

عنوان مقاله:

مکانیابی برخی از جایگاه های کنترل کسده صفات تولیدی گندم نان

محل انتشار:

دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

علی آرمینیان - استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام

سعدالله هوشمند - دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد

بهروز شیران - دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد

خلاصه مقاله:

این تحقیق بمنظور ارزیابی فنوتیپی و ژنتیکی عملکرد دانه و برخی از اجزای آن در جمعیتی از 94 لاین دبل هاپلوئید (DH) مشتق از والدین ES32 و P8911-G1D3 در طی سالهای 1386-1389 انجام گردید. تعداد سنبله بارور، تعداد دانه در سنبله، ع عملکرد دانه و شاخص برداشت در آزمایشات مزرعه ای ارزیابی گردید. والدین جهت چندشکلی با نشانگرهای RTAP و SSR غربال شده تا ژنوتیپ یابی جامعه صورت پذیرد. نقشه لینکاژی ژنتیکی که از یک نسبت 1:1 باندهای والدی برخوردار بود با برنامه AntMap انجام شده و با برنامه های QTLNetwork 2.1 و QTLCartographer 2.5 با متودولوژی نقشه یابی فاصله ای مرکب (CIM) نقشه یابی گردید. نتایج حاکی از وجود اثرات معنی دار ژنتیک، محیط و اثر متقابل آنها (GxE) در داده های فنوتیپی بود. تجزیه و تحلیل QTL ها با متودولوژی CIM نشان دهنده وجود QTL هایی برای هر صفت بود. جایگاه هایی با بیشترین R^2 برای تعداد سنبله، در کروموزوم 2D نیز برای تعداد دانه در سنبله، ع عملکرد دانه و شاخص برداشت بر روی کروموزوم 7A قرار داشتند. جایگاه مربوط به تعداد سنبله در بوته در فاصله نشانگری TRAP-SSR به نام Xfcp675-Xgwm515 بوده که 14/5 درصد از تنوع این صفت را توجیه نمود. همچنین جایگاه مربوط به تعداد دانه در سنبله در فاصله نشانگری Xgwm350-Xgwm382 قرار داشته و 18 درصد تنوع صفت را توجیه نمود. عملکرد دانه و شاخص برداشت در فاصله Xgwm382-Xgwm635 به ترتیب 35 و 37 درصد از تنوع این صفات را توجیه نمود. با جداسازی، اعتبار سنجی و انتقال چنین QTL های بزرگ اثری در گندم می توان عملکرد اقتصادی این گیاه مهم و استراتژیک را افزایش داد.

کلمات کلیدی:

اپیستازی، اثر متقابل اپیستازی و QTL، گندم نان، نقشه یابی QTL

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/227264>

