

شناسایی مکان‌های ژنی کنترل کننده صفات فنولوژیکی در لوبیا (*Phaseolus vulgaris* L.)

Identification of QTLs Controlling Phenological Traits in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.)

مهدی گراوندی^۱، عزت‌الله فرشادفر^۲، کیانوش چغامیرزا^۳، حمیدرضا دری^۴،
و پاول گپتس^۵

۱، ۲- به ترتیب دانشجوی سابق دکتری، استاد و دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه
۳- مری، ایستگاه ملی تحقیقات لوبیا خمین، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خمین، ایران
۴- استاد، گروه علوم گیاهی، دانشگاه کالیفرنیا، دیویس، ایالات متحده آمریکا

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۰/۱۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۳/۲۲

چکیده

گراوندی، م.، فرشادفر، ع.، چغامیرزا، ک.، دری، ح. ر. و گپتس، پ. ۱۳۹۶. شناسایی مکان‌های ژنی کنترل کننده صفات فنولوژیکی در لوبیا (*Phaseolus vulgaris* L.). مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۳۳: ۹۲-۸۱. [10.22092/spij.2017.113590](https://doi.org/10.22092/spij.2017.113590)

هدف از این تحقیق تهیه نقشه پیوستگی و مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل کننده صفات فنولوژیکی در لوبیا با استفاده از یک صد لاین اینبرد نو ترکیب حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007 بود. نقشه پیوستگی با استفاده از ۲۴۰ نشانگر SNP ایجاد شد که شامل هفده گروه پیوستگی متعلق به یازده کروموزوم لوبیا با پوشش حدود ۵۲۰ سانتی‌مورگان از ژنوم و متوسط فاصله ۲/۱۶ سانتی‌مورگان بین نشانگرها بود. برای مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل کننده صفات فنولوژیکی، جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب در سال ۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه از نظر صفات روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی و دوره پر شدن دانه مورد ارزیابی قرار گرفتند. شناسایی QTL‌های مرتبط با این صفات با استفاده از روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام شد. در مجموع شش QTL برای سه صفت مطالعه شده مکان‌یابی شد. از این تعداد دو QTL برای صفت روز تا گلدهی روی کروموزوم Pv01، سه QTL برای صفت روز تا رسیدگی روی کروموزوم‌های Pv01 و Pv07 و یک QTL برای صفت دوره پر شدن دانه روی کروموزوم Pv02 مکان‌یابی شد. تفکیک متجاوز برای صفات مطالعه شده مشاهده شد، که نشان‌دهنده ترکیب آلل‌های والدین برای این صفات در برخی از لاین‌های اینبرد نو ترکیب بود. نتایج این تحقیق نشان‌دهنده اهمیت کروموزوم Pv01 در کنترل صفات مهم فنولوژیکی در لوبیا بود.

واژه‌های کلیدی: لوبیا، صفات فنولوژیکی، نشانگر SNP، نقشه پیوستگی، QTL.

مقدمه

لوبیا (*Phaseolus vulgaris* L.) یکی از مهم‌ترین حبوبات دانه‌ای است که به‌طور مستقیم مورد تغذیه انسان قرار می‌گیرد. دانه لوبیا با داشتن ۲۰ تا ۲۵ درصد پروتئین یکی از منابع اصلی تامین پروتئین جوامع بشری خصوصاً در کشورهای در حال توسعه است (Broughton *et al.*, 2003). پروتئین‌های موجود در دانه این گیاه از اسید آمینه‌های سولفوردار مانند لیزین غنی است، لذا می‌تواند مکمل غلات در جیره غذایی انسان باشد. همچنین دانه‌های این گیاه نقش مهمی در تامین مواد معدنی مورد نیاز بدن انسان مانند روی و آهن ایفا می‌کنند (Gepts *et al.*, 2008؛ Bressani, 1983؛ Broughton *et al.*, 2003). منشاء لوبیا قاره آمریکا است و فرایند اهلی‌سازی آن به‌طور مستقل در مناطقی از آمریکای مرکزی و آمریکای جنوبی انجام شده است که منجر به ایجاد دو مخزن ژنی اصلی برای این گیاه به‌نام‌های Andean و Mesoamerican شده است. ژنوتیپ‌های متعلق به این دو مخزن ژنی از نظر صفاتی مانند تیپ رشد، اندازه دانه، عملکرد دانه و واکنش به تنش‌های زیستی و غیر زیستی متفاوت هستند (Kwak and Gepts, 2009؛ Gepts *et al.*, 1986). سطح زیر کشت لوبیا در ایران در سال ۲۰۱۴ حدود ۱۰۰ هزار هکتار بوده که با تولید ۲۰۰ هزار تن بعد از نخود مقام دوم را در بین حبوبات به خود اختصاص داد. متوسط

عملکرد دانه در این سال حدود ۱۸۰۰ کیلوگرم در هکتار گزارش شده است (Anonymous, 2014). هدف مشترک برنامه‌های به‌نژادی لوبیا تولید ارقامی با عملکرد بالا و خصوصیات زراعی و کیفی مناسب است (Beaver and Osorno, 2009). با این وجود پیشرفت اصلاح ژنتیکی عملکرد دانه در گیاه لوبیا کمتر از سایر گیاهان زراعی بوده است (Kelly *et al.*, 1998). کشاورزان در انتخاب رقم مناسب تنها به عملکرد آن توجه ندارند بلکه صفات مورد توجه مصرف‌کنندگان و سایر صفات زراعی از اهمیت برابر یا بیشتر برخوردار هستند. برای افزایش عملکرد دانه و حفظ صفات مطلوب، اثر روابط بین تیپ رشد، اندازه دانه، زمان رسیدگی و مخزن ژنی در اداره جمعیت‌های در حال تفرق بایستی مورد توجه قرار گیرد (Kornegay *et al.*, 1992). الگوی توارث پیچیده و اثر قوی محیط بر عملکرد دانه و صفات زراعی مرتبط با آن ممکن است بروز فنوتیپی این صفات را تحت تاثیر خود قرار دهد. همچنین همبستگی‌های منفی بین این صفات پیشرفت اصلاح آن‌ها را با مشکل مواجه می‌کند. استفاده از نشانگرهای مولکولی به به‌نژادگران در درک عوامل ژنتیکی کنترل‌کننده این صفات و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌کنند. به کمک نشانگرهای مولکولی می‌توان ژن‌های کنترل‌کننده این صفات را در قسمت‌های خاص ژنوم مکان‌یابی کرد و اثر آن‌ها را به‌طور جداگانه مورد بررسی قرار داد

مورد استفاده چند شکلی نشان دادند و در نهایت از ۲۱۲۲ نشانگر برای تجزیه پیوستگی و ایجاد نقشه پیوستگی استفاده شد. این محققین نیز QTLهایی را برای صفت روز تا گلدهی روی کروموزوم‌های Pv01 و Pv02، برای روز تا رسیدگی روی کروموزوم‌های Pv01، Pv07 و Pv09 مکان‌یابی کردند. بلر و همکاران (Blair et al., 2006) با استفاده از نقشه پیوستگی تهیه شده از یک جمعیت حاصل از تلاقی برگشتی توسط نشانگرهای SSR، SCAR و نشانگرهای پروتئینی برای روز تا گلدهی هفت QTL روی کروموزوم‌های Pv01، Pv02، Pv06، Pv09، Pv11 و برای روز تا رسیدگی دو QTL روی کروموزوم‌های Pv05 و Pv07 شناسایی کردند. نظر به اهمیت مطالعه و مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی در اصلاح لوبیا، تحقیق حاضر به منظور ایجاد نقشه پیوستگی گیاه لوبیا با استفاده از مواد ژنتیکی داخل کشور برای استفاده در مطالعات ژنتیکی و در نهایت شناسایی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات فنولوژیکی انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی

مواد گیاهی مورد بررسی در این تحقیق شامل یکصد لاین اینبرد نو ترکیب (F₆) حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007 دریافت شده از ایستگاه ملی تحقیقات لوبیا (خمین) بود.

(Taran et al., 2002). نقشه پیوستگی مکان و فاصله ژنتیکی نشانگرها را نسبت به یکدیگر نشان می‌دهد. مهم‌ترین کاربرد نقشه‌های پیوستگی کمک به یافتن مکان کروموزومی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی است (Collard et al., 2005)؛ در زمینه استفاده از نشانگرهای SNPs در ایجاد نقشه ژنتیکی و مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات فنولوژیکی در لوبیا مطالعاتی انجام شده است. تراپ و همکاران (Trapp et al., 2015) برای تهیه نقشه ژنتیکی جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب حاصل از تلاقی ارقام Buster و Roza از چیپ ۵۳۹۸ BARCBean6K_3 استفاده کردند. از میان ۱۶۰۳ نشانگر برای ایجاد نقشه پیوستگی مناسب بود. در نهایت پس از حذف نشانگرهای دارای مکان یکسان از ۳۸۴ نشانگر برای تهیه نقشه استفاده کردند. این محققین برای روز تا گلدهی دو QTL روی کروموزوم Pv01 و برای روز تا رسیدگی چهار QTL روی کروموزوم‌های Pv01، Pv02، Pv05 و Pv08 و برای دوره پر شدن دانه سه QTL روی کروموزوم‌های Pv01 و Pv02 شناسایی کردند. در مطالعه موکشیمانان و همکاران (Mukeshimana et al., 2014) از میان ۵۳۹۸ نشانگر SNP موجود در چیپ ۳۷۱۹ BARCBean6K_3 نشانگر بین والدین جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب حاصل

تبدیل داده‌ها و تجزیه‌های آماری داده‌های مربوط به صفات اندازه‌گیری شده از نرم‌افزارهای SAS و SPSS استفاده شد.

تهیه نقشه پیوستگی و مکان‌یابی QTLها

به منظور تهیه نقشه پیوستگی با استفاده از نشانگرهای SNP، از بافت‌های شش گیاهچه لوبیا از هر لاین اینبرد نو ترکیب و والدین آن‌ها DNA با استفاده از روش نمکی استخراج شد (Geravandi, 2016). کمیت نمونه‌های DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه نانودراپ (Thermo Fisher Scientific Inc., DE) تعیین و تا غلظت ۱۰۰ نانوگرم در میکرولیتر رقیق شدند. کیفیت آن‌ها نیز با استفاده از ژل آگارز یک درصد تعیین شد. نمونه‌های DNA استخراج شده از لاین‌های اینبرد نو ترکیب و والدین آن‌ها با استفاده از چیپ BARCBean6K_3 (Song *et al.*, 2015) مطابق دستورالعمل ارائه شده توسط شرکت Illumina در مرکز تحقیقات ژنوم دانشگاه کالیفرنیا (دیویس) از نظر ۵۳۹۸ نشانگر SNP تعیین ژنوتیپ شدند. ارزیابی اولیه داده‌های مولکولی توسط نرم‌افزار GenomeStudio V2011.1 ارائه شده توسط شرکت Illumina انجام شد (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). برای حذف نشانگرهایی منومورف بین والدین و همچنین نشانگرهای فاقد اطلاعات از نرم‌افزار Excel 2013 استفاده شد. قبل از تجزیه

رقم گلی دارای تیپ رشد III با منشاء آمریکای مرکزی و متعلق به نژاد Mesoamerica است. لاین AND1007 دارای فرم بوته نیمه ایستاده و تیپ رشد II است. منشاء آن آمریکای جنوبی است و به نژاد Granada تعلق دارد. هر دو والد متعلق به گروه لوبیا قرمز هستند.

ارزیابی فنوتیپی

ارزیابی فنوتیپی لاین‌های اینبرد نو ترکیب با استفاده از طرح آگمنت بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی در پنج بلوک در سال ۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه انجام شد. هر بلوک متشکل از بیست لاین اینبرد نو ترکیب و پنج ژنوتیپ شاهد (گلی، AND1007، درخشان، D81083 و KS-31169) بود. در هر واحد آزمایشی هر لاین اینبرد نو ترکیب روی یک ردیف دو متری با فاصله بذر روی ردیف ۱۰ کاشته شد. با توجه به این که بیشتر لاین‌های اینبرد دارای تیپ رشد رونده بودند، به منظور ارزیابی دقیق فنوتیپی فاصله بین ردیف‌ها یک متر در نظر گرفته شد (Perez-Vega *et al.*, 2010). صفات مورد بررسی در این تحقیق شامل روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی و دوره پر شدن دانه بود. تمامی عملیات زراعی مطابق با عرف منطقه و نیاز گیاه شامل مبارزه دستی با علف‌های هرز، آبیاری، کود دهی و مبارزه با آفات و بیماری‌ها انجام شد. برای بررسی مفروضات تجزیه واریانس،

نشان ندادند، لذا تجزیه پیوستگی بر اساس این نشانگرها انجام شد. در نهایت پس از حذف نشانگرهای دارای مکان یکسان از ۲۴۲ نشانگر SNP برای تجزیه پیوستگی و تهیه نقشه ژنتیکی استفاده شد (Trapp *et al.*, 2015). نقشه تهیه شده از هفده گروه پیوستگی متعلق به یازده کروموزوم لوبیا تشکیل شد که در برگیرنده حدود ۵۲۰ سانتی‌مورگان از ژنوم لوبیا با متوسط فاصله ۲/۱۶ سانتی‌مورگان در هر فاصله نشانگری بود. دو نشانگر نیز به هیچ‌کدام از گروه‌های پیوستگی راه پیدا نکردند. گروه‌های پیوستگی مختلف از نظر تعداد نشانگر، طول و فاصله متوسط بین نشانگرها تفاوت‌های قابل ملاحظه‌ای داشتند. اطلاعات مربوط به گروه‌های پیوستگی مختلف در جدول ۱ خلاصه شده است. نتایج حاصل از تجزیه پیوستگی و نشانگرهای استفاده شده در این تحقیق تقریباً با نتایج حاصل از بررسی تراپ و همکاران (Trapp *et al.*, 2015) مطابقت داشتند. طول گروه‌های پیوستگی از ۳/۴۶ سانتی‌مورگان (LG10) تا ۷۰/۸۵ سانتی‌مورگان (LG02) متغیر بود. متوسط فاصله بین نشانگرهای مجاور برای گروه‌های پیوستگی مختلف از ۰/۶۹ سانتی‌مورگان (LG10) تا ۶/۰۴ سانتی‌مورگان (LG12) متفاوت به دست آمد. تعداد نشانگرهای متعلق به هر گروه پیوستگی نیز از سه نشانگر (LG07 و LG11) تا ۳۹ نشانگر (LG01) متفاوت بود. در این مطالعه

پیوستگی انحراف تفرق نشانگرها از نسبت مندلی ۱:۱ برای جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب توسط آزمون کای اسکور بررسی شد. تجزیه پیوستگی با استفاده از نرم‌افزار MapDisto 1.7.7.0.1.1 (Lorieux, 2012) با $LOD \geq 10$ انجام شد. ترسیم گروه‌های پیوستگی مختلف با استفاده از نرم‌افزار MapChart 2.3 (Voorrips, 2002) انجام شد. گروه‌های پیوستگی مختلف بر اساس مکان فیزیکی نشانگرهای SNP به کروموزوم‌های لوبیا (Pv01-Pv11) اختصاص داده شدند (Trapp *et al.*, 2015؛ Schmutz *et al.*, 2014؛ Goodstein *et al.*, 2012). شناسایی QTL‌ها توسط نرم‌افزار WinQTLCart 2.5 (Wang *et al.*, 2005) با $LOD \geq 2.5$ و روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام شد. نامگذاری QTL‌های شناسایی شده با استفاده از روش ارائه شده توسط میکلاس و پورچ (Miklas and Porch, 2010) انجام شد.

نتایج و بحث

تهیه نقشه پیوستگی

از ۵۳۹۸ نشانگر SNP استفاده شده در طراحی چیپ BARCBear6K_3، ۳۰۳۴ نشانگر بین والدین چند شکلی نشان دادند. از میان نشانگرهای چند شکل ۱۶۵۶ نشانگر در جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب از نسبت‌های مندلی (۱:۱) انحراف معنی‌داری ($P \leq 0.05$)

جدول ۱- توزیع نشانگرهای SNP روی هفده گروه پیوستگی لویا در جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007

Table 1. Distribution of SNP markers across the seventeen linkage groups of common bean in ‘Goli’/‘AND1007’ recombinant inbred line population

گروه پیوستگی Linkage group	کروموزوم Chromosome	تعداد نشانگرها Number of markers	طول Length (cM)	متوسط فاصله بین نشانگرها Average distance between markers (cM)
LG01	Pv01	39	58.04	1.48
LG02	Pv02	24	70.85	2.95
LG03	Pv02	17	56.18	3.30
LG04	Pv04	15	66.84	4.45
LGO5	Pv03	10	12.51	1.25
LG06	Pv03	6	19.17	3.19
LG07	Pv03	3	7.21	2.40
LG08	Pv11	15	21.76	1.45
LG09	Pv04	20	22.20	1.11
LG10	Pv05	5	3.46	0.69
LG11	Pv05	3	10.38	3.46
LG12	Pv06	8	48.32	6.04
LG13	Pv07	7	13.48	1.92
LG14	Pv08	10	13.31	1.33
LG15	Pv09	28	47.74	1.70
LG16	Pv10	19	32.67	1.71
LG17	Pv11	11	15.60	1.41
Entire map کل نقشه	11	240	519.79	2.16

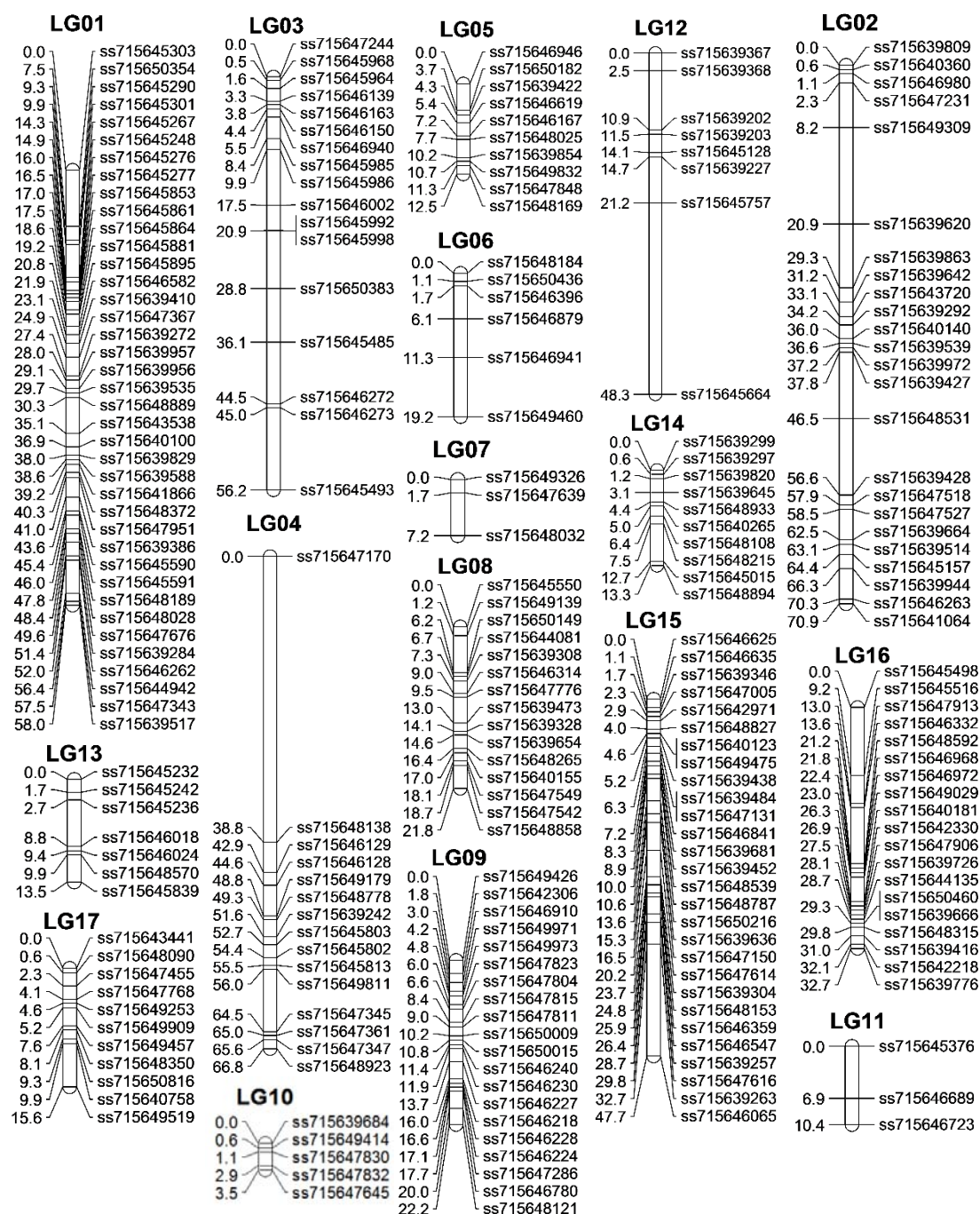
صفات معنی دار نشد، بنابراین نیازی به تصحیح داده‌های مربوط به لاین‌های اینبرد نو ترکیب نبود. میانگین صفات برای والدین جمعیت و همچنین میانگین، ضریب تغییرات و دامنه تغییرات صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب در جدول ۲ آورده شده است. بیشترین مقدار عددی ضریب تغییرات مربوط به روز تا گلدهی بود و روز تا رسیدگی کمترین مقادیر را به خود اختصاص داد. بر اساس نتایج مقایسه میانگین، والدین جمعیت از نظر تعداد روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی در سطح احتمال یک درصد و برای دوره پر شدن دانه در سطح احتمال پنج درصد تفاوت معنی دار داشتند (جدول ۲). این نتایج نشان می‌دهد که والدین از نظر صفات مورد بررسی در حد مطلوبی متفاوت انتخاب شده‌اند.

تعداد گروه‌های پیوستگی از تعداد کروموزوم‌های هاپلوئید گیاه لویا بیشتر بود (شکل ۱). به نظر می‌رسد که نشانگرهای استفاده شده بعضی از قسمت‌های ژنوم را پوشش نداده‌اند. لذا استفاده از تعداد نشانگرهای بیشتر خصوصاً نشانگرهای SSR برای لنگردار کردن گروه‌های پیوستگی و افزایش پوشش ژنومی ضروری به نظر می‌رسد.

تجزیه آماری و مکان‌یابی QTL‌های کنترل

کننده صفات فنولوژیکی

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که از نظر صفات اندازه‌گیری شده اختلاف معنی داری بین تیمارها (ارقام شاهد به همراه والدین جمعیت اینبرد لاین نو ترکیب) وجود داشت. میانگین مربعات بلوک برای هیچ کدام از



شکل ۱- نقشه پیوستگی لوبیا تهیه شده با استفاده از ۲۴۰ نشانگر SNP در جمعیت اینبرد لاین نوترکیب حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007

Fig. 1. Linkage map constructed using 240 SNPs markers in the 'Goli'/'AND1007' common bean recombinant inbred line population

که همبستگی بین روز تا گلدهی و روز تا دوره پرشدن دانه و روز تا رسیدگی

نتایج تحلیل همبستگی بین صفات نشان داد رسیدگی مثبت و معنی دار بود ($r = 0.186$). بین

کروموزوم Pv07 شناسایی شد. سه QTL شناخته شده مجموعاً ۳۱/۲۰ درصد از واریانس فنوتیپی مشاهده شده برای این صفت را توجیه کردند. QTL‌های شناسایی شده بر روی کروموزوم Pv01 دارای اثر افزایشی مثبت بودند که نشان‌دهنده نقش آلل والد گلی در افزایش تعداد روز تا زمان رسیدگی لاین‌های اینبرد نو ترکیب بود. از طرفی QTL‌های شناسایی شده روی کروموزوم Pv07 دارای اثر افزایشی منفی بود. موکشیمانا و همکاران (Mukeshimana *et al.*, 2014) و تراپ و همکاران (Trapp *et al.*, 2015) نیز برای این صفت QTL‌هایی روی کروموزوم‌های Pv01، Pv07 و سایر کروموزوم‌های لویبا در شرایط محیطی مختلف از نظر تنش خشکی شناسایی کردند. بلر و همکاران (Blair *et al.*, 2006) در مطالعه خود برای این صفت دو QTL روی کروموزوم‌های Pv05 و Pv07 مکان‌یابی کردند. همبستگی مثبت و معنی‌دار مشاهده شده بین روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی احتمالاً به دلیل پیوسته بودن جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده آن‌ها روی کروموزوم Pv01 بود.

برای صفت دوره پر شدن دانه یک QTL با اثر افزایشی منفی روی کروموزوم Pv02 مکان‌یابی شد. این QTL به‌تنهایی ۱۰/۳۶ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کرد. این نتایج نشان‌دهنده نقش والد AND1007 در افزایش دوره‌ی پر شدن دانه بود. تراپ و همکاران (Trapp *et al.*, 2015) نیز برای این صفت

نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار مشاهده شد ($r = 0/67$). همبستگی بین دوره پر شدن دانه با روز تا گلدهی در سطح احتمال پنج درصد مثبت و معنی‌دار بود ($r = 0/22$). نتایج ذکر شده با نتایج حاصل از تحلیل همبستگی بین صفات مختلف زراعی لویبا در مطالعه صادقی و همکاران (Sadeghei *et al.*, 2011) مطابقت داشت.

اطلاعات مربوط به نتایج تجزیه QTL برای صفات مختلف در جدول ۳ نشان داده شده است. برای صفت روز تا گلدهی دو QTL شناسایی شد که روی کروموزوم Pv01 قرار داشتند. این QTL‌ها در مجموع ۲۲/۲۴ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه کردند. هر دو QTL شناسایی شده دارای اثر افزایشی مثبت بودند که نشان‌دهنده نقش آلل والد گلی در افزایش تعداد روز تا گلدهی در لاین‌های اینبرد نو ترکیب بود. موکشیمانا و همکاران (Mukeshimana *et al.*, 2014) در ارزیابی خود در شرایط مختلف از نظر تنش کم آبی QTL‌هایی بر روی کروموزوم‌های Pv01 و Pv04 شناسایی کردند. همچنین توسط تراپ و همکاران (Trapp *et al.*, 2015) نیز برای این صفت دو QTL روی کروموزوم Pv01 در شرایط مختلف تنش خشکی گزارش شده است. بلر و همکاران (Blair *et al.*, 2006) یک QTL روی کروموزوم Pv01 شناسایی کردند.

برای صفت روز تا رسیدگی دو QTL روی کروموزوم Pv01 و یک QTL روی

جدول ۲- مقادیر میانگین، ضریب تغییرات، حداکثر و حداقل صفات فنولوژیکی لوبیا اندازه گیری شده در جمعیت اینبرد لاین نوترکیب حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007

Table 2. Means, coefficient of variation (CV), minimum and maximum values of phenological traits of bean measured in the 'Goli'/'AND1007' recombinant inbred line (RIL) population

Traits	صفات	والدین Parents		آزمون t t test	لاین‌های اینبرد نوترکیب RILs				
		لاین AND1007 Line AND1007	گلی Goli		میانگین Mean	حداقل Min.	حداکثر Max.	درصد ضریب تغییرات C.V.%	LSD 5%
Days to flowering	روز تا گلدهی	45.60	56.20	-11.17**	56.32	40.00	69.00	15.83	4.93
Days to maturity	روز تا رسیدگی	99.60	105.20	-3.61**	113.05	80.00	129.00	10.46	6.75
Seed filing period	دوره پر شدن دانه	54.00	49.00	2.63*	56.73	39.00	73.00	10.64	6.08

** ans *: Significant at 1% and 5% level of probability, respectively.

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد و ۵ درصد.

جدول ۳- مشخصات QTL‌های مرتبط با صفات فنولوژیکی لوبیا در جمعیت اینبرد لاین نوترکیب حاصل از تلاقی رقم گلی و لاین AND1007
Table 3. Characteristics of QTLs related to phenological traits of bean in the 'Goli'/'AND1007' recombinant inbred line population

نام QTL QTL Name	کروموزوم Chromosome	گروه پیوستگی Linkage group	موقعیت QTL QTL Peak position (cm)	نشانه‌گر مجاور Flanking marker	ارزش LOD LOD score	ضریب تبیین R ² %	اثر افزایشی Additive
Days to flowering	روز تا گلدهی						
DF1.1 ^{GA}	Pv01	LG01	7.01	ss715645303	4.09	12.45	0.36
DF1.2 ^{GA}	Pv01	LG01	9.91	ss715645301	3.17	9.78	0.32
Days to maturity	روز تا رسیدگی						
DM1.1 ^{GA}	Pv01	LG01	3.51	ss715645303	3.96	13.53	0.37
DM1.2 ^{GA}	Pv01	LG01	9.91	ss715645301	2.99	9.30	0.30
DM7.1 ^{GA}	Pv07	LG13	8.81	ss715646018	2.85	8.37	-0.31
Seed filling period	دوره پر شدن دانه						
SFP2.1 ^{GA}	Pv02	LG02	64.11	ss715639514	2.75	10.36	-2.04

رسیدگی را توجیه کردند. نتایج تحقیق حاضر و همچنین نتایج حاصل از تحقیقات تراپ و همکاران (Trapp *et al.*, 2015) و موکشیما و همکاران (Mukeshimana *et al.*, 2014) نشان دهنده اهمیت زیاد کروموزوم Pv01 در کنترل صفات فنولوژیکی لویا خصوصاً روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی است.

سپاسگزاری

از مسئولین دانشگاه کالیفرنیا (دیویس) به خاطر تامین هزینه تعیین ژنوتیپ مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق تشکر می‌شود.

References

- Anonymous 2014.** Statistics of Agricultural Crops in the World. Available online at: <http://www.fao.org>.
- Beaver, J. S., and Osorno, J. M. 2009.** Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches (review). *Euphytica* 168: 145-175.
- Blair, M. W., Iriarte, G., and Beebe, S. 2006.** QTL analysis of yield traits in an advanced backcross population derived from a cultivated Andean × wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. *Theoretical and Applied Genetics* 112: 1149-1163.
- Bressani, R. 1983.** Research needs to upgrade the nutritional quality of common beans (*Phaseolus vulgaris*). *Plant Foods for Human Nutrition* 32: 101-110.
- Broughton, W. J., Hernández, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P., and Vanderleyden, J. 2003.** Bean (*Phaseolus* spp.); model food legumes. *Plant and Soil* 252: 55-128.

QTLهایی روی کروموزوم‌های Pv01 و Pv02 گزارش کردند. برای صفات مورد مطالعه در این تحقیق تفکیک متجاوز مشاهده شد که نشان‌دهنده ترکیب آلل‌های والدین برای این صفات (افزایش دهنده) در برخی از لاین‌های اینبرد نو ترکیب است. در مطالعه پرز-وگا و همکاران (Perez-Vega *et al.*, 2010) برای صفات فنولوژیکی و صفات کیفی دانه تفکیک متجاوز مشاهده شد. بر اساس نتایج به دست آمده QTLهای کنترل کننده صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی روی کروموزوم Pv01 به ترتیب ۲۲/۲۳ و ۲۲/۸۳ درصد از تغییرات فنوتیپی روز تا گلدهی و روز تا

- Collard, B. C. Y., Jahufer, M. Z. Z., Brouwer, J. B., and Pang, E. C. K. 2005.** An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142: 169-196.
- Gepts, P., Aragão, F., Barros, E., Blair, M.W., Brondani, R., Broughton, W., Galasso, I., Hernández, G., Kami, J., Lariguet, P., McClean, P., Melotto, M., Miklas, P., Pauls, P., Pedrosa-Harand, A., Porch, T., Sánchez, F., Sparvoli, F., and Yu, K. 2008.** Genomics of Phaseolus beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the tropics. pp. 113-143. In: Moore, P., and Ming, R. (eds.) *Genomics of Tropical Crop Plants*. Springer Verlag, Heidelberg, Germany.
- Gepts, P., Osborn, T.C., Rashka, K., and Bliss, F. A. 1986.** Phaseolin protein variability in wild forms of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany* 40: 451-468.
- Geravandi, M. 2016.** Genetic analysis of morpho-agronomic traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ph.D. Thesis, Faculty of Agricultural Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran (in Persian).
- Goodstein, D. M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R. D., Fazo, J., Mitros, T., Dirks, W., Hellsten, U., Putnan, N., and Rokhsar, D. S. 2012.** Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Research* 40: D1178-D1186.
- Kelly, J. D., Kolkman, J. M., and Schneider, K. 1998.** Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 102: 343-356.
- Korneygay, J., White, J. W., and Cruz, O. D. L. 1992.** Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. *Euphytica* 62: 171-180.
- Kwak, M., and Gepts, P. 2009.** Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Theoretical and Applied Genetics* 118: 979-992.
- Lorieux, M. 2012.** MapDisto: fast and efficient computation of genetic linkage maps. *Molecular Breeding*. 30: 1231-1235.
- Miklas, P. N., and Porch, T. G. 2010.** Guidelines for common bean QTL nomenclature. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative* 53: 202-204.

- Mukeshimana, G., Butare, L., Cregan, P. B., Blair, M. W., and Kelly, J. D. 2014.** Quantitative trait loci associated with drought tolerance in common bean. *Crop Science* 54: 923-938.
- Paterson, A. H. 1996.** Making genetic maps. pp. 23-39. In: Paterson, A. H. (ed.) *Genome Mapping in Plants*. R. G. Landes Company, San Diego, California; Academic Press, Austin, Texas, USA.
- Pérez-Vega, E., Pañeda, A., Rodríguez-Suárez, C., Campa, A., Giraldez, R., and Ferreira, J. J. 2010.** Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 120: 1367-1380.
- Sadeghi, A., Cheghamirza K., and Dorri, H. R. 2011.** The study of morpho-agronomic traits relationship in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Biharean Biologist* 5(2): 102-108.
- Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., Jenkins, J., et al. 2014.** A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics* 46: 707-713.
- Song, Q., Jia, G., Hyten, D. L., Jenkins, J., Hwang, E. Y., Schroeder, S. G., Osorno, J. M., Schmutz, J., Jackson, S. A., McClean, P. E., and Cregan, P. B. 2015.** SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole-genome sequence, and other genetic and genomic applications in common bean. *G3* 5: 2285-2290.
- Taran, B., Michaels, T. E., and Pauls, K. P. 2002.** Genetic mapping of agronomic traits in common bean. *Crop Science* 42: 544-556.
- Trapp, J. J., Urrea, C. A., Cregan, P. B., and Miklas, P. N. 2015.** Quantitative trait loci for yield under multiple stress and drought conditions in a dry bean population. *Crop Science* 55: 1596-1607.
- Voorrips, R.E. 2002.** MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *The Journal of Heredity* 93 (1): 77-78.
- Wang, S., Basten, C. J., and Zeng, Z. B. 2012.** Windows QTL Cartographer 2.5. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC. (<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>).