دو وضعیت طبیعی و تنش اسمزی برای درصد جوانه‌زنی دو QTL (*Q1gpiSKm* و *Q2gpiSKm*) روی کروموزوم‌های 2B و 3B به ترتیب در جایگاه‌های ۳۴/۲۰ و ۸۴/۴۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که به ترتیب ۱۷/۷۱ و ۱۷/۳۸ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند. این QTL ها اثر افزایشی ۲/۱۶۲۰ و ۲/۰۶۱۰ و با نشانگرهای 2B-gwm388 و 3B-acc/ctg-5 پیوستگی داشتند. در وضعیت تنش اسمزی برای سرعت جوانه‌زنی دو QTL (*Q1piSKs* و *Q2piSKs*) به ترتیب روی کروموزوم‌های 2B و 5A در جایگاه ۳۴/۲۰ و ۳۸/۸۰ سانتی‌مورگان یافت شد که به ترتیب ۱۷/۴۶ و ۱۶/۳۰ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه می‌کنند. این QTL ها اثر افزایشی ۰/۹۳۵۰ و ۰/۷۶۳۰ و با نشانگرهای 2B-gwm388 و 5A-aac/ctc-12 پیوستگی داشتند. در وضعیت طبیعی برای بنیهٔ بذر یک QTL (*QvisSKn*) روی کروموزوم 4A در جایگاه ۸۲/۵۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد که اثر افزایشی ۰/۴۷۴۰ داشت و ۲۰/۷۹ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را

گیاهان عالی روش زندگی پویا دارند و از جوانه‌زنی تا بلوغ تغییر می‌کنند. الگوی تغییر در یک محیط از یک ژنوتیپ به ژنوتیپ دیگر یا در محیط‌های متفاوت برای یک ژنوتیپ به ندرت یکسان می‌شود. از مهم‌ترین اهداف اصلاح‌گران نباتات، اصلاح ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و کیفیت برتر است که در محیط‌های متفاوت پایداری لازم را داشته باشند (Yadav et al., 2003). این مسئله به‌ویژه برای اصلاح‌گران گندم نیز صدق می‌کند، چون این محصول چندمنظوره در نقاط مختلف جهان با وضعیت‌های اقلیمی گوناگون کشت می‌شود. در مجموع دو روش اصلی برای دست‌یافتن به پایداری لازم در یک گونه وجود دارد: اول، شناسایی QTL های محیط غیراختصاصی (پایدار) یا QTL های با حداقل اثر متقابل $QTL \times E$ که در گزینش به کمک نشانگر برای دست‌ورزی صفات مفید باشند. دوم، ساخت گونه‌های سازگارتر با هر می‌کردن QTL های متفاوتی که هر یک به وضعیت‌های اقلیمی گوناگون سازگاری داشته باشد (Hayes et al., 1993). بنابراین برای مقاصد اصلاحی، اولین و مهم‌ترین مسئله پایداری در ظهور QTL های نقشه‌یابی شده‌ای است که ممکن است کاندیدای گزینش به کمک نشانگر باشند. QTL های پایدار، موجب پایداری نسبی کنترل ژنتیکی می‌شوند و بر اثر متقابل $QTL \times E$ غلبه می‌کنند. پایداری QTL ها در محیط‌ها و زمینه‌های ژنتیکی متفاوت، ناشی از کنترل صفات با تعداد اندکی مکان ژنی با آثار زیاد است. این مسئله، مهم‌ترین بخش گزینش به کمک نشانگر است. برای ارزیابی پایداری آثار QTL ها، جامعه نقشه‌کشی باید در وضعیت‌های محیطی و زمینه‌های ژنتیکی متفاوت بررسی شود. در دو وضعیت آزمایشی و میانگین آنها، QTL جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی‌مورگان (*QrweSK*) مجاور نشانگر 1B-wPt-1403 کنترل‌کننده RWC پایداری کامل داشت. به‌عبارت دیگر موقعیت و اثر QTL نامبرده در وضعیت‌های مختلف و میانگین آنها پایدار بود. اثر متقابل گونه×محیط برای RWC بی‌معنا بود (جدول ۱). در نتیجه واکنش گونه‌ها در محیط‌های گوناگون یکسان بوده و این مسئله احتمالاً به‌واسطه QTL محیط غیراختصاصی (پایدار) *QrweSK* است که در هر دو

اکثر QTL های نقشه‌یابی شده پایداری لازم را نداشتند. به عبارت دیگر برای یک صفت در دو وضعیت بررسی شده و میانگین آنها، QTL های متنوعی به‌دست آمد. یا اینکه محل قرارگیری آنها کمی تفاوت داشت یا آثار آلی آنها متفاوت بود. در تجزیه QTL ممکن است، محل قرارگیری یک QTL در جایگاه خاصی تعیین شود، در حالیکه محل قرارگیری واقعی آن تا چندین سانتی‌مورگان از آن فاصله داشته باشد (Kearsey & Farquhar, 1998). یکی از دلایلی که باعث می‌شود تا یک QTL در نواحی مختلف ژنوم واقع شود، اثر محیط است. ناپایداری QTL ها در محیط‌های متفاوت ناشی از کنترل صفات به‌وسیله تعداد زیادی مکان ژنی با آثار کم است و اثر محیط در آنها زیاد است. جوامع اصلاحی وقتی در محیط‌های متنوع آزمایش می‌شوند، معمولاً اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را نشان می‌دهند. در این حالت حداقل برخی از ژن‌ها QTL هایی را بروز می‌دهند که اثر متقابل $QTL \times E$ را نشان می‌دهند. اثر متقابل $QTL \times E$ به‌صورت تغییر در تعداد QTL ها یا تغییر در اندازه اثر آنها در محیط‌های متفاوت بیان می‌شود (Hayes et al., 1993؛ سیاه‌سر و همکاران، ۱۳۸۸). بنابراین در تجزیه QTL تکرار آزمایش در چند محیط اهمیت خاصی دارد زیرا بعضی از QTL ها محیط اختصاصی هستند و در صورت فقدان تکرار در محیط شناسایی نخواهند شد. عواملی مانند جامعه گیاهی، نرم‌افزار، تابع نقشه‌کشی و تعداد و نوع نشانگرهای آزمایشی نیز ممکن است بر یکسان‌بودن نتایج به‌دست آمده تأثیر بگذارند (Siahsar & Narouei, 2010). اثر متقابل $QTL \times E$ در مطالعات زیادی (Lu et al., 1996؛ Cogan et al., 2005؛ Yadav et al., 2003) مشاهده شده است. عوامل محیطی از جمله خشکی بر اندازه‌های کمی صفات تأثیر می‌گذارند. به‌عبارت دیگر اندازه تنوع ممکن است در درجه‌های متفاوت خشکی گوناگون باشد و موجب ناپایداری QTL ها شود. علاوه بر این مقادیر گوناگون، خطا در آزمایش‌های متفاوت نیز ممکن است موجب ناپایداری شود. بنابراین برای اینکه بتوان از QTL ها برای بهبود گونه‌های زراعی استفاده کرد، نیاز به مطالعات زیادی در سال‌ها، مکان‌ها، زمینه‌های ژنتیکی متفاوت و همچنین جمعیت‌های گوناگون است.

(Narouei & 2010؛ سیاه‌سر و همکاران، ۱۳۸۸). در این پژوهش اکثر QTL های نقشه‌یابی شده صفت اختصاصی بودند، ولی برخی از آنها صفت غیراختصاصی بودند. برای نمونه اثر بزرگ QTL جایگاه ۸۲/۵۰ سانتی‌مورگان مجاور نشانگر aca/cta-8 روی کروموزوم 4A بر طول ساقچه و بنیه بذر یا اثر بزرگ QTL مجاور نشانگر gwm388 در جایگاه ۳۴/۲۰ سانتی‌مورگان کروموزوم 2B بر درصد جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی، نشانگر این است که احتمالاً ژن‌های خوشه‌ای کنترل‌کننده صفات مربوط به تنش اسمزی در مرحله جوانه‌زنی در این ناحیه از کروموزوم‌ها قرار گرفته‌اند. ژن‌های خوشه‌ای صفات متفاوت ممکن است موجب همپوشانی QTL ها شوند.

وضعیت و میانگین آنها نمود یافته است؛ بنابراین ممکن است از آن برای گزینش به کمک نشانگر استفاده شود. آثار آلی مثبت و منفی مربوط به QTL ها، توجیه‌کننده همبستگی‌های مثبت و منفی موجود بین صفات بود (جدول‌های ۴ و ۵). به عبارتی آثار آلی هم‌علامت، موجب همبستگی مثبت و آثار آلی با علامت مخالف موجب همبستگی منفی صفات شد. هم‌مکانی چند QTL موجب همبستگی‌های بالای صفات شده است. هم‌مکانی بین QTL ها به واسطه لینکاژ بین دو ژن یا اثر پلیوتروپی یک ژن است. پلیوتروپی هم‌زمان دو یا چند صفت (اجزای فرعی صفات) را کنترل می‌کند و وقتی یک صفت انتخاب شود، موجب کاهش یا افزایش هم‌زمان صفات همبسته می‌شود. در پلیوتروپی همبستگی بین صفات هرگز شکسته نمی‌شود (Siahsar)

جدول ۴. QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مربوط به جوانه‌زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم در وضعیت طبیعی و تنش اسمزی

R ²	اثر آلی (افزایشی)		LOD		موقعیت QTL	نزدیکترین نشانگر	نام کروموزوم	QTL	صفت
	تنش	نرمال	تنش	نرمال					
۱۶/۵۷	-	-۰/۲۷۸۹	-	۳/۸۲	۵۷/۰۰	gwm413	۱B	Q1slSKn	SL
۲۸/۹۲	-	-۰/۳۳۲۷	-	۵/۹۰	۸۲/۵۰	aca/cta-8	۴A	Q2slSKn	
-	۱۸/۴۱	-	۰/۲۲۶۰	-	۴/۵۵	wPt-6460	۷A	QslSKs	
۲۰/۴۳	-	-۰/۲۸۵۰	-	۵/۰۸	۳۱/۴۰	aac/ctg-7	۴B	QrlSKn	RL
۱۷/۲۷	-	-۰/۰۰۱۹	-	۳/۸۳	۲۹/۳۰	acc/ctc-1	۱D	QsfwSKn	SFW
-	۲۱/۴۴	-	۰/۰۰۲۵	-	۳/۷۲	aca/cag-13	۱A	QrfwSKs	RFW
۱۶/۴۰	-	-۰/۰۰۰۲	-	۳/۷۵۰	۳۷/۴۰	aca/caa-2	۱D	QsdwSKn	SDW
۱۶/۹۸	-	-۰/۰۰۰۲	-	۴/۱۴	۷۰/۷۰	agg/cta-9	۴A	QrdwSKn	RDW
۲۶/۵۱	-	-۶/۰۱۲۶	-	۵/۷۴	۲۵/۲۰	wPt-1403	۱B	QrwcSKn	RWC
-	۲۸/۵۲	-	-۶/۰۱۶۳	-	۶/۲۷	wPt-1403	۱B	QrwcSKs	
۱۷/۱۵	-	۱/۰۵۸۷	-	۴/۲۴	۳۵/۳۰	wmc097	۱A	Q1wscSKn	WSC
۱۸/۲۳	-	۰/۰۶۴۷	-	۴/۳۴	۱۰/۱۶۰	act/ctc-2	۳B	Q2wscSKn	
-	۱۶/۸۵	-	-۰/۰۴۳۷	-	۳/۶۲	aca/caa-9	۳B	QwscSKs	
-	۱۷/۰۵	-	۴/۳۲۳۰	-	۴/۲۳	gwm388	۲B	Q1gpSKs	GP%
-	۱۶/۱۲	-	۳/۳۳۱۰	-	۳/۸۰	aca/cag-1	۴A	Q2gpSKs	
-	۱۵/۶۹	-	۳/۴۵۸۰	-	۳/۶۱	aca/cac-7	۷D	Q3gpSKs	
-	۱۷/۴۶	-	۰/۹۳۵۰	-	۴/۲۰	gwm388	۲B	Q1piSKs	PI
-	۱۶/۳۰	-	۰/۷۶۳۰	-	۳/۶۹	aac/ctc-12	۵A	Q2piSKs	
۲۰/۷۹	-	-۰/۴۷۴۰	-	۵/۴۷	۸۲/۵۰	aca/cta-8	۴A	QviSKn	Vi
-	۱۶/۳۱	-	۰/۳۸۶۰	-	۳/۶۵	aca/cac-7	۷D	QviSKs	
۱۶/۹۴	-	۰/۰۳۹۴	-	۳/۹۶	۴۰/۰۰	gwm304	۵A	Qsl/rlSKn	SL/RL
-	۲۶/۰۹	-	۰/۰۶۱۶	-	۴/۲۱	aca/cag-13	۱A	Q1sl/rlSKs	
-	۱۸/۵۸	-	۰/۰۴۵۲	-	۴/۸۰	aca/caa-1	۷A	Q2sl/rlSKs	

SL، طول ساقچه؛ RL، طول ریشه‌چه؛ NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقچه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ SDW، وزن خشک ساقچه؛ RDW، وزن خشک ریشه‌چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی برگ؛ WSC، میزان هیدرات کربن محلول در آب؛ GP%، درصد جوانه‌زنی؛ PI، شاخص سرعت جوانه‌زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه به ریشه‌چه.

برای نقشه‌یابی نیاز است. برای صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک مرتبط با جوانه‌زنی در وضعیت تنش و بدون تنش اسمزی نواحی ژنومی متفاوتی تعیین شد که QTL

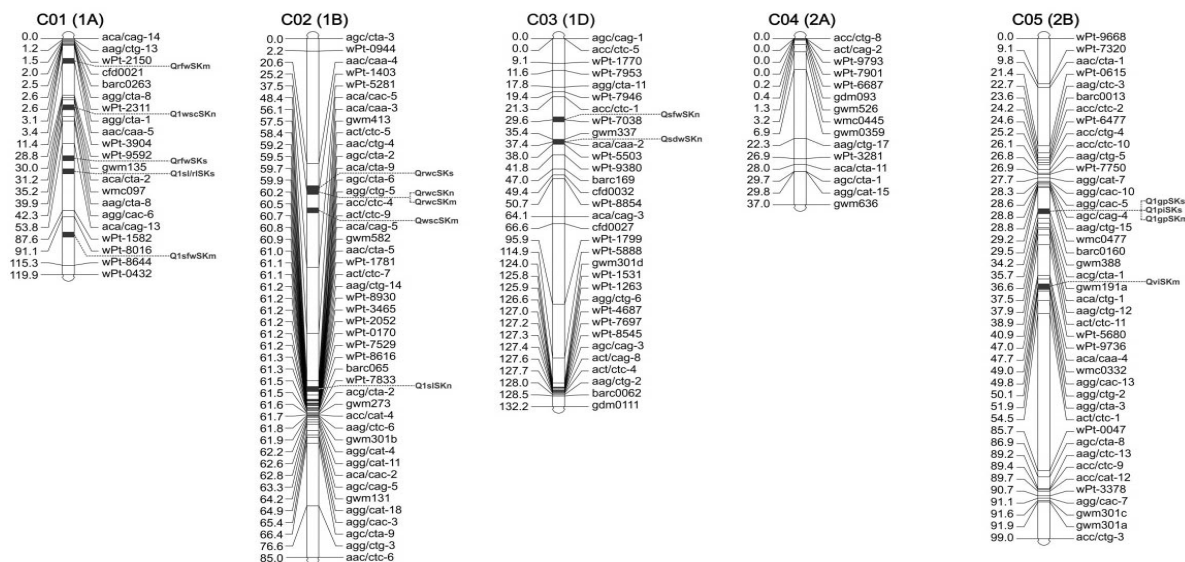
با این وجود، برای فهم اینکه ماهیت نواحی کنترل‌کننده بیشتر از یک صفت، ناشی از پلیوتروپی، لینکاژ ژنی یا ژن‌های خوشه‌ای است، نقشه با چگالی بالا

جایگاه ۲۵/۲۰ سانتی مورگان کروموزوم 1B کنترل کننده محتوای رطوبت نسبی برگ پایداری کامل داشت. در نتیجه احتمالاً بتوان از آن در گزینش به کمک نشانگر استفاده کرد. گزینش به کمک نشانگر برای محتوای رطوبت نسبی برگ ممکن است موجب افزایش قوای گیاه برای حفظ رشد آن در خاک‌های در معرض تنش خشکی در مراحل بحرانی اولیه رشد شود.

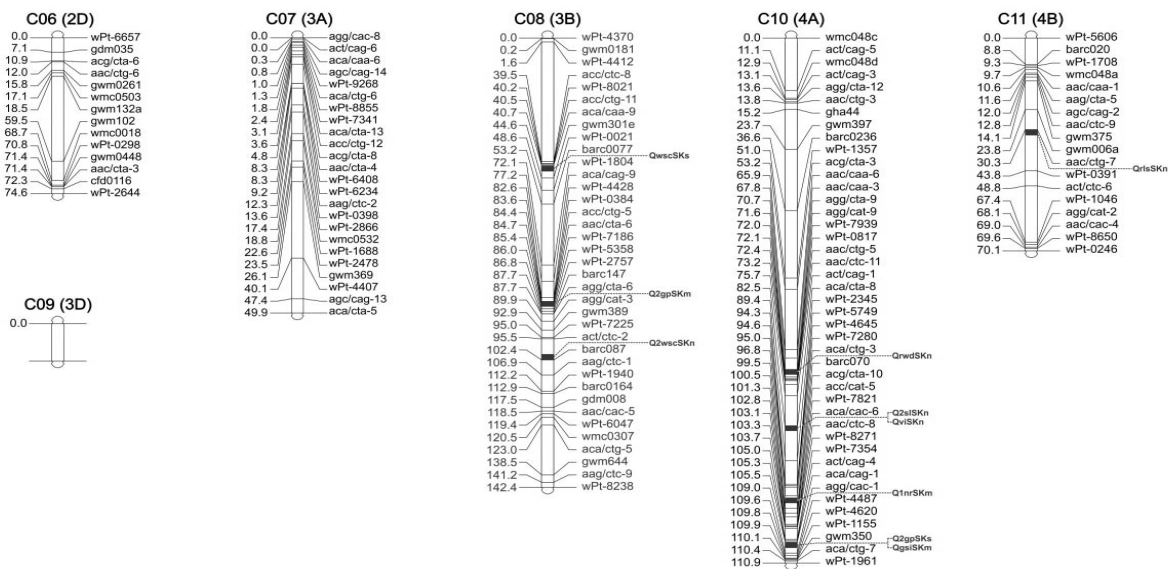
جدول ۵. QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مربوط به جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم در میانگین وضعیت طبیعی و تنش اسمزی

صفت	QTL	نام کروموزوم	نزدیکترین نشانگر	موقعیت QTL	LOD	اثر افزایشی	R ²
NR	QnrSKm	۴A	aca/ctg-۳	۹۷/۸۰	۴/۲۷	۰/۱۱۰۰	۱۸/۲۳
	QnrSKm	۷A	wmc۰۳۳۳	۱۸/۳۰	۳/۶۲	۰/۰۸۷۶	۱۶/۱۲
SFW	QsfwSKm	۱A	wPt-۸۰۱۶	۱۰۰/۱۰	۳/۷۷	۰/۰۰۱۶	۲۱/۳۶
	QsfwSKm	۷A	aca/cag-۸	۳۵/۷۰	۴/۲۵	۰/۰۰۱۴	۱۸/۵۵
RFW	QrfwSKm	۱A	wPt-۳۹۰۴	۱۱/۴۰	۴/۲۶	-۰/۰۰۱۴	۱۷/۹۳
RWC	QRWCSKm	۱B	wPt-۱۴۰۳	۲۵/۲۰	۵/۶۹	-۶/۰۱۴۸	۲۸/۸۱
WSC	QWCSKm	۱B	wPt-۱۴۰۳	۲۸/۲۰	۴/۱۶	-۰/۰۴۴۴	۱۹/۵۶
GP%	QgpSKm	۲B	gwm۳۸۸	۳۴/۲۰	۴/۴۶	۲/۱۶۲۰	۱۷/۷۱
	QgpSKm	۳B	acc/ctg-۵	۸۴/۴۰	۴/۰۵	۲/۰۶۱۰	۱۷/۳۸
Vi	QviSKm	۲B	wmc۰۳۳۲	۴۹/۰۰	۳/۶۸	۰/۲۴۸۰	۱۵/۹۶
GSI	QgsiSKm	۴A	aca/cag-۱	۱۰۶/۵۰	۳/۵۲	۲/۶۶۳۰	۱۵/۸۶

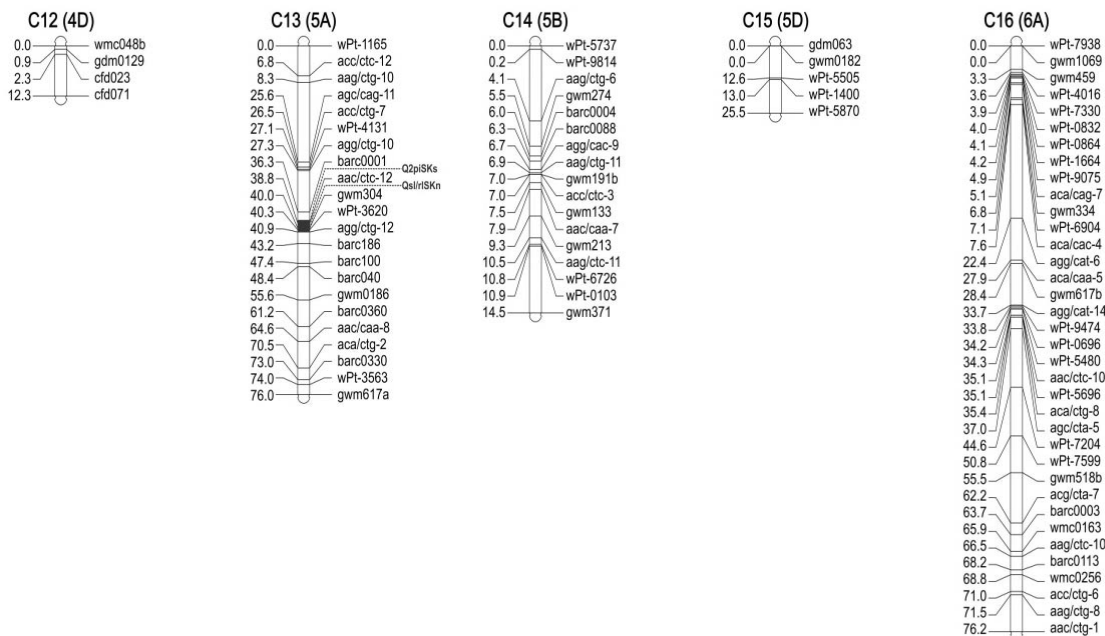
NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقه‌چه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی برگ؛ WSC، میزان هیدرات کربن محلول در آب؛ GP%، درصد جوانه‌زنی؛ Vi، بنیهٔ بذر؛ GSI، شاخص تنش جوانه‌زنی.



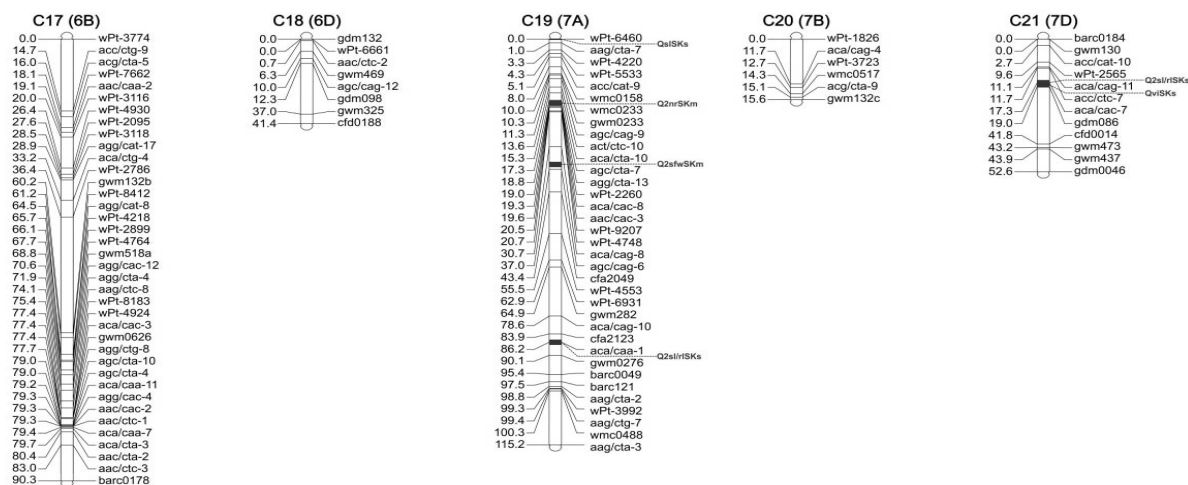
شکل ۱. نقشه QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم. SL، طول ساقه‌چه؛ RL، طول ریشه‌چه؛ NR، تعداد ریشه‌چه؛ SFW، وزن تر ساقه‌چه؛ RFW، وزن تر ریشه‌چه؛ SDW، وزن خشک ساقه‌چه؛ RDW، وزن خشک ریشه‌چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی؛ WSC، هیدرات کربن محلول در آب؛ GP%، درصد جوانه‌زنی؛ Pi، سرعت جوانه‌زنی؛ Vi، بنیهٔ بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه‌چه به ریشه‌چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه‌زنی



ادامه شکل ۱. نقشه QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم. SL، طول ساقه چه؛ RL، طول ریشه چه؛ NR، تعداد ریشه چه؛ SFW، وزن تر ساقه چه؛ RFW، وزن تر ریشه چه؛ SDW، وزن خشک ساقه چه؛ RDW، وزن خشک ریشه چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی؛ WSC، هیدرات کربن محلول در آب؛ GP، درصد جوانه زنی؛ Pi، سرعت جوانه زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه چه به ریشه چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه زنی.



ادامه شکل ۱. نقشه QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم. SL، طول ساقه چه؛ RL، طول ریشه چه؛ NR، تعداد ریشه چه؛ SFW، وزن تر ساقه چه؛ RFW، وزن تر ریشه چه؛ SDW، وزن خشک ساقه چه؛ RDW، وزن خشک ریشه چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی؛ WSC، هیدرات کربن محلول در آب؛ GP، درصد جوانه زنی؛ Pi، سرعت جوانه زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقه چه به ریشه چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه زنی.



ادامه شکل ۱. نقشه QTL های ۱۴ صفت فیزیولوژیک و مورفولوژیک مرتبط با جوانه زنی در ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب گندم، SL، طول ساقچه؛ RL، طول ریشه چه؛ NR، تعداد ریشه چه؛ SFW، وزن تر ساقچه چه؛ RFW، وزن تر ریشه چه؛ SDW، وزن خشک ساقچه چه؛ RDW، وزن خشک ریشه چه؛ RWC، محتوای رطوبت نسبی؛ WSC، هیدرات کربن محلول در آب؛ GP، درصد جوانه زنی؛ Pi، سرعت جوانه زنی؛ Vi، بنیه بذر؛ SL/RL، نسبت طول ساقچه چه به ریشه چه؛ GSI، شاخص تنش جوانه زنی.

REFERENCES

- Rahimian Mashhadi, H., Bagheri, A. & Paryab, A. (1991). The potential effects of the polyethylene glycol and sodium chloride with temperature on germination of wheat in dryland stand. *Journal of Agricultural Sciences and Technology*, 5, 36-45.
- Siyahsar, B. A., Talei, A. R., Peyghambari, S. A. & Naqvi, M. R. (2009). Mapping of genomic regions Lvfh quality traits of barley under drought stress conditions. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 40 (4), 35-45.
- Abdoulshahy, R., Omidi, M., Talei, A. R. & Yazdi-Samadi, B. (2009). Survey map QTL controlling drought tolerance in wheat. *Journal of Agricultural Research*, 7 (2), 527-539.
- Abdulkaki, A. A. & Anderson, J. D. (1970). Viability and leaching of sugars from germinating barley. *Crop Sci*, 10, 31 – 34.
- Agrawai, R. L. (1991). *Seed Technology*. Oxford and IBH Pub, 658 P.
- Ayoub, M., Armstrong, E., Bridger, G., Fortin, M. G., & Mather, D. E. (2003). Marker-based selection in barley for a QTL region affecting alpha amylase activity of malt. *Crop Sci*, 43, 556-561.
- Broman, K. W. & Speed, T. P. (1999). A review of methods for identifying QTLs in experimental crosses. *Stat. Mol. Biol. Genet., IMS Lecture Notes Monograph Series*, 33, 42– 114.
- Bousslama, M. & Schapaugh, W. T. (1984). Stress tolerance in soybean. I: evaluation of three screening techniques for heat and drought tolerance. *Crop Sci*, 24, 933- 937.
- Cogan, N. O. I., Smith, K. F., Yamada, T., Francki, M. G., Vecchies, A. C., Jones, E. S., Spangenberg, G. C. & Forster, J. W. (2005). QTL analysis and comparative genomics of herbage quality traits in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Theor. Appl. Genet*, 110, 364-380.
- Copland, L. D. & Mc Donald, M. B. (1995). *Principal of Seed Science and Technology*. 3rd ed. Chapman and hall, New York. N.Y.
- De, R. & Kar, R. K. (1995). Seed germination and seedling growth of mung bean (*Vigna radiate*) under water stress induced by PEG 6000. *Seed. Sci. and Technol*, 23, 301-308.
- Fox, P., López, C., Skovmand, B., Sánchez, H., Herrera, R., White, J. W., Duveiller, E. & van Ginkel, M. (1996). *International Wheat Information System (IWIS)*, V.1. Mexico, D. F., CIMMYT Compact Disc.
- Han, F., Romagosa, I., Ullrich, S. E., Jones, B. L., Hayes, P. M. & Wesenberg, D. (1997). Molecular marker-assisted selection for malting quality traits in barley. *Mol. Breed*, 3, 427-437.

14. Hayes, P. M., Liu, B. H., Knapp, S. J., Chen, F., Jones, B., Blake, T., Franckowiak, J., Rasmussen, D., Sorrells, M., Ullrich, S. E., Wesenberg, D. & Kleinhofs, A. (1993). Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germplasm. *Theor. Appl. Genet*, 87, 392-401.
15. Irigoyen, J. J., Emerich, D. W. & Sanches-Daiz, M. (1992). Water stress induced changes in concentration of praline and total soluble sugars in nodulated alfalfa plants. *Plant Physiol*, 84, 55-60.
16. Kato, K., Miura, H. & Sawada, S. (2000). Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. *Theor. Appl. Genet*, 101, 1114- 1121.
17. Kearsley M. J. & Farquhar, A. G. L. (1998). QTL analysis in plants: where are we now? *Heredity*, 80,137-142.
18. Kirigwi, F. M., Van Ginkel, M., Trethowan, R. G., Sears, R. G., Rajaram, S. & Paulsen, G. M. (2004). Evaluation of selection strategies for wheat adaptation across water regimes. *Euphytica*, 135, 361- 371.
19. Knapp, S. J., Stroup, W. W. & Ross, W. M. (1985). Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Sci*, 25, 192-194.
20. Landjeva, S., Neumann, K., Lohwasser, U. & Borner, A. (2008). Molecular mapping of genomic region associated with wheat seedling growth under osmotic stress. *Biol. Plantarum*, 52, 259-266.
21. Liang, G. H. & Walter, T. L. (1968). Heritability estimates and gene effects for agronomic trials in grain sorghum. *Crop Sci*, 8, 77-80.
22. Lu, C., Shen, L., Tan, Z., Xu, Y., He, P., Chen, Y. & Zhu, L. (1996). Comparative mapping of QTL for agronomic traits in rice across environments using a doubled haploid population. *Theor. Appl. Genet*, 93, 1211-1217.
23. Maguire, J. D. (1962). Speeds of germination-aid selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci*, 2, 176-177.
24. McIntyre, CL., Mathews, K. L., Rattey, A., Drenth, J., Ghaderi, M., Reynolds, M., Chapman, S. C. & Shorter, R. (2010). Molecular detection of genomic regions associated with grain yield and yield components in an elite bread wheat cross evaluated under irrigated and rainfed conditions. *Theor. Appl. Genet*, 120(3), 527-541.
25. Michel Burlyn, E. & Kaufmann, M. R. (1973). The osmotic potential of polyethylene glycol 6000. *Plant Physiol*, 51, 914-916.
26. Olivares-Villegas, J. J., Reynolds, M. P., McDonald, G. K. (2007) Drought adaptive attributes in the Seri/Babax hexaploid wheat population. *Func. Plant Biol*, 34, 89-203.
27. Panse, V. G. (1957). Genetics of quantitative characters in relation to plant breeding. *Indian J. Genet*, 17, 317-328.
28. Pessaraki, M. (1999). Handbook of plant and crop stress. *Marcel Dekker, Inc*, 697 p.
29. Roberts, E. H. & Osei-Bonsu, K. (1988). Seed and seedling vigor. In: Summerfield, R. J. (ed.). *World Crop: Cool Season Food Legumes*. Springer, pp, 897-910.
30. Sanguineti, M. C., Li, S., Maccaferri, M., Corneti, S., Rotondo, F., Chiari, T. & Tuberosa, R. (2007). Genetic dissection of seminal root architecture in elite durum wheat germplasm. *Ann. Appl. Biol*, 151, 291-305.
31. Siahisar, B. A. & Narouei, M. (2010). Mapping QTLs of physiological traits associated with salt tolerance in Steptoe×Morex doubled haploid lines of barley at seedling stage. *J. Food, Agric. Environ*, 8(2), 751-759.
32. Spielmeyer, W., Joaquim, J. P., Azanza, F., Bonnet, D., Ellis, M. E., Moore, C. & Richards R. A. (2007). A QTL on chromosome 6A in bread wheat is associated with longer cloptiles, greater seedling vigor and final plant height. *Theor. Appl. Genet*, 115, 59-66.
33. Therrien, M. C. (2003). Heritability estimates for forage quality in barley. *Barley Genet. Newsl*, 33, 16-17.
34. Waines, J. G. & Ehdaie, B. (2007). Domestication and crop physiology: roots of green revolution wheat. *Annales. Bot*, 100, 991-998.
35. Yadav, R. S., Bidinger, F. R., Hash, C. T., Yadav, Y. P., Yadav, O. P., Bhatnagar, S. K. & Howarth, C. J., (2003). Mapping and characterization of QTL×E interactions for traits determining grain and stover yield in pearl millet. *Theor. Appl. Genet*, 106, 512-520.