

عنوان مقاله:

مکان یابی ژن (های) کنترل کننده عملکرد دانه و اجزای آن درگندم نان در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی با استفاده از نشانگرهای مولکولی

محل انتشار:

مجله دانش کشاورزی و تولید پایدار، دوره 22، شماره 2 (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

محمد سخنور - دانشگاه تبریز

سید ابوالقاسم محمدی - دانشگاه تبریز

محمد مقدم واحد - دانشگاه تبریز

مظفر روستایی - موسسه تحقیقات دیم کشور مراغه

خلاصه مقاله:

تنش کمبود آب یکی از عوامل اصلی کاهش دهنده عملکرد گندم در اغلب نقاط جهان می باشد که تولید پایدار آن را دچار مشکل می کند. به منظور مکان یابی ژن (های) کنترل کننده عملکرد دانه و برخی از اجزای آن در گندم نان تحت شرایط دیم و آبیاری تکمیلی، ۱۴۲ لاین اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی رقم متحمل به خشکی آذر ۲ و پرمحصول ۸۷Zhong۲۹۱ تحت شرایط دیم و آبیاری تکمیلی مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات مورد مطالعه شامل عملکرد دانه، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه در سنبله بود. چند شکلی والدین با استفاده از نشانگرهای SSR و ISSR بررسی و ۲۴ نشانگر SSR و ۱۶ نشانگر ISSR چند شکل برای تجزیه ها استفاده گردید. تجزیه پیوستگی برای انتساب این نشانگرها به نقشه قبلی جمعیت مشتمل بر ۴۵ نشانگر SSR و AFLP انجام شد. نقشه حاصل دارای طول ۱۳۱۰ سانتی مورگان با متوسط فاصله بین دو نشانگر ۵۵/۱۹ سانتی مورگان بود. براساس مکان یابی فاصله ای مرکب، ۱۰ و ۱۸ QTL برای عملکرد دانه به ترتیب در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی مکان یابی گردید. تعداد QTL های شناسایی شده برای تعداد سنبلچه در سنبله در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی به ترتیب پنج و نه QTL بود. همچنین چهار QTL در شرایط دیم و نه QTL تحت آبیاری تکمیلی برای وزن هزار دانه شناسایی شد. از QTL های مکان یابی شده برای وزن هزار دانه و عملکرد دانه به ترتیب دو و چهار QTL در هر دو شرایط پایدار و QTL های بزرگ اثر بودند. برای صفات مورد مطالعه، تعدادی از QTL ها مشترک بودند که ممکن است ناشی از پیوستگی ژنی یا اثر پلیوتروپی باشد. در گروه پیوستگی ۲، یکی از QTL های مشترک شناسایی شده برای عملکرد دانه و تعداد سنبلچه در سنبله (۲۶/۱۸ درصد)، و برای عملکرد دانه، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزار دانه (۱۸/۲۰ درصد) و همچنین QTL مشترک برای تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزار دانه در گروه پیوستگی ۳ (۹/۴۱ درصد) با تبیین بیش از ۱۵ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفات جزو QTL های بزرگ اثر بودند. برخی از نشانگرهای شناسایی شده دارای پیوستگی شدید با QTL ها بودند که می توانند برای غربال ژنوتیپ ها جهت گزینش لاین های متحمل به خشکی مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی:

خشکی، گندم، مکان یابی فاصله ای مرکب، نشانگرهای مولکولی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1697135>

