

شناسایی برخی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده مقاومت به ورس در گندم دوروم
(*Triticum turgidum* L. var. Durum) با استفاده از نشانگر ریزماهواره
Identification of some quantitative trait loci for lodging in durum wheat
(*Triticum turgidum* L. var. Durum) using microsatellite markers

سعد اله هوشمند^۱ و ران ناکس^۲

چکیده

هوشمند، س. و ر. ناکس. ۱۳۸۲. شناسایی برخی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده مقاومت به ورس در گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. Durum) با استفاده از نشانگر ریزماهواره. مجله علوم زراعی. ۱۰ (۴): ۳۸۹-۳۹۹.

بررسی حاضر با هدف مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده ورس در گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. Durum) با استفاده از یک جامعه دابلد هاپلوئید صورت پذیرفت. این جامعه شامل ۱۵۵ لاین بود که از تلاقی رقم کوفلا و لاین Kyle*2/Biodur حاصل شده بود. رقم کوفلا در مقایسه با والد دیگر از مقاومت بالاتری نسبت به ورس برخوردار است. اطلاعات فنوتیپی از ارزیابی مقاومت به ورس لاین‌های دابلد هاپلوئید و والدین طی دو سال زراعی ۲۰۰۱ و ۲۰۰۲ میلادی در دو منطقه رجینا و ایندین‌هد در ایالت ساسکاچوان کانادا حاصل شد و تفاوت معنی‌داری بین لاین‌های حاصل از تلاقی از لحاظ این ویژگی مشاهده گردید. چند شکلی والدین با استفاده از ۵۱۷ نشانگر ریزماهواره بررسی و نشانگرهای چندشکل در والدین برای غربال کلیه لاین‌های جامعه استفاده شدند. نقشه پیوستگی ۵۳ نشانگر چندشکل، ۱۴ گروه پیوسته و ۱۱ نشانگر ناپیوسته را تشکیل دادند که حدود ۹۷۱ سانتی‌مورگان از ژنوم گندم دوروم را پوشش داد. رابطه بین داده‌های ژنوتیپی و فنوتیپی بر اساس روش‌های تجزیه تک نشانگر، مکان‌یابی فاصله‌ای ساده و مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب و با استفاده از میانگین‌های حاصل از روش حداقل مربعات بررسی شد. نتایج بیانگر سه QTL مرتبط با مقاومت به ورس در این جامعه بود. تأثیر اول QTL که روی کروموزوم 4BL قرار دارد در هر چهار محیط معنی‌دار ($P < 0.0001$) بود و به‌طور میانگین ۲۰ درصد از تغییرات فنوتیپی صفت را تبیین کرد. تأثیر دو مکان ژنی دیگر که روی کروموزوم 2AL قرار داشتند، وابسته به محیط بود و حداقل در یکی از چهار محیط رابطه معنی‌داری با تغییرات این صفت نشان داد و بین ۴ تا ۸ درصد از تغییرات این صفت را توضیح داد.

واژه‌های کلیدی: گندم دوروم، لاین دابلد هاپلوئید، محیط، نشانگر ریزماهواره، ورس و QTL.

مقاومت به ورس در غلات و از جمله گندم دوروم مورد استفاده قرار گیرد. مطالعات در زمینه شناسایی مکانهای ژنی کنترل کننده مقاومت به ورس و همچنین نشانگرهای پیوسته با آن در گیاهان زراعی متفاوت انجام گردیده است. کیلر و همکاران (Keller *et al.*, 1999) تعداد نه عدد QTL برای مقاومت به ورس در یک جامعه حاصل از تلاقی گندم نان و گندم اسپلت (*Triticum spelta* L.) گزارش کردند که دو QTL روی کروموزم های 2A و 4A قرار داشته است. ورما و همکاران (Verma *et al.*, 2005) با استفاده از یک جامعه دابلد هاپلوئید (Doubled haploid) گندم نان و نشانگرهای ریزماهواره، QTLهایی را روی کروموزم های 4B، 4D، 6D و 7D مشخص نموده اند که با ورس ارتباط داشت و جمعاً حدود ۳۰ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را تبیین کردند. مک کارتنی و همکاران (McCartney *et al.*, 2005) نیز مکان های ژنی را روی کروموزم های 4B و 4D در رابطه با کنترل ورس در یک جامعه گندم بهاره گزارش نموده اند. برنر و همکاران (Börner *et al.*, 2002) سه QTL با اثر اصلی کنترل ورس روی گروه های کروموزمی شماره ۲ و ۶ به همراه چند QTL با اثر کوچک را در گندم نان گزارش کردند. همچنین در گیاهان دیگر هم چون ذرت (Cardinal *et al.*, 2003)، جو (Kandemir *et al.*, 2000)، برنج (Luo *et al.*, 2000)، و نخود (Tar'an *et al.*, 2003) نیز QTLهای مرتبط با ورس شناسایی شده است. هو و همکاران (Hu *et al.*, 2002) و بروس و همکاران (Bruce *et al.*, 2001) تلاش کردند ژن های کنترل کننده مقاومت به ورس را به ترتیب در گندم و ذرت همسانه کنند.

هدف از این پژوهش شناسایی نشانگرهای مولکولی ریزماهواره پیوسته با مقاومت به ورس و در نتیجه تعیین موقعیت کروموزومی مکان (مکان های) ژنی کنترل کننده آن در گندم دوروم بود.

ورس به خوابیدگی ساقه و عدم برگشت آن به حالت اولیه خود اطلاق می گردد و از دیرباز به عنوان یک عامل محدود کننده تولید در غلات مطرح بوده است (Berry *et al.*, 2004). این خصوصیت دارای توارث کمی بوده و در مزرعه باعث افزایش رطوبت و فراهم آمدن محیطی مناسب برای تکثیر قارچ ها، کاهش کارایی برداشت، کاهش انتقال مواد غذایی به سنبله و نهایتاً کاهش عملکرد و کیفیت دانه می گردد (Briggs *et al.*, 1999; Xue and Warkentin, 2001). بطور مثال، در گندم نان ورس می تواند بین ۴ تا ۲۰ درصد (Briggs *et al.*, 1999) و در برخی مناطق بیشتر از ۴۰ درصد (Easson *et al.*, 1993) کاهش عملکرد دانه را ایجاد کند. ورس بطور معمول توسط باد و باران تشدید می شود و می تواند توسط عواملی هم چون آفات و بیماریها (Keller *et al.*, 1999) مقدار اضافی ازت محیط کشت، تراکم بالای بوته و میزان رطوبت بالا (Champoux *et al.*, 1995) تحت تأثیر قرار گیرد. عوامل مذکور باعث بروز مشکلاتی در ارزیابی و امتیازدهی گیاهان برای مقاومت به ورس در مزرعه می گردد، از این رو دستیابی به روشی برای ارزیابی مقاومت به ورس که، مستقل از محیط باشد، یکی از اهداف به نژادی غلات می باشد. تلاش هایی در جهت شناسایی خصوصیات مورفولوژیک که بتوانند به عنوان معیاری برای انتخاب غیر مستقیم مقاومت به ورس استفاده شود، صورت پذیرفته است و در این زمینه صفاتی مانند قطر ساقه، تراکم ساقه (وزن ساقه در سانتی متر) و ارتفاع بوته مطرح شده است (Keller *et al.*, 1999; Easson *et al.*, 1993). اما از آنجا که این صفات و همچنین همبستگی آنها با ورس تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می گیرد، توفیق کلی در این زمینه حاصل نشده است. بنابراین شناسایی مکانهای ژنی کنترل کننده مقاومت به ورس و گزینش به کمک نشانگر می تواند به عنوان ابزار مهم در بهبود

مواد و روش‌ها

یکصد و پنجاه و پنج لاین دابلدها پلوئید (Doubled haploid) گندم دوروم، حاصل تلاقی از رقم کوفلا و لاین خالص Kyle*2/Biodur در این بررسی استفاده شد. این جامعه از روش گرده‌افشانی بوته‌های F_1 با دانه گرده ذرت و دو برابر کردن کروموزم‌های گیاهان هاپلوئید با کلشی‌سین حاصل شده بود (Knox *et al.*, 2000).

ارزیابی فنوتیپی این جامعه همراه با والدین و ۱۳ رقم به عنوان شاهد در یک طرح لاتیس در دو تکرار بصورت کشت بهاره طی سال‌های زراعی ۲۰۰۱ و ۲۰۰۲ میلادی در مزارع تحقیقات کشاورزی رجینا و ایندین‌هد واقع در ایالت ساسکاچوان کانادا انجام شد. هر کرت شامل چهار ردیف سه متری با فاصله ۲۳/۵ سانتی‌متر بود. تمامی واحدهای آزمایشی بر مبنای نسبت بوته‌های ورس شده، از صفر (بدون ورس) تا ۹ (ورس کامل) امتیازدهی شدند.

از روش تغییر شکل یافته CTAB (Saghai-Marooft *et al.*, 1984) جهت استخراج DNA از برگ بوته‌های ۱۵ روزه والدین و ۱۵۵ لاین جامعه دابلدها پلوئید استفاده شد. تعداد ۵۱۷ جفت نشانگر ریزماهواره با توالی و مکان کرموزومی معین (Röder *et al.*, 1998; Somers *et al.*, 2004) برای بررسی چندشکلی والدین استفاده شد. واکنش زنجیره پلی‌مراس در حجم ۱۵ میکرولیتر با اجزای، $1/5 \mu\text{l}$ DNA با غلظت $25-20 \text{ ng}/\mu\text{l}$ با فرآیند بدون Mg، $0/9 \mu\text{l}$ MgCl_2 با غلظت 25 mM ، آغازگرهای رفت و برگشت با غلظت $100 \text{ ng}/\mu\text{l}$ به میزان $0/3 \mu\text{l}$ ، $1/2 \mu\text{l}$ dNTP's با غلظت 10 mM ، $0/21 \mu\text{l}$ آنزیم Taq polymerase با غلظت $5 \text{ U}/\mu\text{l}$ و $9/09 \mu\text{l}$ آب مقطر انجام شد. چرخه‌های حرارتی شامل یک چرخه 94°C به مدت ۳ دقیقه، ۴۴ چرخه شامل واسرشت‌سازی در 94°C یک دقیقه، اتصال آغازگر 50°C تا 65°C (با توجه به نشانگر) به مدت یک دقیقه و بسط در 72°C

برای یک دقیقه و سپس ده دقیقه در 72°C برای گسترش نهایی بود. تکثیر DNA (عمل PCR) در ترموسیکل ۳۸۴ خانه مدل Biosystem IMP9700 انجام شد. محصولات تکثیری با استفاده از الکتروفورز در ژل آگاروز سه درصد (نسبت ۲:۱ متافور - آگارز LE) تفکیک شدند. اندازه نوآرها با توجه به نوآرهای نشانگر راهنمای PGEM تعیین شد.

نشانگرهایی که در والدین چند شکلی نشان دادند برای غربال افراد جامعه استفاده شدند. آزمون مربع کای (χ^2) برای بررسی انحراف تفرق از نسبت ۱:۱ در جامعه برای هر نشانگر انجام گردید و نشانگرهایی که انحراف نشان دادند، از تجزیه کنار گذاشته شدند. نقشه پیوستگی نشانگرها با استفاده از نرم‌افزار MAPMAKER تهیه شد (Lander *et al.*, 1987). در این رابطه از تابع کوسامبی (Kosambi, 1944) برای تبدیل میزان نوترکیبی به فاصله ژنتیکی استفاده گردید.

برای تجزیه QTL از سه روش تجزیه تک نشانگر، مکان‌یابی فاصله‌ای ساده و مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب استفاده شد (Knapp, 2001). دو روش آخر با استفاده از نرم‌افزار MQTL انجام شد و در این زمینه میانگین‌های حاصل از حداقل مربعات میانگین (Least square means) به کار گرفته شد (Lynch and Walsh, 1998). در این نرم‌افزار از آماره آزمون (Test Statistic (TS)) جهت تعیین ارتباط معنی‌دار بین داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی و به عبارت دیگر معنی‌دار بودن اثر QTL استفاده می‌گردد. آماره آزمون از طریق فرمول $[TS=n \ln(RSSr/RSSf)]$ محاسبه می‌گردد. در این فرمول n تعداد مشاهدات، $RSSr$ مجموع مربعات باقی‌مانده مدل کامل و $RSSf$ مجموع مربعات باقیمانده مدلی است که بدون اثر مکان مورد آزمون باشد (Tinker and Mather, 1995). این آماره مشابه نسبت درستنمایی و تقریباً مساوی با آماره F است. چنانچه در یک محیط آماره آزمون (TS) در $0/22$ ضرب گردد معادل LOD حاصل از MAPMAKER/QTL خواهد شد. آماره آزمون بر اساس

فراوانی می‌تواند ناشی از حضور بیش از یک ژن در کنترل این خصوصیت جامعه مورد مطالعه باشد که با گزارشات قبلی (Champoux *et al.*, 1995; Börner *et al.*, 2002; Cardinal *et al.*, 2003) در این زمینه مطابقت دارد. از تعداد ۵۱۷ جفت آغازگر ریزماهواره مورد بررسی در والدین، تعداد ۵۴ نشانگر بین والدین چند شکلی نشان دادند که برای غربال جامعه استفاده گردیدند. آزمون مربع کای نشان داد که به جز یک نشانگر سایر نشانگرها از نسبت ۱:۱ مورد انتظار در جامعه دابلدهاپلوئید تبعیت کردند. تهیه نقشه پیوستگی، نشانگرها را به ۱۴ گروه پیوسته و ۱۱ نشانگر انفرادی (ناپیوسته) گروه بندی کرد و جمعا ۹۷۱ سانتی مورگان از ژنوم گندم دوروم را پوشش دادند که بطور میانگین فاصله ۱۷/۳ سانتی مورگان به ازاء هر نشانگر بود.

در تجزیه مکان‌یابی فاصله‌ای ساده سه گروه پیوستگی نشانگرها شامل [Xgwm165, Xgwm495, Xgwm251]، [Xgwm114- Xgwm339] و [Xgwm495- Barc10] با میزان ورس در جامعه مورد مطالعه ارتباط معنی‌دار نشان دادند. نشانگرهای جانبی، آماره آزمون و مقدار واریانس فنوتیپی این صفت که توسط هر گروه لینکاژی توجیه شده است در دو منطقه و دو سال در جدول ۲ آورده شده است. اثر مکان ژنی کنترل کننده مقاومت به ورس واقع در گروه اول پیوستگی نشانگرها [Xgwm165, Xgwm495, Xgwm251] در تمام چهار محیط بسیار معنی‌داری ($P < 0/0001$) بود. این مکان ژنی همچنین برای میانگین داده‌های چهار محیط نیز معنی‌دار بود. QTL مذکور با توجه به محیط مطالعه دارای اثر افزایشی بین ۰/۵۵ تا ۱/۹۹ بود و به طور میانگین حدود ۲۰ درصد از تنوع فنوتیپی ویژگی ورس در این محیط‌ها را تبیین کرد و حد فاصله بین دو نشانگر اول و در فاصله ۱/۱ سانتی مورگان نسبت به Xgwm495 قرار داشت. این گروه پیوستگی نشانگرها روی

۱۵۰۰ دفعه جایگشت (Permutation) محاسبه گردید و مکان QTL در بین نشانگرهای جانبی موقعیتی فرض گردید که بیشترین مقدار آماره آزمون را دارا بود. در روش تجزیه تک نشانگر، لاین‌های جامعه دابلدهاپلوئید بر مبنای نوار تولیدی برای هر نشانگر به دو دسته والدینی تقسیم و وجود اختلاف معنی‌دار بین میانگین امتیاز مقاومت به ورس این دو دسته با استفاده از آزمون F ارائه شده توسط ناپ (Knapp, 2001) و بکارگیری دستور PROC MIXED در نرم‌افزار SAS انجام شد (Littell *et al.*, 1996). سطح احتمال معنی‌دار برای این آزمون، سطح احتمال $P < 0/001$ در یک محیط یا در سطح احتمال $P < 0/01$ در بیش از یک محیط در نظر گرفته شد (Lander and Kruglyak, 1995).

سهم هر مکان ژنی در توجیه واریانس فنوتیپی با استفاده از ضریب تبیین (R^2) و از طریق General linear model بدست آمد (Basten *et al.*, 2001) و برای هر مکان ژنی R^2 برای نزدیکترین نشانگر به آن تعیین شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس جداگانه برای هر محیط و تجزیه مرکب داده‌ها نشان داد بین لاین‌های جامعه دابلدهاپلوئید از لحاظ مقاومت به ورس اختلاف معنی‌داری ($P < 0/001$) وجود داشت که بیانگر تنوع ژنتیکی بین لاین‌های جامعه مورد مطالعه بود. میانگین امتیاز مقاومت به ورس برای والدین و جامعه دابلدهاپلوئید نشان می‌دهد (جدول ۱) رقم کوفه به عنوان یکی از والدین با میانگین امتیاز ۱/۷ در مقایسه با والد دیگر یعنی لاین Kyle*2/Biodur با میانگین ۳/۱ نسبت به ورس مقاوم‌تر بود. دامنه تغییرات میزان ورس ساقه در لاین‌های جامعه دابلدهاپلوئید (جدول ۱) نشان می‌دهد برخی لاین‌ها در دو جهت افزایش و کاهش نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان داد. این موضوع همچنین در نمودار توزیع فراوانی لاین‌ها برای میزان ورس ساقه مشهود است (شکل ۱). عدم طبقه بندی لاین‌ها به دو گروه والدی در این توزیع

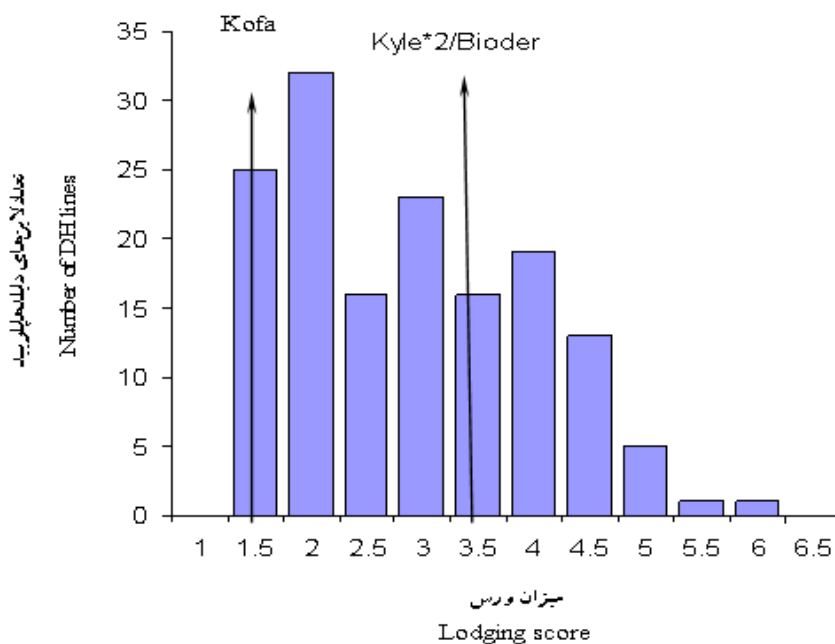
جدول ۱ - میانگین والدین، لاین‌های دابلد هاپلوئید (DH) و خطای معیار میانگین‌ها (Se) میزان ورس در مناطق رجینا و ایندین هد طی دو سال ۲۰۰۱ و ۲۰۰۲ میلادی

Table 1. Means of the parents, doubled haploid (DH) lines and the standard error of the means (SE) for lodging score at Regina and Indian Head in 2001-2002 cropping seasons

لاین Line	Regina رجینا		Indian Head ایندین هد		میانگین چهار محیط Mean of four environment
	2001	2002	2001	2002	
Kofa	1.8	2.0	1.0	2.0	1.7
Kyle*2/Biodur	3.2	3.0	2.0	6.0	3.1
DH lines	2.57 (1.0-5.0)	2.77 (1.0-5.5)	1.64 (0.0-5.0)	3.68 (0.0-9.0)	2.62 (1.0-6.5)
SE	0.78	0.97	0.68	2.49	1.07

Numbers in the parenthesis show range of DH line

اعداد داخل پرانتز دامنه تغییرات امتیازها در لاین‌های دابلد هاپلوئید را نشان می‌دهد



شکل ۱- توزیع فراوانی میزان ورس در لاین‌های جامعه دابلد هاپلوئید بر مبنای میانگین دو منطقه و دو سال

Fig. 1. Distribution frequency of lodging scores in doubled haploid population averaged over two locations in two years

کروموزمی همیولوگ شماره چهار در کنترل مقاومت به ورس گندم نقش دارند، چون علاوه بر کروموزم 4B، مکان‌های ژنی مرتبط با مقاومت به ورس در گندم روی کروموزم 4A (Keller *et al.*, 1999) و کروموزم 4D گزارش شده است. (McCartney *et al.*, 2005; Verma *et al.*, 2005)

بازوی بلند کروموزم 4B و نزدیک به سانترومر قرار دارد (Röder *et al.*, 1998). وجود QTL کنترل کننده ورس روی کروموزم 4B در گندم نان توسط ورما و همکاران (Verma *et al.*, 2005)، مک‌کارتنی و همکاران (McCartney *et al.*, 2005) گزارش شده است. همچنین از سایر گزارش‌ها می‌توان نتیجه گرفت که در کل گروه

ارتباط دو گروه دیگر پیوستگی نشانگرها [Xgwm339- Xgwc114] و [Xgwm495- Barc10] با دو مکان ژنی کنترل کننده مقاومت به ورس در منطقه رچینا در سال ۲۰۰۱ میلادی و در ایندین هلد در سال ۲۰۰۲ میلادی معنی دار بود و بین چهار تا هشت درصد از تنوع فنوتیپی را توجیه نمودند (جدول ۲). این دو QTL روی بازوی بلند کروموزوم 2A قرار دارند (Röder *et al.*, 1998). اثر افزایشی QTL موجود بین نشانگرهای Xgwm339- Xgwc114 با توجه به محیط دارای بین ۰/۴۹- تا ۲/۰۶- و QTL موجود بین نشانگرهای Xgwm495- Barc10 بین ۰/۷۱- تا ۱/۶۷- بود. بنابراین این دو QTL در جهت کاهش حساسیت به ورس عمل نموده و باعث افزایش مقاومت به ورس می گردند. وجود QTL کنترل کننده مقاومت به ورس در گندم نان روی این کروموزوم قبلاً (Keller *et al.*, 1999; Börner *et al.*, 2002) گزارش شده است. از طرفی با توجه به تأثیر عوامل محیطی بر صفت ورس (Champoux *et al.*, 1995; Keller *et al.*, 1999) دارد برخی مکان های ژنی بتوانند تنها در محیطی خاص بروز نمایند. عدم ارتباط معنی دار دو QTL فوق الذکر در برخی محیطها توجیه پذیر است.

نتایج حاصل از تجزیه مکان یابی فاصله ای مرکب هر چند از لحاظ مقدار عددی آماره آزمون برای نشانگرهای با آماره های مربوط به تجزیه مکان یابی فاصله ای ساده متفاوت بود، اما از لحاظ سطح معنی دار در محیط های مختلف شبیه به تجزیه مکان یابی فاصله ای ساده بود. از آنجا که در تجزیه مکان یابی فاصله ای مرکب اثر هر QTL با ثابت در نظر گرفتن اثرات سایر QTLها انجام می گردد، بنابراین شباهت نتایج این دو تجزیه می تواند بیانگر آن باشد که سه QTL مذکور مستقل عمل می کنند.

در تجزیه تک نشانگر لاین های جامعه دابلدها پلوئید، برای هر نشانگر بطور جداگانه، بر مبنای باندهای تولیدی به دو گروه والدی تقسیم می شوند. معنی دار بودن

صفت می توانند بر میزان ورس تأثیر بگذارند.

در مجموع با توجه به نتایج این پژوهش و گزارش های قبلی استنباط می شود از بین مکان های ژنی مطرح شده، QTL روی کروموزوم 4BL نقش عمده ای در کنترل مقاومت به ورس در گندم دوروم دارد. با بررسی نزدیکترین نشانگر به این QTL یعنی Xgwm495 بر جوامعی بزرگ با زمینه های ژنتیکی متفاوت که برای این صفت تفکیک نشان می دهند و داده های فنوتیپی دقیق دارند، آزمون آن بر ارقام شناخته شده حساس و مقاوم به ورس و به عبارت دیگر اعتبارسنجی^۱ دقیق، و همچنین لحاظ نمودن سایر مکان های ژنی موثر بر این ویژگی، می توان آن را جهت استفاده در برنامه های گزینش به کمک نشانگر^۲ پیشنهاد نمود.

1- Validation

2- Marker Assisted Selection

جدول ۲- آماره آزمون (TS) حاصل از تجزیه مکان‌یابی فاصله‌ای ساده برای میزان ورس، اثر افزایشی و مقدار واریانس فنوتیپی آن ($R^2\%$) که توسط هر گروه لینکاژی در مناطق رجینا و ایندین‌هد طی دو سال ۲۰۰۱ و ۲۰۰۲ میلادی تبیین شد

Table 2. Test statistic (TS) of Simple interval mapping analysis for lodging score and phenotypic variance of the trait explained ($R^2\%$) and additive effect (Ad E) by each linkage group at Regina and Indian Head, in 2000-2001 cropping seasons

کروموزم Chromosome	گروه پیوستگی و فاصله (cM) Linkage group and interval (cm)	نشانه‌های QTL جانبی Flanking markers	رجینا Regina				ایندین‌هد Indian Head				میانگین چهار محیط Mean of four environment	
			2001		2002		2001		2002		TS	$R^2\%$ (a) and AdE
			TS	$R^2\%$ (a) and AdE	TS	$R^2\%$ (a) and AdE	TS	$R^2\%$ (a) and AdE	TS	$R^2\%$ (a) and AdE		
4BL	1	0.0 Xgwm251	30.5***		27.6***		21.1***		18.2***		35.6***	$R^2\%$ (a)
		5.0 Putative QTL	37.1***	21	38.9***	20	24.1***	21	25.5***	19	50.5***	and AdE
		6.1 Xgwm495	35.6***	0.86	38.4***	0.51	22.7***	1.95	23.9***	1.99	49.6***	18
		0.0 Xgwc114	14.4**		3.9 ^{ns}		0.4 ^{ns}		14.3***		34.2***	0.87
2AL	2	15.0 Putative QTL	15.1**	7	4.6 ^{ns}	-	0.3 ^{ns}	-	17.5***	8	41.6***	6
		24.2 Xgwm339	7.1 ^{ns}	-0.49	3.0 ^{ns}		0.2 ^{ns}		11.6**	-2.06	27.1 ^{ns}	-0.66
		0.0 Xgwm425	11.1*		5.2 ^{ns}		1.1 ^{ns}		9.8**		12.0 ^{ns}	
2AL	3	10.1 Putative QTL	13.2**	4	6.0 ^{ns}	-	1.3 ^{ns}	-	9.9**	7	17.1**	5
		28.8 Barc10	7.2 ^{ns}	-0.71	3.2 ^{ns}		0.8 ^{ns}		6.3 ^{ns}	-1.67	15.1 ^{ns}	-0.63

ns: Non- significant

*, ** and ***: Significant at the 5%, 1% and 0.1% levels of probability, respectively

(a): normal numbers are coefficient of determination and bold numbers are the additive effect of QTL

ns: غیر معنی‌دار

*, ** و ***: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵، ۱ و ۰/۱ درصد
(a): اعداد معمولی ضریب تبیین و اعداد درشت‌تر میزان اثر افزایشی QTL می‌باشند

جدول ۳- نتایج تجزیه تک نشانگر با استفاده از آزمون F برای میزان ورس در مناطق رجینا و ایندین هد طی دو سال ۲۰۰۱ و ۲۰۰۲

Table 3. Single marker analysis for lodging score using F test at Regina and Indian Head, in 2000-2001 cropping seasons

کروموزم Chromosome	نشانگرها Markers	رجینا Regina				ایندین هد Indian Head				میانگین چهار محیط Mean of four environment	
		2001		2002		2001		2002		DIFF	F
		DIFF ^(a)	F	DIFF	F	DIFF	F	DIFF	F		
4BL	Xgwm251	0.72	30.0***	0.74	25.6***	1.55	44.2***	0.77	32.1***	0.94	27.4***
4BL	Xgwm495	0.80	38.5***	0.92	43.1***	1.74	49.5***	0.49	18.5***	0.99	29.5***
4BL	Xgwm165	0.71	28.2***	0.88	34.6***	1.96	48.2***	0.75	26.3***	1.16	38.2***
2AL	Xgwc114	0.40	8.3**	0.33	4.6*	1.32	38.3***	0.40	7.6**	0.61	18.3**
2AL	Xgwm425	0.46	11.9***	0.35	5.1*	1.21	31.9***	0.45	13.3***	0.62	14.9***
BL۳	Xgwm247	0.36	7.00**	0.21	3.0 ns	0.11	2.3 ns	0.34	7.8**	0.26	5.1*

ns: Non- significant

*, ** and ***: Significant at the 5%, 1% and 0.1% levels of probability, respectively

^(a): DIFF is difference of the population lines, in two groups, based on parental bands

ns: غیر معنی دار

*, ** و ***: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵، ۱ و ۰/۱ درصد

^(a): DIFF: تفاوت میانگین دو گروه لاین های جامعه بر مبنای باندهای والدی است

References

- Basten, C. J., B. S. Weir and Z-B. Zeng. 2001.** QTL cartographer: a reference manual and tutorial for QTL mapping. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, Pp. 55–72
- Berry, P. M., M., Sterling, J. H. Spink, C. Baker, R. Sylvester-Bradley, S. Mooney, A. Tams and A. Ennos. 2004.** Understanding and reducing lodging in cereals. *Advances in Agronomy* 84: 217-271.
- Briggs, K. G., O. K. Kiplagat and A. M. Johnson-Flanagan. 1999.** Effects of pre-anthesis moisture stress on floret sterility in some semi-dwarf and conventional height spring wheat cultivars. *Can. J. Plant Sci.* 79: 515-520.
- Bruce, W., P. Desbons, O. Crasta and O. Folkerts. 2001.** Gene expression profiling of two related maize inbred lines with contrasting root-lodging traits. *J. Expt. Bot.* 52: 459-468.
- Börner, A., E. Schumann, A. Fürste, H. Cöster, B. Leithold, M. Röder and W. Weber. 2002.** Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 105: 921–936.
- Cardinal, A. J., M. Lee, and K. J. Moore. 2003.** Genetic mapping and analysis of quantitative trait loci affecting fiber and lignin content in maize. *Theor. Appl. Genet.* 106:866–874.
- Champoux, M. C., G. Wang, S. Sarkarung, D. J. Mackill, J. C. O’Toole, N. Huang and S. McCouch. 1995.** Locating genes associated with root morphology and drought avoidance in rice via linkage to molecular markers. *Theor. Appl. Genet.* 90:969–981.
- Easson, D. L., E. M. White and S. J. Pickles. 1993.** The effects of weather, seed rate and cultivar on lodging and yield in winter wheat. *J. Agric. Sci.* 121: 145–156.
- Hu, M. Q., Y. Xu, Z. B. Lin and P. He. 2002.** Cloning of cDNA encoding COMT from wheat which is differentially expressed in lodging-sensitive and -resistant cultivars. *J. Expt. Bot.* 53: 2281-2282.
- Houshmand, S., R. E. Knox, F. R. Clarke and J. M. Clarke. 2003.** Microsatellite markers associated with sawfly cutting in durum wheat. *Proceedings of the 10th International Wheat Genetics Symposium in Paestum Italy.* Vol. 3: 1151-1153.
- Houshmand, S., R. E. Knox, F. R. Clarke and J. M. Clarke. 2007.** Microsatellite markers flanking a stem solidness gene on chromosome 3BL in durum wheat. *Mol. Breeding.* 20:261–270.
- Kandemir, N., L. B. Jones, D. M. Wesenberg, S. E. Ullrich¹ and A. Kleinhofs. 2000.** Marker-assisted analysis of three grain yield QTL in barley (*Hordeum vulgare* L.) using near isogenic lines. *Mol. Breeding.* 6: 157–167.
- Keller, M., C. Karutz, J. E. Schmid, P. Stamp, M. Winzeler, B. Keller, and M. M. Messmer. 1999.** Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat × spelt population. *Theor. Appl. Genet.* 98:1171–1182.
- Knapp, S. J. 2001.** Mapping quantitative trait loci. In: Phillips, R.I., and I.K. Vasil eds., "DNA-Based Markers in Plants". Kluwer Academic Publishers, Netherlands, pp. 59-99.
- Kosambi, D. D. 1944.** The estimation of map distance from recombination values. *Ann. Eugen.* 12: 172-175.

- Knox, R. E., J. M. Clarke and R. M. DePauw. 2000.** Dicamba and growth condition effects on double haploid production in durum wheat crossed with maize. *Plant Breeding*. 119: 289-298.
- Lander, E. and L. Kruglyak. 1995.** Genetic dissection of complex traits: guidelines for interpreting and reporting linkage results. *Nature Genet*. 11: 241-247.
- Lander, E. S., P. Green, J. Abrahamson, A. Barlow, M. J. Daly, S. E. Lincoln, and L. Newberg. 1987.** MAPMAKER: an interactive computer program for constructing primary genetic maps of experimental and natural population. *Genomics*. 1: 174-181.
- Littell, R. C., G. A. Milliken, W. W. Stroup, and R.D. Wolfinger. 1996.** SAS System for Mixed Models. SAS Institute Inc., Cary, NC. Pp. 633.
- Luo, L. J., D. B. Zhong, H. W. Mei, L. B. Guo, Y. P. Wang, J. L. Xu, C. S. Ying and Z. K. Li. 2000.** QTLs for stem thickness and strength in rice. *Chin. Rice Res. Newslett*. 8: (4) 34-45.
- Lynch, M., and B. Walsh. 1998.** Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Mass. pp. 980.
- Röder, M. S., V. Korzun, Wendehake, K. J. Plaschke, M-H. Tixier, P. Leroy and M. Ganal. 1998.** A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149: 2007-2023.
- Marza, F., G. H. Bai, B. F. Carver and W. C. Zhou. 2006.** Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population. *Theor. Appl. Genet*. 112: 688–698.
- McCartney, C. A., D. J. Somers, D. G. Humphreys, O. Lukow, N. Ames, J. Noll, S. Cloutier, and B. D. McCallum. 2005.** Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × 'AC Domain' Genome. 48: 870–883.
- Saghai-Marouf, M. A., K. M. Solima, R. A. Jorgenson and R. W. Allard. 1984.** Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proc. Nad. Acad. Sci. USA* 81: 8014-8018.
- Somers, D J., P. Isaac and K. Edwards. 2004.** A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet*. 109:1105-1114.
- Tar'an, B., T. Warkentin, D. J. Somers, D. Miranda, A. Vandenberg, S. Blade, S. Woods, D. Bing, A. Xue, D. DeKoeper and G. Penner. 2003.** Quantitative trait loci for lodging resistance, plant height and partial resistance to mycosphaerella blight in field pea (*Pisum sativum* L.) *Theor. Appl. Genet*. 107:1482–1491.
- Tinker, N.A. and D.E. Mather. 1995.** MQTL: software for simplified composite interval mapping of QTL in multiple environments. *JQTL*. <http://probe.nalusda.gov:8000/otherdocs/jqtl/> 2.
- Verma, V., A. J. Worland, E. J. Sayers, L. Fish, P. D. Caligari and J. W. Snape. 2005.** Identification and characterization of quantitative trait loci related to lodging resistance and associated traits in bread wheat. *Plant Breeding*. 124: 234-241.
- Xue, A. G. and T. D. Warkentin. 2001.** Partial resistance to *Mycosphaerella pinodes* in field pea. *Can. J. Plant Sci*. 81: 535–540

Identification of some quantitative trait loci for lodging in durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. Durum) using microsatellite markers

Houshmand¹, S. and R. E. Knox²

ABSTRACT

Houshmand, S. and R. E. Knox. 2009. Identification of some quantitative trait loci for lodging in durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. Durum) using microsatellite markers. **Iranian Journal of Crop Sciences. 10 (4):389-399 (in Persian).**

durum) using a doubled haploid population. The population included a set of 155 lines that were developed from the cross (Kyle*2/Biodur)/Kofa using maize pollen method. The Kofa parent shows more resistance than Kyle*2/Biodur, to lodging. Phenotypic data of resistance to lodging of the doubled haploid population lines and the parents was scored in 2000-2001 cropping seasons in Regina and Indian Head, Saskatchewan, Canada. There was highly significant difference between the population lines for this trait. Parents were tested with 517 wheat microsatellite (Simple Sequence Repeat) markers. The primers that were polymorphic in the parents were tested on the whole population to prepare the genotypic data. The genetic linkage map of the 53 polymorphic loci covered about 970 cM and converged into 14 linkage groups. Eleven markers remained unlinked. Linkage between the markers and the lodging genes done based on single marker analysis, simple interval mapping and composite interval mapping using least square means. Three linkage marker groups were associated with lodging trait. The first QTL is located on the chromosome 4BL and its effects were highly significant ($P < 0.0001$) in four environments and explained 20% of lodging phenotypic variation. The other two loci were located on the 2AL, also have highly significant effects on the trait at least at one environment and explained 4-8 percents of lodging phenotypic variation, depending on environments.

Key words: Doubled haploid line, Durum wheat, Environment, Lodging, QTL and Microsatellite markers.

Received: February, 2008.

1- Assistant Prof., Shahrekord University, Shahrekord, Iran. (Corresponding author)

2- Researcher, Agriculture and Agri-Food Canada, SPARC, Swift Current, Saskatchewan, Canada.