

(OPEN ACCESS)

**Evaluation of grain yield stability and allelic diversity
of glutenin subunits with low molecular weight
in advanced lines of bread wheat (*Triticum aestivum* L.)**

**Tayebeh Jafari Nazarabadi¹, Ali Asghar Nasrollahnejad Ghomi^{*2},
Alaeddin Kordenaej³, Khalil Zaynali Nezhad⁴**

1. Ph.D. Student of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran. E-mail: tayebeh.jafari201215@gmail.com
2. Corresponding Author, Associate Prof., Dept. of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran. E-mail: ali1346nn@yahoo.com
3. Assistant Prof., Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Shahed University, Tehran, Iran. E-mail: kordenaej@shahed.ac.ir
4. Assistant Prof., Dept. of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran. E-mail: khalil1381@yahoo.com

Article Info	ABSTRACT
Article type: Full Length Research Paper	Background and Objectives: The quantitative traits are severely influenced by environmental factors, the most important result of which is that the relationship between genotype and phenotype remains hidden, incompletely or completely. Therefore, it is very important for the breeder to know the effect of the environment on quantitative traits. One of the important quality characteristics in wheat breeding is the quality of stored proteins. Glutenins with low molecular weight have an effect on the formation of large glutenin polymers and the elasticity of the dough, and all products made from bread wheat require a dough with large elasticity. The goals of the present research are to investigate the interaction effect of genotype $\times$ environment using univariate methods in advanced backcrossing lines of bread wheat, to identify and introduce lines with high and stable economic performance and improved cultivars containing desirable alleles of glutenin with low molecular weight.
Article history: Received: 04.06.2024 Revised: 04.30.2024 Accepted: 07.17.2024	
Keywords: Allelic diversity, Low molecular weight glutenin subunits, Stability, Wheat	
	Materials and Methods: In current research, the stability of grain yield of five advanced backcross lines of bread wheat (BC2F6) along with their parents in the form of a randomized complete block design with three replications in three locations of Tehran, Kermanshah and Gorgan and cultivation years (2017-2018) and (2018-2019) were investigated. Each line was planted in plots with eight rows of four meters length with 25 cm distance. DNA extraction was done according to Doyle and Doyle (1987) method. The quality and quantity of extracted genomic DNA were evaluated using 0.8% agarose gel electrophoresis. PCR reaction for amplification of marker fragments was performed using four pairs of allele-specific primers of low molecular weight glutenin encoding genes in a volume of 15 microliters. Separation of amplified marker fragments were done using 2% agarose gel electrophoresis.
	Results: The results of composite variance analysis showed a highly significant difference at one percent probability level for the effect of

environment and interaction effect of genotype $\times$ environment. No significant difference was observed between the studied genotypes for grain yield. Based on the results obtained from Rick, Eberhut and Russell's equivalence and the coefficient of phenotypic changes of genotype L4, based on the results of Finley and Wilkinson's method and the stability variance of Shokla genotype L3 and L4 and based on methods of Plaisted and Peterson and Plaisted genotype 4 as stable line with high performance compared to the other tested genotypes. In the investigation of the allelic diversity of glutenin subunits with low molecular weight, the results showed that the size of the replication bands between the recurrent parent of Typhoon and the five lines resulting from backcrossing (L1, L2, L3, L4 and L5) in four primers were investigated.

Conclusion: In the general summary of the methods used, the L4 genotype is introduced as a stable line with high performance, and to obtain the maximum performance, it is suggested to cultivate this line in the investigated environments. Four gene loci controlling glutenin with low molecular weight investigated as an effective factor in bakery value have been transferred from the periodic parent Typhoon, which is a cultivar with high bakery quality, to the progeny resulting from backcrossing, so the progeny have high bakery quality.

Cite this article: Jafari Nazarabadi, Tayebbeh, Nasrollahnejad Ghomi, Ali Asghar, Kordenaeej, Alaeddin, Zaynali Nezhad, Khalil. 2025. Evaluation of grain yield stability and allelic diversity of glutenin subunits with low molecular weight in advanced lines of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Plant Production Research*, 32 (2), 41-57.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/jopp.2024.22278.3131

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

ارزیابی پایداری عملکرد دانه و تنوع آلی زیر واحدهای گلوٹنین با وزن مولکولی پایین در لاین‌های پیشرفته گندم نان (*Triticum aestivum* L.)

طیبه جعفری نظرآبادی^۱، علی اصغر نصراله‌نژاد قمی^{۲*}، علاءالدین کردنائیج^۳، خلیل زینلی‌نژاد^۴

۱. دانشجوی دکتری اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: tayebbeh.jafari201215@gmail.com
۲. نویسنده مسئول، دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: ali1346nn@yahoo.com
۳. استادیار گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران. رایانامه: kordenaeejaleddin@gmail.com
۴. استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: khalil1381@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی	مقدمه و هدف: صفات کمی به مقدار زیادی تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرند که مهم‌ترین نتیجه آن مخفی ماندن رابطه بین ژنوتیپ و فنوتیپ به‌طور ناقص و یا کامل می‌باشد. بنابراین اطلاع از میزان تأثیر محیط روی صفات کمی برای به‌نژادگر بسیار مهم است. یکی از خصوصیات کیفی مورد توجه در اصلاح گندم، کیفیت پروتئین‌های ذخیره‌ای است. گلوٹنین‌های با وزن مولکولی پایین بر روی تشکیل پلی‌مرهای بزرگ گلوٹنین و کشش‌پذیری خمیر تأثیر دارند و همه فرآورده‌های حاصل از گندم نان نیازمند خمیری با کشش‌پذیری بالا می‌باشند. اهداف پژوهش حاضر، بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از روش‌های تک‌متغیره در لاین‌های تلاقی برگشتی پیشرفته گندم نان، شناسایی و معرفی لاین‌های دارای عملکرد اقتصادی بالا و پایدار و حاوی آل‌های مطلوب از گلوٹنین با وزن مولکولی پایین می‌باشند.
واژه‌های کلیدی: پایداری عملکرد، تنوع آلی، زیرواحدهای گلوٹنین با وزن مولکولی پایین، گندم نان	مواد و روش‌ها: در این پژوهش پایداری عملکرد دانه پنج لاین تلاقی برگشتی پیشرفته گندم نان (BC ₂ F ₆) همراه با والدین آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مکان‌های تهران، کرمانشاه و گرگان و سال‌های زراعی (۹۷-۱۳۹۶) و (۹۸-۱۳۹۷) مورد بررسی قرار گرفت. هر یک از لاین‌ها در کرت‌هایی باهشت خط چهار متری با فاصله خطوط ۲۵ سانتی‌متر کاشته شد. استخراج DNA به روش دوپل دوپل صورت گرفت. کیفیت و کمیت نمونه‌های DNA ژنومی استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد ارزیابی شد. واکنش PCR برای تکثیر قطعات نشانگرها با استفاده از چهار جفت آغازگر آل اختصاصی

ژن‌های رمزه‌نده گلوته‌نین با وزن مولکولی پایین در حجم ۱۵ میکرولیتر انجام شد. جداسازی قطعات نشانگرهای تکثیر شده به وسیله الکتروفورز ژل آگارز دو درصد انجام شد.

یافته‌ها: نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب اختلاف معنی‌داری را در سطح احتمال یک درصد برای اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط نشان داد. بین لاین‌های مورد بررسی اختلاف معنی‌داری برای عملکرد دانه مشاهده نشد. بر اساس نتایج به‌دست آمده از اکوالانس ریک، ابرهات و راسل و ضریب تغییرات فنوتیپی لاین L4، براساس نتایج روش فینیلی و ویلکینسون و واریانس پایداری شوکلا لاین‌های شماره L3 و L4 و بر اساس روش‌های پلیستد و پیترسون و پلیستد L4 به‌عنوان لاین پایدار با عملکرد بالا نسبت به سایر لاین‌های مورد آزمایش معرفی گردیدند. در بررسی تنوع آللی زیر واحدهای گلوته‌نین با وزن مولکولی پایین در مجموع نتایج به‌دست آمده بیانگر شباهت اندازه باندهای تکثیری بین والد دوره‌ای تایفون و پنج لاین حاصل از تلاقی برگشتی (L1، L2، L3، L4 و L5) در چهار آغازگر مورد بررسی بود.

نتیجه‌گیری: در جمع‌بندی کلی روش‌های مورد استفاده لاین L4 به‌عنوان لاین پایدار با عملکرد بالا معرفی و برای به‌دست آوردن حداکثر عملکرد، کشت این لاین در محیط‌های مورد بررسی پیشنهاد می‌شوند. چهار مکان ژنی کنترل کننده گلوته‌نین با وزن مولکولی پایین مورد بررسی به‌عنوان عامل مؤثر در ارزش نانوایی، از والد دوره‌ای تایفون که رقمی با کیفیت نانوایی بالا می‌باشد، به‌نتایج حاصل از تلاقی برگشتی منتقل گردیده است. بنابراین احتمال می‌رود نتایج از کیفیت نانوایی بالایی برخوردار می‌باشند.

استناد: جعفری نظرآبادی، طیب، نصراله‌نژاد قمی، علی‌اصغر، کردنائیج، علاءالدین، زینلی‌نژاد، خلیل (۱۴۰۴). ارزیابی پایداری عملکرد دانه و تنوع آللی زیر واحدهای گلوته‌نین با وزن مولکولی پایین در لاین‌های پیشرفته گندم نان (*Triticum aestivum* L.). نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، ۳۲ (۲)، ۴۱-۵۷.

DOI: 10.22069/jopp.2024.22278.3131



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

گندم نان با نام علمی *Triticum aestivum* L. غذای اصلی یک سوم جمعیت جهان است (۱). افزایش تحمل به خشکی در گیاهان همراه با حفظ پایداری عملکرد بزرگترین چالش قرن حاضر به‌نژادگران است (۲). ارقامی که در مناطق مختلف دارای تنش خشکی بتوانند عملکرد بالاتری تولید کنند و همچنین بتوانند در سال‌های مختلف و در مناطق گوناگون پایداری عملکرد خود را حفظ کنند، به‌عنوان ارقام موفق تلقی خواهند شد (۳). اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط یکی از مسائل مهم در اصلاح نباتات و مطالعات صفات کمی است که در گسترش رقم‌های اصلاح‌شده دارای اهمیت فراوان می‌باشد (۴). به تفاوت پاسخ عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط می‌گویند. اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط اثر منفی روی وراثت‌پذیری دارد. هرچه وراثت‌پذیری یک صفت کم‌تر باشد، بهبود آن صفت از طریق گزینش مشکل‌تر خواهد بود. برای تصحیح علت یا علل ژنتیکی اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط، اگر صفاتی که وراثت منوژن یا دی‌ژن (مثلاً حساسیت به بیماری) علل اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط باشند در این صورت می‌توان در یک رقمی تجاری مقاومت یا تحمل را ادغام کرد و علت یا علل ژنتیکی اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط را تصحیح و اثر متقابل را کاهش و حداکثر تولید را داشت. برای صفاتی که وراثت پیچیده‌ای دارند (مثل صفات کمی)، اصلاح جمعیت از طریق روش انتخاب دوره‌ای، قبل از به‌وجود آوردن لاین‌های والدینی برای به‌دست آوردن هیبریدها یا رقم‌ها ممکن است لازم باشد (۴).

برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط روش‌های آماری متعددی پیشنهاد شده است (۵). تجزیه پایداری مهم‌ترین روشی است که از آن می‌توان برای پی‌بردن به ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط استفاده و ارقام

سازگار و پایدار را باتوجه به آن شناسایی و مورد استفاده قرار داد. روش‌های تجزیه پایداری شامل روش‌های ناپارامتری و پارامتری است که روش‌های پارامتری خود شامل تک‌متغیره و چندمتغیره است و در مورد داده‌های پیوسته کاربرد دارند. در روش‌های پارامتری تک‌متغیره همه معیارهای نمونه‌ای که برای اندازه‌گیری پایداری ژنوتیپی به‌کار می‌روند از یک جدول دوطرفه ژنوتیپ و محیط استفاده می‌کنند. تعدادی از این روش‌های پارامتری تک‌متغیره عبارتند از: ضریب تغییرات ژنوتیپ (CV_i)، اکوالانس ریک^۱ (W_i^2)، واریانس پایداری شوکلا^۲ (σ_i^2)، روش‌های مبتنی بر تجزیه رگرسیون خطی، روش فیلی و ویلکنسون، روش ابره‌ارت و راسل^۳، پلیستد θ_i و پلیستد و پیترسون $\theta_{(i)}$. ریک (۱۹۶۲) (۶) از بزرگی سهم هر ژنوتیپ در اثر متقابل به‌عنوان معیاری برای سنجش میزان پایداری در این روش استفاده کرد. امکان انجام آزمون معنی‌دار بودن این پارامتر وجود ندارد، زیرا فاقد هرگونه توزیع آماری خاص است. بر طبق نظر روماگوسا و فوکس (۱۹۹۳) (۷) رگرسیون ساده خطی، یک مدل مفهومی برای پایداری ژنوتیپی ارائه می‌کند و پرکاربردترین تکنیک آماری در اصلاح نباتات است. فیلی و ویلکنسون در سال ۱۹۶۳ (۸) برای هر رقم یک رگرسیون خطی براساس عملکرد رقم بر روی میانگین عملکرد همه رقم‌ها در هر محیط به‌دست آوردند. آن‌ها بیان داشتند ژنوتیپ‌هایی که دارای شیب برابر یک یا نزدیک یک ($b=1$) هستند دارای سازگاری عمومی به همه محیط‌ها بوده و پایدار می‌باشند. مدل تکامل‌یافته‌تری از مدل فیلی و ویلکنسون توسط ابره‌ارت و راسل (۱۹۶۶) (۹) ارائه گردید.

1- Wricks ecovalance

2- Shukla Stability variance

3- Eberhart and Russel

برای شناسایی آل‌های مختلف LMW طراحی و ایجاد نشانگرهای اختصاصی ضروری است (۱۴). امکان شناسایی آل‌هایی که به دلیل هم‌پوشانی پروتئین‌های گلیادین بازیرواحدهای گلوتمین با وزن مولکولی پایین ناشناخته مانده‌اند توسط نشانگرهای اختصاصی فراهم شده است (۱۵).

کریمی‌زاده و همکاران (۱۳۹۹) پژوهشی را به‌منظور ارزیابی پایداری عملکرد دانه ۱۹ ژنوتیپ پیشرفته گندم دوروم به همراه رقم شاهد دهمدشت به مدت سه سال زراعی سال زراعی ۹۴-۱۳۹۱ در پنج منطقه با استفاده از روش‌های پارامتری تک‌متغیره اکوالانس ریک، ضریب تغییرات، واریانس پایداری شوکلا و پلیستد و پترسون انجام دادند و در نهایت چهار ژنوتیپ را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار از نظر عملکرد معرفی کردند (۱۶). نجفی میرک و همکاران (۲۰۱۸) با پژوهشی که بر روی ۱۸ لاین امیدبخش گندم دوروم به‌همراه دو شاهد، در ۴ منطقه در طی دو سال انجام دادند. جهت ارزیابی پایداری عملکرد لاین‌های مورد بررسی از آماره‌های واریانس محیطی، ضریب تغییرات، اکوالانس ریک، واریانس شوکلا، انحراف از خط رگرسیون و شاخص برتری استفاده کردند و در نهایت ژنوتیپ شماره D-96-18 به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا معرفی کردند (۱۷). آکوارا و همکاران (۲۰۰۶) از پارامترهای پایداری شوکلا، اکوالانس ریک، ضریب رگرسیون، ضریب تغییرات محیطی و انحراف از خط رگرسیون به‌منظور تجزیه پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های گندم استفاده و در نتیجه پنج ژنوتیپ را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار از نظر عملکرد معرفی کردند (۱۸). زارعی و همکاران (۲۰۱۲) در شرایط تنش خشکی روش‌های مختلف ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های گندم نان را مورد مقایسه قرار داده و بین روش‌های واریانس پایداری شوکلا،

آن‌ها انحراف از رگرسیون (Sd_i^2) را علاوه بر شیب خط رگرسیون، در ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها پیشنهاد کردند (۴). واریانس محیطی سهم نام در آزمایش را به‌اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط اندازه می‌گیرد. بخش اعظم جامعه ایرانی، نان را به‌عنوان یک جزء ثابت و مهم در الگوی غذایی خویش تلقی می‌کنند (۱۰). یکی از خصوصیات کیفی مورد توجه در اصلاح گندم، کیفیت پروتئین است که بر ارزش نانوائی اثر می‌گذارد. این پروتئین به دو دسته گلوتمین و غیرگلوتمین گروه‌بندی می‌شود. کیفیت خمیر نان به کیفیت و کمیت گلوتمین بستگی دارد که شامل گلیادین‌ها و گلوتمین‌ها است (۱۱). یکی از اهداف مهم برای پیشرفت برنامه اصلاحی گندم، کیفیت نانوائی است و گلوتمین‌ها نقش کلیدی را برای این صفت بازی می‌کنند (۱۲). گلوتمین‌ها را بر اساس وزن مولکولی به دو گروه گلوتمین‌های با وزن مولکولی بالا^۱ (HMW-GS) و گلوتمین‌های با وزن مولکولی پایین^۲ (LMW-GS) تقسیم می‌شوند. احمد (۲۰۰۰) گزارش کرد که گلوتمین‌های با وزن مولکولی پایین در تشکیل پلی‌مرهای بزرگ گلوتمین و افزایش کشسانی خمیر نقش دارند. با توجه به این‌که کیفیت پروتئین و ارزش نانوائی تابع شرایط محیطی هستند بنابراین یک رقم ممکن است کیفیت‌های متفاوتی را در محیط‌های مختلف بر اساس روش‌های متداول ارزیابی نشان دهد (۱۳).

در نتیجه استفاده از روش‌هایی که تحت‌تأثیر شرایط محیطی نباشد برای تعیین کیفیت نانوائی ارقام گندم می‌تواند موثر باشد. به دلیل اهمیت LMW-GS در کیفیت آرد و با توجه به مشکلاتی که از طریق تکنیک‌های موجود در شناسایی آن‌ها وجود دارد،

1- High-molecular-weight glutenin subunit

2- Low-molecular-weight glutenin subunit

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، به منظور شناسایی لاین‌های پایدارتر، پنج لاین تلاقی برگشتی پیشرفته گندم نان (BC_2F_6) ($BC-1$, $BC-2$, $BC-3$, $BC-4$ و $BC-5$) همراه با والدین (رقم محلی طبسی به عنوان والد غیردوره‌ای و رقم اصلاح‌شده اروپایی تایفون^۱ به عنوان والد دوره‌ای) آن‌ها (برای سهولت در انجام تجزیه و کار، لاین‌ها از شماره ۷-۱ شماره‌گذاری شدند مطابق جدول ۱) مورد بررسی قرار گرفتند. این پنج لاین قبل‌تر در قالب یک پژوهش از بین ۱۳۰ لاین تلاقی برگشتی پیشرفته و پس از ارزیابی‌های جامع کیفی و کمی محتوای گلوتن و اجزای آن انتخاب و گزینش شده‌اند. در بررسی تنوع آللی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی پایین علاوه بر لاین‌های مذکور رقم *spring Chinese* (به عنوان رقم استاندارد جهت ارزیابی دیگر نمونه‌ها) نیز مورد مطالعه قرار گرفت. پژوهش حاضر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و در شرایط دیم پیاده شد. در مزرعه هر لاین در ۸ خط ۴ متری با فاصله خطوط ۲۵ سانتی‌متر کشت شده و تراکم ۴۰۰ بذر در مترمربع بود. تمامی عملیات زراعی از قبیل مبارزه با علف‌هرز به صورت دستی انجام شد. در پایان فصل محصول سنبله‌های هشت ردیف چهار متری از هر کرت به صورت دستی برداشت و خرمکوبی شد و وزن دانه‌های به دست آمده توسط ترازوی دیجیتال اندازه‌گیری و در مترمربع گزارش شد. پژوهش حاضر به صورت هم‌زمان در مزرعه تحقیقاتی و آزمایشگاه‌های گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان و مناطق تهران و کرمانشاه به اجرا درآمد. این آزمایش در دو سال زراعی، طی سال‌های (۱۳۹۶-۱۳۹۷) و (۱۳۹۷-۱۳۹۸) انجام شد و تجزیه

اکووالانس ریک و انحراف از رگرسیون همبستگی معنی‌داری مشاهده نمودند (۱۹). حاتمی ملکی و همکاران (۲۰۲۲) جهت ارزیابی پایداری عملکرد دانه ۱۶ لاین اصلاحی پیشرفته و دو رقم جو با استفاده از روش‌های مبتنی بر رگرسیون، اکووالانس ریک، پلیستد و پیترسون و...، آزمایشی در غالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در پنج نقطه در شهرستان‌های گچساران، گنبد، ایلام، لرستان و مغان طی سه سال زراعی مورد آزمایش قرار دادند و با استفاده از این آماره‌ها دو ژنوتیپ را به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی نمودند (۲۰). پور ابوغداره و همکاران (۲۰۲۲) به منظور ارزیابی پایداری عملکرد دانه ۱۹ ژنوتیپ جو در مناطق گرمسیری آزمایشی را در غالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در پنج منطقه و دو سال با استفاده از روش‌های ناپارامتری و همچنین ضریب تغییرات، روش‌های مبتنی بر رگرسیون و... انجام دادند که منجر به معرفی دو ژنوتیپ ($G10$, $G12$) به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا گردید (۲۱).

در مطالعه حسینیان خوشرو و همکاران (۱۳۸۹) تنوعات آللی قابل ملاحظه‌ای در رابطه با زیرواحدهای LMW-Gs در ۶۲ رقم تجاری گندم نان ایران با استفاده از آغازگرهای اختصاصی مشاهده شد، آن‌ها برای مکان ژنی *Glu-A3* هشت آلل، *Glu-B3* هفده آلل و برای مکان *Glu-D3* بیست و دو آلل شناسایی کردند (۲۲). هدف از انجام این پژوهش تعیین لاین‌های دارای سازگاری عمومی و خصوصی و بررسی تنوع آللی میان لاین‌های گندم نان براساس تنوعات مربوط به مکان‌های ژنی رمزدهنده زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی پایین (LMW-Gs) می‌باشد.

اکووالانس ریک (W_i^2)

$$W_i^2 = \sum (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})^2 \quad (2)$$

در این رابطه، W_i^2 شاخص پایداری ریک برای ژنوتیپ i ، میانگین عملکرد ژنوتیپ i در محیط j ، میانگین ژنوتیپ i در تمام محیط‌ها $\bar{x}_i$ ، میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط j و $\bar{x}_{..}$ میانگین کل می‌باشد.

واریانس پایداری شوکلا (σ_i^2)

$$\sigma_i^2 = \left[\frac{p}{(p-2)(q-1)} \right] W_i^2 - \left[\frac{SS(GE)}{(p-1)(p-2)(q-1)} \right] \quad (3)$$

که در آن، G تعداد ژنوتیپ‌ها و E تعداد محیط‌ها می‌باشد.

پایداری برای شش محیط (۲ سال و ۳ مکان) انجام گردید. محیط‌ها شامل E1 (گرگان، سال زراعی ۹۶-۹۷)، E2 (گرگان، سال زراعی ۹۷-۹۸)، E3 (تهران، سال زراعی ۹۶-۹۷)، E4 (تهران، سال زراعی ۹۷-۹۸)، E5 (کرمانشاه، سال زراعی ۹۶-۹۷) و E6 (کرمانشاه، سال زراعی ۹۷-۹۸) بودند. روش‌های پارامتری مورد استفاده در این تحقیق به شرح زیر می‌باشد:

ضریب تغییرات ژنوتیپ (CV_i)

$$CV_i = \left(\sqrt{s_i^2} / \bar{x}_i \right) \times 100 \quad (1)$$

که در آن، s_i^2 واریانس محیطی ژنوتیپ i ، $\bar{x}_i$ میانگین ژنوتیپ i .

روش‌های مبتنی بر تجزیه رگرسیون خطی، روش فیلی و ویلکنسون و روش ابرهاریت و راسل

$$b_i = 1 + \sum (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})(\bar{x}_j - \bar{x}_{..}) / \sum (\bar{x}_j - \bar{x}_{..})^2 \quad (4)$$

$$s_{di}^2 = (1/e - 2) \left[\sum (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})^2 - (b_i^2 - 1)^2 \sum (\bar{x}_j - \bar{x}_{..})^2 \right] \quad (5)$$

$$x_{ij} = \mu + \beta_i I_j + \beta_j + S_{ij}$$

پلیستد θ_i و پلیستد و پیترسون $\theta_{(i)}$

$$\theta_i = \frac{-g}{(g-1)(g-2)(e-1)} \sum_{j=1}^e (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})^2 + \frac{SS_{GE}}{(g-1)(e-1)} \quad (6)$$

$$\theta_{(i)} = \frac{g}{2(g-1)(e-1)} \sum_{j=1}^e (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})^2 + \frac{SS_{GE}}{2(g-1)(e-1)} \quad (7)$$

$$SS_{GE} = \sum \sum (x_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x}_{..})^2$$

دویل (۱۹۹۰) (۲۳) انجام گرفت. کیفیت و کمیت نمونه‌های DNA ژنومی استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد ارزیابی شد. واکنش PCR برای تکثیر قطعات نشانگرها با استفاده از چهار جفت آغازگرهای آل اختصاصی ژنهای رمزدهنده گلوتین با وزن مولکولی پایین طراحی شده توسط لانگ و همکاران (۲۰۰۵) (۲۴) در حجم ۱۵ میکرولیتر انجام شد. جداسازی قطعات نشانگرهای تکثیر شده به وسیله الکتروفورز ژل آگارز دو درصد انجام شد. برای انجام واکنش PCR تیوب‌ها در دستگاه PCR ترموسایکر در معرض چرخه‌های حرارتی بهینه شده قرار گرفتند.

تشخیص نرمال بودن داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS 27.0.1 IF 026 با روش آماری kolomogorov Smirnov انجام شد. تجزیه واریانس مرکب با فرض ثابت بودن اثر لاین و تصادفی بودن اثر محیط و آزمون F برای معنی‌دار بودن همه منابع تغییر با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات با فرض تصادفی بودن اثر محیط و ثابت بودن اثر ژنوتیپ با نرم‌افزار SAS 9.3 انجام شد. برای بررسی یکنواختی واریانس خطا در محیط‌های مختلف از آزمون لون^۱ استفاده گردید. نمونه‌برداری برگ برای استخراج DNA زمانی که گیاهچه به مرحله چهار برگی رسیدند انجام شد استخراج DNA به روش دوویل

جدول ۱- کد و نام ارقام و لاین‌های مورد بررسی.

Table 1. Codes and names for studied varieties and lines.

کد Code	نام ارقام لاین‌ها varieties and lines name
L1	طیسی
L2	تایفون
L3	BC-1
L4	BC-2
L5	BC-3
L6	BC-4
L7	BC-5

تجزیه واریانس مرکب بین میانگین لاین‌ها اختلاف معنی‌داری دیده نشد. با توجه به این‌که صفات دارای ضریب تغییرات پایینی هستند، پس علت غیرمعنی‌دار شدن آن‌ها نمی‌تواند خطای آزمایش قلمداد شود. بنابراین تنها می‌توان گفت که لاین‌ها برای این صفات دارای تنوع ژنتیکی کوچکی هستند و بنابراین تجزیه واریانس نتوانسته است آن را شناسایی کند. توضیح آن‌که در تجزیه واریانس آزمون F فقط می‌تواند اختلاف‌های بزرگ بین ژنوتیپ‌ها را شناسایی کند اما اگر اختلاف‌ها دقیق و کوچک باشند این آزمون موفق

نتایج و بحث

در جدول ۲ نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب برای هفت لاین گندم نان در شش محیط (سه مکان و دو سال) برای صفات مورد بررسی ارائه شده است. از آزمون لون جهت آزمون یکنواختی واریانس خطاهای آزمایشی استفاده گردید. نتایج آزمون لون در سطح احتمال یک درصد غیرمعنی‌دار شد. بنابراین تجزیه واریانس مرکب و پایداری برای شش محیط (تمامی محیط‌ها) انجام شد. نتایج به دست آمده از

1- Leven,s Test

روی پنج ژنوتیپ ذرت انجام شد، تجزیه واریانس مرکب اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط را معنی‌دار نشان داد (۲۶).

اگر اثر متقابل لاین $\times$ محیط غیرمعنی‌دار باشد و یا از نوع غیرمقاطع باشد، نیازی به تکرار آزمایش‌های زراعی در زمان و مکان وجود ندارد، زیرا در همه محیط‌ها یک لاین بهترین عملکرد را خواهد داشت و جهت ارزیابی لاین‌ها فقط کشت در یک مکان کفایت می‌کند. اما در صورت وجود اثر متقابل مقاطع، واکنش لاین‌ها در محیط‌های مختلف متفاوت خواهد بود، بنابراین بررسی پایداری توسط اصلاح‌گران یک ضرورت محسوب می‌شود.

نخواهد شد آن‌ها را شناسایی کند اما خود را در مقایسه میانگین‌ها نشان خواهد داد (۲۵). اختلاف معنی‌داری را در سطح احتمال یک درصد برای محیط و اثر متقابل لاین $\times$ محیط نشان داد. معنی‌دار بودن اثر محیط به معنی اختلاف اساسی و کلی بین محیط‌های مورد بررسی می‌باشد. معنی‌دار بودن اثر متقابل لاین $\times$ محیط به این معنی است که لاین‌های مختلف در محیط‌های متفاوت واکنش یکسانی ندارند و اختلاف بین لاین‌ها از یک محیط به محیط دیگر متفاوت است، بنابراین جهت یافتن لاین‌های پایدار و هم‌چنین یافتن لاین‌های مناسب برای محیط‌های خاص، تجزیه و تحلیل اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط اجتناب‌ناپذیر است. در مطالعات کنگ و همکاران (۱۹۹۱) که بر

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب صفت عملکرد لاین‌های گندم.

Table 2. Composite analysis of variance of yield traits of wheat lines.

میانگین مربعات Mean of Square	مجموع مربعات Sum of Square	درجه آزادی df	منابع تغییر S.O.V.
101105**	505526	5	محیط Environment (E)
6657	79889	12	خطای ۱ (تکرار در محیط) Error 1 (Replication $\times$ E)
7048 ^{ns}	42287	6	لاین Line
4144**	124321	30	لاین $\times$ محیط Line $\times$ Environment
1859	133854	72	خطای ۲ Error 2
	885877	125	کل Total
14.84			ضریب تغییرات (درصد) CV%

^{ns}, *, ** به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح پنج و یک درصد

^{ns}, *, ** are non-significant and significant and significant at 5 and 1% at probability levels, respective

ژنوتیپ اِم در آزمایش را در اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط و در واقع انحراف یک ژنوتیپ از میانگین ژنوتی‌ها در همه محیط‌ها را اندازه می‌گیرد. بر طبق

فرانسیس و کنبرگ در سال ۱۹۷۸ (۲۷) از ضریب تغییرات ژنوتیپی به منظور تعیین پایداری ارقام ذرت استفاده کردند. ضریب تغییرات ژنوتیپی نیز سهم

این معیار ژنوتیپی پایدار است که ضریب تغییرات آن کم تر باشد. پایداری ژنوتیپی که با این معیار به دست می آید، نباید تعمیم داده شود مگر آن که ژنوتیپ های موجود در آزمایش نماینده ژنوتیپ های تحت کشت در منطقه باشند (۴). بر اساس نتایج به دست آمده در جدول ۳ در روش ضریب تغییرات فنوتیپی، به ترتیب لاین های شماره ۲، ۷ و ۴ دارای کم ترین ضریب تغییرات فنوتیپی هستند و به عنوان پایدارترین لاین ها در مقایسه با سایر لاین های مورد آزمون شناسایی و از این میان لاین ۴ با میانگین عملکرد بیش تر از میانگین کل به عنوان پایدارترین لاین با عملکرد بالا معرفی می شود. پارامتر اکوالانس ریک (W_i^2) مستقیماً به اثر متقابل ژنوتیپ در محیط مربوط می شود. نظر به این که اکوالانس سهم هر ژنوتیپ را در اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط اندازه می گیرد، بنابراین هر ژنوتیپ با $W_i^2 = 0$ را می توان به عنوان ژنوتیپ پایدار در نظر گرفت. شایان ذکر است که:

- در آزمایش های بدون تکرار $SS(GE) = \sum_i w_i^2$
 - در آزمایش های تکرار دار $r \sum_i w_i^2 = SS(GE)$
 می باشد. بر اساس آماره اکوالانس ریک لاین های L4 و L7 به ترتیب با مقادیر ۱۲۸۰/۴۵ و ۳۷۹۴/۸۲ به خاطر دارا بودن کم ترین مقادیر این پارامتر، به عنوان پایدارترین لاین ها معرفی و هم چنین در این میان عملکرد لاین L4 بالاتر از میانگین کل بوده و به عنوان پایدارترین لاین با عملکرد بالا نسبت به سایر لاین های مورد بررسی در این آزمایش شناخته شد. لاین های L2 و L6 نیز به ترتیب با مقادیر ۱۰۴۵۲/۷۵ و ۷۶۱۸/۳۴ با بیش ترین مقادیر اکوالانس ریک به عنوان لاین های ناپایدارتر معرفی می شوند.

واریانس پایداری شوکلا یک ترکیب خطی از اکوالانس است. شوکلا (۱۹۷۲) (۲۸) پیشنهاد نمود، می توان واریانس هر ژنوتیپ در محیط های مختلف را براساس باقی مانده حاصل طبقه بندی دوطرفه محیط و

ژنوتیپ برآورد کرد. ژنوتیپ پایدار با استفاده از این روش، ژنوتیپی است که مقدار واریانس آن حداقل باشد (۲۹). بنابراین براساس آماره و واریانس پایداری شوکلا، به ترتیب لاین های ۴، ۳ و ۷ داشتن کم ترین مقدار واریانس به عنوان پایدارترین لاین ها نسبت به سایر لاین های مورد آزمون معرفی و از این میان لاین های ۳ و ۴ با داشتن میانگین عملکرد بیش تر از میانگین کل به عنوان لاین های پایدارتر با عملکرد بالا معرفی می شوند.

فینیلی و ویلکینسون (۱۹۶۳) (۸) بیان داشتند ژنوتیپ هایی که دارای شیب برابر یک یا نزدیک یک هستند دارای سازگاری عمومی^۱ به همه محیط ها می باشند و در مطالعات خود، ژنوتیپ ها را براساس ضریب رگرسیونی و عملکرد زراعی به چهار گروه تقسیم می کنند:

(۱) ژنوتیپ های پایدار با عملکرد بالا: ژنوتیپ های دارای ضریب رگرسیونی یک و با عملکرد زراعی بالاتر از میانگین.

(۲) ژنوتیپ های پایدار با عملکرد پایین: ژنوتیپ های دارای ضریب رگرسیونی یک و با عملکرد زراعی کم تر از میانگین

(۳) ژنوتیپ هایی که دارای ضریب رگرسیون معنی دار و بزرگ تر از یک باشند، دارای سازگاری خصوصی برای محیط های با پتانسیل عملکرد بالا و شرایط محیطی مناسب می باشند.

(۴) ژنوتیپ هایی که دارای ضریب رگرسیون کم تر از یک هستند حساسیت کم تری نسبت به تغییرات محیط دارند و بنابراین دارای سازگاری خصوصی به محیط هایی هستند که دارای عملکرد پایین می باشند.

در هر صورت اگر b منفی باشد رقم را فقط می توان در محیط های نامناسب رویانید.

براین اساس لاین‌های ۳، ۴ و ۵ که شیب خط رگرسیونی بین ۰/۹ تا ۱/۱ داشتند (جدول ۳)، بیش‌ترین پایداری را به محیط‌های مختلف آزمایش نشان دادند. از این میان لاین‌های شماره ۳ و ۴ دارای عملکرد بالاتر از میانگین کل بودند بنابراین به عنوان لاین‌های پایدار با عملکرد بالا نسبت به سایر لاین‌های آزمایش معرفی می‌گردند. لاین‌های شماره ۲ و ۷ با داشتن شیب خط رگرسیونی کم‌تر از یک به محیط‌های با پتانسیل عملکرد پایین و شرایط نامناسب محیطی توصیه می‌شوند زیرا از حداقل عملکرد اقتصادی حتی در شرایط نامناسب محیطی برخوردار خواهند بود. لاین شماره ۶ دارای شیب خط بزرگ‌تر از یک و عملکرد بالایی بود، به عبارت دیگر این لاین نسبت به سایر لاین‌های آزمایش به بهبود شرایط محیطی عکس‌العمل بیش‌تری نشان می‌دهد، بنابراین برای کشت در محیط‌های دارای پتانسیل عملکرد بالا و شرایط مطلوب (مثلاً محیط‌های دارای حاصلخیزی زیاد) مناسب و دارای سازگاری خصوصی با این محیط‌ها می‌باشد. از مزایای استفاده از آماره شیب رگرسیونی، مستقل بودن آن از واحد اندازه‌گیری است. نتایج حاصل از تجزیه پایداری به روش ابرهات و راسل در جدول ۳ آورده شده است. در مدل ابرهات و راسل ضریب رگرسیون (b) به عنوان پارامتر پاسخ و S^2d به عنوان پارامتر پایداری در نظر گرفته می‌شود. اگر مقدار یک متغیر مستقل مشخص باشد، مقدار متغیر وابسته را می‌توان با استفاده از معادله رگرسیون برآورد کرد به شرط آن که S^2d اختلاف معنی‌داری با صفر نداشته باشد، اما اگر اختلاف S^2d از صفر معنی‌دار باشد پیش‌بینی خطی معتبر نخواهد بود. بنابراین بر طبق نظر ابرهات و راسل اگر وضعیت رقم‌ای قابل پیش‌بینی باشد (یعنی $S^2d=0$ باشد) پایدار خواهد بود. بنابراین پایداری (ثبات وضعیت یک رقم در محیط‌های مختلف) براساس نظر فیئلی و

ویلکینسون در این مورد صادق نخواهد بود، زیرا پایداری در اینجا یعنی قابل پیش‌بینی بودن. در این روش ژنوتیپ مطلوب دارای انحراف از طول خط رگرسیون کم، شیب خط معادل یک و عملکرد بالا است. در این پژوهش بر اساس نظر ابرهات و راسل لاین‌های ۴ و ۷ به دلیل داشتن کم‌ترین میانگین مربعات انحراف از رگرسیون (S^2d) به عنوان لاین‌های پایدار نسبت به سایر لاین‌های این پژوهش شناسایی و در این بین لاین شماره ۴ به دلیل شیب خط نزدیک به یک و عملکرد بیش‌تر از میانگین کل به عنوان لاین مطلوب معرفی می‌شود (جدول ۳). در روش پلیستد و پیترسون (۱۹۵۹) (۳۰) جدول تجزیه واریانس برای هر جفت ژنوتیپ تشکیل شده و واریانس اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط محاسبه می‌شود و این حالت برای تمام جفت ژنوتیپ‌های ممکن تکرار می‌شود و سپس از واریانس‌های به دست آمده برای هر ژنوتیپ میانگین گرفته می‌شود. میانگین مربوط به هر ژنوتیپ که کم‌تر باشد نشان‌دهنده سهم کم‌تر آن ژنوتیپ در کل تجزیه واریانس می‌باشد و آن ژنوتیپ از پایداری بیش‌تری نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد آزمون برخوردار است. بنابراین براساس نتایج به دست آمده از جدول ۳ لاین‌های شماره ۲ و ۶ که دارای کم‌ترین مقدار این شاخص هستند به عنوان پایدارترین لاین‌ها و لاین ۶ به دلیل میانگین عملکرد بیش‌تر از کل به عنوان لاین پایدار با عملکرد بالا معرفی می‌شود. لاین‌های شماره ۳ و ۴ نیز به دلیل داشتن بیش‌ترین مقدار این شاخص به عنوان ناپایدارترین لاین‌ها معرفی می‌شوند. براساس روش پلیستد ابتدا یک ژنوتیپ از تمام داده‌ها حذف شده و سپس جدول تجزیه واریانس محاسبه می‌شود. بنابراین هرچه قدر این واریانس بزرگ‌تر باشد سهم ژنوتیپ حذف شده کم‌تر است و در نتیجه پایدارتر می‌باشد. بنابراین براساس روش پلیستد مانند روش پلیستد و پیترسون، لاین‌های شماره ۲ و ۶ با بیش‌ترین

مقدار به عنوان لاین‌های پایدارتر و لاین ۶ با میانگین عملکرد بیش‌تر از کل به عنوان لاین پایدار با عملکرد بالا معرفی می‌شود. لاین شماره ۴ و ۷ نیز با بیش‌ترین مقدار به عنوان ناپایدارترین لاین‌ها براساس این روش معرفی می‌شوند.

جدول ۳- آماره‌های پایداری پارامتری تک‌متغیره برای عملکرد دانه لاین‌های مورد مطالعه در شش محیط.

Table 3. Single-variable parametric stability statistics for grain yield of the studied lines in six environments.

لاین‌ها	میانگین عملکرد	اکووالانس ریک	ضریب رگرسیون	انحراف از رگرسیون	ضریب تغییرات	واریانس پایداری شوکلا	پلیستد و پیترسون
لاین‌ها	عملکرد	Wricke's ecovalence (W_i^2)	Linear regression coefficient (b_i)	Residual MS value (s^2d_i)	Coefficient of variability (CV_i)	Shukla's stability variance (σ_i^2)	Plaisted and petersons ($\theta_{(i)}$)
1	256.87	6650.59	1.20	810.60	35.00	1585.85	1604.86
2	284.95	10452.75	0.46	479.21	14.37	2650.45	2048.45
3	313.55	5808.57	1.15	751.67	27.49	1350.08	1506.62
4	313.64	1280.45	1.13	128.62	25.27	82.21	978.34
5	282.79	5842.40	0.93	817.26	25.74	1359.55	1510.57
6	296.05	7618.34	1.36	652.65	33.38	1856.82	1717.76
7	284.99	3794.82	0.78	376.26	20.64	786.23	1271.69

طراحی شد. از این چهار جفت آغازگر دو جفت به صورت اختصاصی برای مکان ژنی *Glu-D3* و دو جفت برای مکان ژنی *Glu-B3* می‌باشد. تمام آغازگرهای به کار رفته در این پژوهش از نظر اختصاصی بودن توسط طراحان این آغازگرها، به وسیله لاین‌های دی تلو سومیک رقم چاینیزاسپرینگ مورد آزمون قرار گرفته و تأیید شدند (۲۴).

آغازگرهای *Glu-B3-1* (شکل ۱) و *Glu-B3-2* (شکل ۴) برای ژنوم BB گندم spring Chinese طراحی گردیده که به ترتیب قطعات ۵۰۰ bp و ۴۵۰bp را در این رقم تکثیر می‌کنند. آغازگرهای *Glu-D3-3* (شکل ۲) و *Glu-D3-4* (شکل ۳) نیز برای ژنوم DD گندم چاینیزاسپرینگ طراحی گردیده که به ترتیب قطعات ۶۰۰ bp و ۷۰۰bp را در این رقم تکثیر می‌کنند. براساس نتایج به دست آمده از آغازگرهای *Glu-B3-2* و *Glu-D3-4* در مجموع بین لاین‌های مورد بررسی تنوعی دیده نشد و الگوی

به منظور ارزیابی تنوع آلی برخی ژن‌های LMW-GS در پنج لاین تلاقی برگشتی پیشرفته گندم نان (BC_2F_6) همراه با والدین آن‌ها (رقم محلی طبری به عنوان والد دهنده و رقم اصلاح شده اروپایی تایفون به عنوان والد تکراری) و رقم چاینیزاسپرینگ (به عنوان رقم استاندارد جهت ارزیابی دیگر نمونه‌ها) از چهار جفت آغازگر اختصاصی استفاده شد. نتایج حاصل از استخراج، تعیین کمیت و کیفیت DNA ژنومی که با استفاده از ژل آگارز انجام شد نشان دهنده کمیت و کیفیت مطلوب DNAهای استخراج شده بود.

هدف از این ارزیابی اطمینان از انتقال ژن‌های کنترل کننده کیفیت نانوائی از والد دوره‌ای تایفون به عنوان رقم با کیفیت نانوائی بالا به پنج لاین حاصل از تلاقی برگشتی بود. این چهار جفت آغازگر اختصاصی برای چهار گروه ژنی طبقه بندی شده براساس توالی اسید آمینه حفاظت شده انتهای آمینی پروتئین توسط لانگ و همکاران (۲۰۰۵) (۲۴)

باند کوچک‌تر از باند اصلی نیز مشاهده گردید. اندازه باند در سایر لاین‌ها در محدوده ۶۰۰ جفت باز مطابق رقم چاینیزاسپرینگ می‌باشد. برای باند اضافی در والد دهنده طبسی می‌توان چنین استنباط کرد که ناشی از تغییرات جزئی در آن می‌باشد. در مجموع بر اساس نتایج به‌دست آمده با توجه به شباهت اندازه باندهای تکثیری بین والد دوره‌ای تایفون و پنج لاین حاصل از تلاقی برگشتی (L1, L2, L3, L4, L5) در چهار جفت آغازگر مورد بررسی می‌توان نتیجه گرفت که این چهار مکان ژنی کنترل کننده گلوتنین با وزن مولکولی پایین به‌عنوان عامل مؤثر در ارزش نانویی، از والد دوره‌ای تایفون که رقمی با کیفیت نانویی بالا می‌باشد به‌نتایج حاصل از تلاقی برگشتی منتقل گردیده است، بنابراین احتمالاً نتایج از کیفیت نانویی بالایی برخوردار می‌باشند.

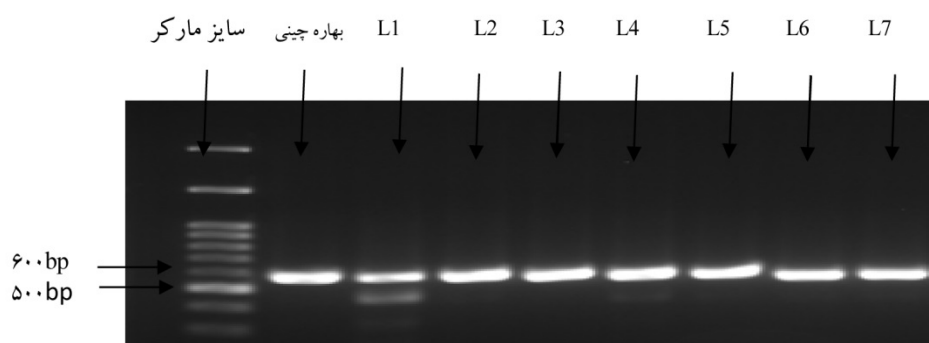
باندی همه لاین‌ها به‌ترتیب در آغازگرهای ذکر شده در محدوده ۴۵۰bp و ۷۰۰bp مطابق گزارش لانگ و همکاران (۲۰۰۵) در رقم چاینیزاسپرینگ می‌باشد. براساس نتایج آغازگر Glu-B3-1 برای آلل فوق تنوع زیادی مشاهده نشد و طول باند در والد دهنده طبسی (L1) با تفاوت جزئی بزرگ‌تر از سایر لاین‌ها بود و سایر لاین‌ها در محدوده الگوی باندی چاینیزاسپرینگ (۵۰۰bp) قرار داشتند که بیانگر انتقال آلل فوق از والد دوره‌ای تایفون به‌نتایج حاصل از تلاقی برگشتی می‌باشد. از آنجایی که اندازه باندها در طبسی و سایر لاین‌ها نزدیک به هم است می‌توان چنین استنباط کرد که این دو آلل‌های یک ژن هستند که در اثر حوادثی نظیر جهش، افزایش و یا حذف طول باند آن در رقم طبسی تغییر کرده است.

براساس نتایج حاصل از آغازگر Glu-D3-3 والد دهنده طبسی (L1) نسبت به سایر لاین‌ها یک



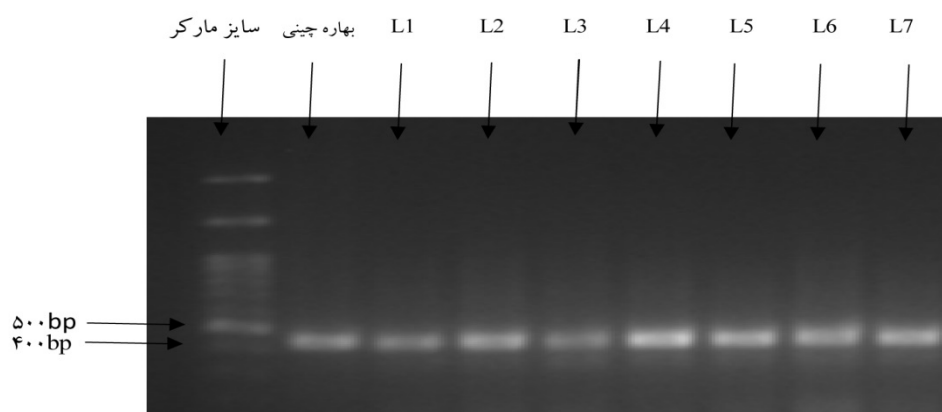
شکل ۱- قطعات تکثیر شده توسط جفت آغازگر Glu-B3-1.

Fig. 1. Fragments amplified by primer pair Glu-B3-1.



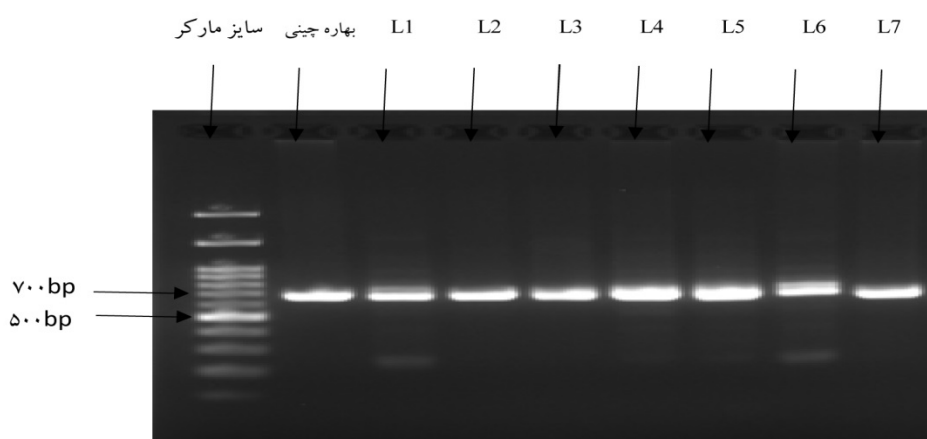
شکل ۲- قطعات تکثیر شده توسط جفت آغازگر Glu-D3-3.

Fig. 2. Fragments amplified by primer pair Glu-D3-3.



شکل ۳- قطعات تکثیر شده توسط جفت آغازگر Glu-B3-2.

Fig. 3. Fragments amplified by primer pair Glu-B3-2.



شکل ۴- قطعات تکثیر شده توسط جفت آغازگر Glu-D3-4.

Fig. 4. Fragments amplified by primer pair Glu-D3-4.

منابع

1. Ghodrati-Niari, F., & Abdolshahi, R. (2014). Evaluation of yield stability of 40 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using additive main effects and multiplicative interaction (AMMI). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 16(4), 322-333.
2. Koyro, H. W., Ahmad, P., & Geissler, N. (2012). Abiotic stress responses in plants: an overview. In *environmental adaptations and stress tolerance of plants in the era of climate change*. Springer New York, pp. 1-28.
3. Baker, H. C., & Leon, J. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101(1), 1-23.
4. Farshadfar, E. (2015). The interaction effect of genotype and environment in plant breeding. first volume. Islamic Azad University Press. Kermanshah. [In Persian]
5. Scapim, C. A., Oliveria, V. R., de Lucca e Braccini, A., Cruz, C. D., de Bastos Andrade, C. A., & vidigal, M. C. G. (2000). Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genetics and Molecular Biology*, 23 (2), 387-393.
6. Wricke, G. (1962). Über eine methode zur refassung der ökologischen streubretite in feldversuchen. *Zeitschrift fur Pflanzenzuchtung*, 47, 92-96.

7. Romagosa, M., & Fox, P. N. (1993). Integration of statistical and physiological adaptation in barley cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 86, 822-826.
8. Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14, 742-754.
9. Eberhart, S. A., & Russel, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6, 36-40.
10. Jalal Kamali, M. R. (2008). An overview of the status of wheat in the past, present and future world. *Key articles of the 10th Congress of Agricultural Sciences and Plant Breeding of Iran*, 23-45.
11. D'ovidio, R., & Masci, S. (2004). The low-molecular-weight glutenin subunits of wheat gluten. *Cereal Science*, 39 (3), 321-339.
12. Wanous, M., Munkword, J., Kruse, J., Brachman, E., Klawiter, M., & Fuehrer, K. (2003). Identification of chromosome arms influencing expression of the HMW glutenins in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 106, 213-220.
13. Ahmad, M. (2000). Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 101, 892-896.
14. Gale, K. R. (2005). Diagnostic DNA markers for quality traits in wheat. *Cereal Science*, 41, 181-192.
15. Gupta, R. B., Paul, J. G., Cornish, G. B., Palmer, G. A., Bekes, F., & Rathjen, A. J. (1994). Allelic variation at glutenin subunit and gliadin loci, Glu-1, Glu-3, and Gli-1, of common wheats. I. Its additive and interaction effects on dough properties. *Journal of Cereal Science*, 19, 9-17.
16. Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Armion, M. (2021). Evaluation of Genotype $\times$ Environment Interaction and Determining Grain Yield Stability of Durum Wheat Genotypes in Uniform Regional Yield Trials in Semi-Warm Rainfed Areas. *Plant Genetic Researches*, 7(2), 25-40.
17. Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018). Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 8(2), 79-96.
18. Akcura, M., Kaya, Y., Taner, S., & Ayranici, R. (2006). Parametric stability analysis for grain yield of durum wheat. *Plant Soil Environment*, 52, 254-261.
19. Zarei, L., Farshadfar, E., Haghparast, R., Rajabi, R., Mohammadi-Sarab-Badie, M., & Zali, H. (2012). Comparison of different methods of stability evaluation in bread wheat genotypes under drought stress conditions. *Electronic Journal of Crop Production*, 5, 81-97. [In Persian]
20. Hatami Maleki, H., Vaezi, B., Mohammadi, R., Mehraban, A., Ahmadi, A., Sabzi, Z., & Sabgahnia, N. (2022). Stability analysis and genotype $\times$ environment interaction study for grain yield of some barley genotypes. *Iranian Journal Genetics and Plant Breeding*, 9(2), 134-143.
21. Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Koohkan, S. A., Jabari, M., Marzoghian, A., Gholipour, A., Shahbazi-Homonloo, K., Zali, H., Poodineh, O., & Kheirgo, M. (2022). Dissection of genotype-by-environment interaction and yield stability analysis in barley using AMMI model and stability statistics. *Bulletin of the National Research Centre*, 46, 19.
22. Hoseinian Khoshru, H., Bihamta, M. R., Hasani, M. E., & Omid, M. (2010). Allelic Diversity of Low-Molecular-Weight Glutenin Subunits in Commercial Genotypes of Iranian Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) using Specific Markers. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 41(2), 345-354.
23. Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13-15.

24. Long, H., Wei, Y. M., Yan, Z. H., Baum, B., Nevo, E., & Zheng, Y. L. (2005). Classification of wheat group-specific primers. *Theoretical and Applied Genetics*, 111, 1251-1259.
25. Farshadfar, E., Haghparast, R., & Qaitoli, M. (2008). Chromosomal localization of the genes controlling agronomic and physiological indicators of drought tolerance in barley using disomic addition lines. *Asian journal of plant Science*, 7(6), 536-543.
26. Kang, M. S., Gorman D. P., & Pham, H. N. (1991). Application of a stability statistic to international maize yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 81, 162-165.
27. Francis T. R., & Kannenberg, L. W. (1978). Yield stability studies in short-season maize. 1. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science*, 58, 1029-1034.
28. Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspect of partitioning genotype environment components of variability. *Heredity*, 29, 237-245.
29. Roy, D. (2000). Plant breeding analysis and exploitation of variation. *Alpha Science International Ltd., U.K*, 35, 12-18.
30. Plaisted, R. I., & Peterson, L. C. (1959). A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. *Potato Journal*, 36, 381-385.

