



مکان‌یابی QTL‌های اصلی و اپیستاتیک و اثر متقابل آن‌ها با محیط برای عملکرد بیولوژیک در لاین‌های

اینبرد نو ترکیب گندم نان بهاره

حمزه حمزه*، علی اصغری*^۲، سید ابولقاسم محمدی^۳، امید سفالیان^۴، سلیمان محمدی^۵، مجتبی نور آیین^۶

^۱ دانشجوی دکتری ژنتیک بیومتری، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.

^۲ دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.

^۳ استاد، گروه به نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران.

^۴ دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.

^۵ استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران

^۶ استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۷/۲۹، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۱/۲۴

چکیده

به منظور مکان‌یابی QTL‌های اصلی و اپیستاتیک و اثر متقابل آنها با محیط برای عملکرد بیولوژیک، ۱۴۸ لاین اینبرد نو ترکیب گندم همراه با والدین YecoraRojo و No. 49 در دو ایستگاه تحقیقات کشاورزی میان‌دو آب و مهاباد در شرایط نرمال و تنش کم‌آبی انتهایی فصل طی دو سال زراعی ۱۳۹۳ و ۱۳۹۴ مورد ارزیابی قرار گرفتند. نقشه پیوستگی مورد استفاده شامل ۱۷۷ نشانگر ریز ماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون بود. برای تجزیه QTL از نرم‌افزار 2. QTL Network استفاده شد. در تحقیق حاضر مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برآورد شده برای عملکرد بیولوژیک در شرایط نرمال، تنش کم‌آبی و متوسط دو شرایط به ترتیب برابر ۲۶/۵۲، ۲۶/۹۱ و ۱۶/۰۹ درصد برآورد شد. همچنین بالاترین بازده ژنتیکی برای عملکرد بیولوژیک در شرایط نرمال دیده شد. نتایج تجزیه QTL نشان داد در شرایط نرمال یک QTL ($R^2_A=2/46$)، یک اثر متقابل QTL×E ($R^2_{AE}=5/46$)، دو اثر اپیستازی QTL×QTL ($R^2_{AA}=3/06$) و هفت اثر متقابل QTL×QTL×E ($R^2_{AAE}=14/06$) وجود داشت. در شرایط تنش کم‌آبی نیز یک QTL ($R^2_A=8$)، سه اثر اپیستازی QTL×QTL×E ($R^2_{AAE}=24/74$) و هفت اثر متقابل QTL×E با محیط ($R^2_{AE}=4/66$)، پنج اثر اپیستازی QTL×QTL×E ($R^2_{AAE}=4/68$)، هشت اثر متقابل QTL×QTL×E ($R^2_{AAE}=24/20$) معنی‌دار بودند. هر چند در مطالعه حاضر QTL-های کمی برای عملکرد بیولوژیک مشاهده شد اما در هر سه شرایط مورد بررسی نقش کروموزوم 7B در کنترل عملکرد بیولوژیک چشم‌گیر بود به طوری که یک QTL پایدار در مجاورت نشانگرهای Cfa2174.1-Wms573 مکان‌یابی شد که می‌تواند در گزینش به کمک مارکر در عملکرد بیولوژیک مورد استفاده قرار گیرد.

کلمات کلیدی: اپیستازی، عملکرد بیولوژیک، نشانگر، گندم.

های اینبرد نوترکیب که از طریق خودگشنی گیاهان F2 حاصل از تلاقی دو لاین طی چند نسل (معمولاً تا نسل F8 یا F9) تولید می‌شود، از جمله چنین جمعیت‌هایی می‌باشد. افراد این جمعیت‌ها به علت پشت سر گذاشتن چند چرخه تفرق قبل از رسیدن به هموزیگوتی، دارای ترکیبات متفاوت از ژن‌های والدینی بوده و از نظر صفات مختلف ممکن است نسبت به والدین خود برتر باشند؛ بنابراین، جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب دارای کاربردهای مختلف از قبیل ایجاد تنوع برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، تهیه نقشه‌های ژنتیکی و مکان‌یابی ژن‌های کنترل کننده صفات مختلف می‌باشند. (Young, 2000). در برنامه‌های به نژادی با هدف افزایش عملکرد انتخاب بر مبنای اجزای عملکرد بسیار مهم می‌باشد (Mohammadi & Khadambashi-Emami, 2007). به منظور اصلاح برای تحمل خشکی، عملکرد بیولوژیک از مهم‌ترین صفات زراعی می‌باشد (Blum, 2003). از آنجا عملکرد بیولوژیک دارای توارث کمی است درک ساختار ژنتیکی تولید عملکرد بیولوژیک در گندم دارای اهمیت فراوانی است. علوی و صبا (Alavi Siney & Saba, 2015) عنوان نمودند که تحت شرایط دیم عملکرد بیولوژیک یکی از عوامل اصلی و تعیین‌کننده عملکرد دانه می‌باشد. مطالعات زیادی برای مکان‌یابی QTL های مرتبط با عملکرد بیولوژیک انجام شده است. در پژوهشی Lin et al. (2014)

گندم (*Triticum aestivum* L.) مهم‌ترین گیاه زراعی جهان است که در سطحی معادل ۲۱۷ میلیون هکتار کشت می‌شود و میزان تولید سالیانه آن ۶۵۱ میلیون تن گزارش شده است (FAO, 2017). با توجه به افزایش روزافزون جمعیت جهان، برآورد شده است که تولید گندم در جهان تا سال ۲۰۲۰ باید به‌طور متوسط سالیانه ۲ درصد افزایش یابد تا پاسخگوی نیاز غذایی جمعیت دنیا باشد (Abdel-Ghany et al., 2014). کمبود آب در بسیاری از نقاط دنیا به‌عنوان مهم‌ترین عامل محدودکننده رشد و تولید گیاهان زراعی است. بنابراین، ایجاد و استفاده از ارقام متحمل به شرایط خشکی از اهمیت زیادی برخوردار است (Gol-Abadi et al., 2008). در بهنژادی و تولید ارقام پر محصول، دسترسی به تنوع ژنتیکی، اطلاع از ساختار ژنتیکی و نحوه توارث صفات ضروری است تا با بهره‌برداری صحیح از این تنوع بتوان ارقام جدید با خصوصیات مورد نظر را تولید نمود. به عبارت دیگر، تنوع ژنتیکی لازمه اصلی گزینش در برنامه‌های بهنژادی برای بهبود صفات و تولید ارقام جدید و سازگار است (Houshmand, 2003). با توجه به کاهش تنوع ژنتیکی در مواد اصلاح‌شده، انجام تلاقی بین ژنوتیپ‌هایی با خصوصیات مکمل از روش‌های متداول برای تولید جمعیت‌های در حال تفرق و ایجاد نوترکیب‌های جدید برای رسیدن به صفات مطلوب و عملکرد بالا ضروری است. جمعیت لاین-

آن‌ها با محیط برای عملکرد بیولوژیک در اینبرد لاین‌های نوترکیب گندم نان حاصل از تلاقی YecoraRojo و No. 49 انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده شامل ۱۴۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo (زودرس و پاکوتاه به‌عنوان والد پدری با منشأ آمریکا ۱۴۹) و No. 49 (دیررس و پابلند به‌عنوان والد مادری با منشأ سیستان و بلوچستان) به همراه والدین بود (Ehdaie *et al.*, 2016). جمعیت در دانشگاه ریورساید تولید و از طریق قطب علمی اصلاح مولکولی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز در اختیار این پژوهش قرار داده شد. ارزیابی مزرعه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در دو مکان مزرعه تحقیقاتی دانشگاه مهاباد و ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی میان‌دوآب در سال‌های زراعی ۱۳۹۳ و ۱۳۹۴ انجام شد. این دو منطقه بر اساس طبقه‌بندی دو مارتن، به‌ترتیب جزو مناطق نیمه خشک کشور طبقه‌بندی شده‌اند. آزمایش در هر دو منطقه در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار و در دو شرایط عادی و تنش رطوبتی اجرا شد. هر لاین و والدین در کرت‌های دو ردیفی به طول ۲/۵ متر و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی‌متر با تراکم ۵۰۰ بذر در مترمربع کشت شد. آبیاری در تیمارهای تنش و بدون تنش تا مرحله ظهور سنبله، بعد از ۹۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک

گزارش کردند که چهار QTL بر روی کروموزوم‌های شماره 3A، 4B، 4D و 5A2 در دو محیط در کنترل عملکرد بیولوژیک نقش داشتند که در حدود ۲/۵۷ تا ۱۰/۸۷ درصد از تغییرات عملکرد بیولوژیک را تبیین کردند. آن‌ها همچنین سه اثر متقابل بین کروموزوم‌های 2A×2D، 2A×4D و 3A×4B برای عملکرد بیولوژیک شناسایی نمودند. همچنین لین و همکاران (Lin *et al.*, 2008) در مطالعه ۱۳۶ لاین اینبرد لاین نوترکیب گندم نان حاصل از تلاقی Nanda 2419 x Wangshuibai در پنج محیط QTL‌هایی را برای عملکرد دانه بر روی کروموزوم‌های شماره 1B، 5B، 5D، 7A، 7D همکاران (Kadam *et al.*, 2012) سه QTL را برای بیوماس ساقه بر روی کروموزوم شماره 4B مکانیابی کردند. هشت QTL با میزان اثر متوسط (توجیه ۵/۶ و ۸/۲ درصد از تغییرات فنوتیپی) در شرایط مختلف محیطی در منطقه کلرادوی آمریکا بر روی کروموزوم شماره 2D شناسایی شد (El-Feki, 2010). در مطالعه درانی نژاد و همکاران (Dorrani-Nejad *et al.*, 2016) برای صفت وزن کاه یک QTL بزرگ اثر واقع بر کروموزوم 1D شناسایی شد که در فاصله ۸۶/۵ سانتی مورگان از ابتدای کروموزوم واقع بود که ۱۶/۶ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه کرد.

تحقیق حاضر به‌منظور بررسی میزان توارث و مکان‌یابی QTL‌های اصلی و اپیستاتیک و اثر متقابل

برابر واریانس افزایشی است (Houshmand, 2003) مقدار برآورد شده نشانگر وارثت پذیری خصوصی صفات خواهد بود. تفکیک متجاوز برای صفات در جهت مثبت و منفی با استفاده از فرمول‌های $GPN=WINL-WINL$ و $GPP=BINL-BINL$ محاسبه گردید که در آن GPN, GPP به ترتیب تفکیک متجاوز مثبت و منفی، $BINL$ و $WINL$ به ترتیب لاین‌های دارای بیشترین و کمترین ارزش و BP و WP به ترتیب والدین برخوردار از بالاترین و کمترین ارزش هستند (Houshmand, 2003). ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از فرمول‌های $PCV=(\sigma_p/X) \times 100$ و $GCV=(\sigma_g/X) \times 100$ محاسبه گردیدند که در آن‌ها σ_p و σ_g به ترتیب انحراف معیارهای فنوتیپی و ژنوتیپی و X میانگین صفت در کل جمعیت است. بازده ژنتیکی برای شدت گزینش ۵ درصد با استفاده از رابطه $GC=Kh^2\sigma_p$ محاسبه شد، که در آن K دیفرانسیل گزینش استاندارد شده (۲/۰۶۵) برای ۵ درصد گزینش، σ_p انحراف معیار فنوتیپی و h^2 وارثت پذیری خصوصی صفات است (Houshmand, 2003).

برای تجزیه QTL از نقشه پیوستگی موجود جمعیت متشکل بر ۱۷۷ نشانگر ریزماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون استفاده شد. در این نقشه، ۲۰۲ نشانگر در ۳۶ گروه پیوستگی با طول نقشه ۶۹۱/۳۶ سانتی‌مورگان قرار دارند و ۲۶ نشانگر به هیچ گروه پیوستگی منتسب نشده است. بر اساس

کلاس A، بسته به دما و میزان تبخیر و تعرق انجام گرفت. برای اعمال تنش کم‌آبی، در مرحله ظهور سنبله در تیمار تنش، آبیاری قطع شد ولی در آزمایش بدون تنش تا زمان رسیدگی آبیاری ادامه یافت. کلیه مراقبت‌های زراعی به‌طور یکسان برای لاین‌ها انجام شد. در موقع رسیدگی فیزیولوژیکی، بعد از حذف اثر حاشیه کلیه بوته‌ها از سطح خاک برداشت و به‌عنوان عملکرد بیولوژیک هر واحد آزمایشی ثبت شد.

در این بررسی آماره‌های میانگین، دامنه تغییرات، ضریب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی، وارثت-پذیری خصوصی و بازده ژنتیکی برای شدت گزینش ۵ درصد برای کلیه صفات اندازه‌گیری شد و با رویه Univariate در نرم‌افزار SAS محاسبه شدند. وارثت‌پذیری خصوصی صفات از فرمول ذیل محاسبه گردید.

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\left(\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gylt}^2}{r} + \frac{\sigma_{gyl}^2}{rt} + \frac{\sigma_{gyt}^2}{rl} + \frac{\sigma_{gt}^2}{ry} + \frac{\sigma_{gt}^2}{ryl} + \frac{\sigma_{gt}^2}{ryt} + \frac{\sigma_{gt}^2}{rlt} + \frac{\sigma_{gt}^2}{rylt} \right)}$$

که در آن‌ها σ_{2glt} , σ_{2gt} , σ_{2gl} , σ_{2gy} , σ_{2gylt} , σ_{2gyl} , σ_{2gyt} و σ_{2e} به ترتیب برابر واریانس ژنتیکی، اثرات متقابل ژنوتیپ در سال، ژنوتیپ در مکان، ژنوتیپ در شرایط، ژنوتیپ در مکان در شرایط، ژنوتیپ در سال در مکان، ژنوتیپ در سال در مکان و ژنوتیپ در سال در مکان در شرایط بودند. با توجه به این‌که واریانس ژنتیکی بین لاین‌های خالص نوترکیب معادل دو

دهد (Ehdaie *et al.*, 2008). در تحقیق حاضر بین ۱۴۸ اینبرد لاین نوترکیب از لحاظ عملکرد بیولوژیک اختلاف معنی دار در کلیه شرایط مشاهده شد. انتظار می رود میانگین جامعه لاین های خالص نوترکیب با میانگین والدین آن اختلاف معنی دار نداشته باشد (Maccaferri *et al.*, 2008). مقایسه متعامد میانگین والدین با میانگین لاین های اینبرد نوترکیب در این پژوهش نشان داد که در هر سه شرایط اختلاف معنی داری بین این دو گروه از لحاظ عملکرد بیولوژیک وجود نداشت. در شرایط تنش هر دو تفکیک متجاوز مثبت و معنی دار برای عملکرد بیولوژیک دیده شد؛ اما در شرایط نرمال و متوسط دو شرایط تنها تفکیک متجاوز مثبت و معنی دار برای صفت مذکور دیده شد. معنی دار شدن تفکیک متجاوز در جهت مثبت و منفی در مورد هر دو والد مبین این واقعیت است که آلل های افزایش دهنده صفات در بین والدین پخش شده اند و در برخی از نتایج تعداد بیشتری آلل منفی یا مثبت نسبت به والدین جمع شده اند. در تحقیق حاضر ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی قابل قبولی برای عملکرد بیولوژیک در هر سه شرایط مشاهده شد. تنوع بالا بین ژنوتیپ ها امکان بهبود صفات در آینده را فراهم می آورد و به طور خاص میزان تنوع ژنتیکی در تعیین سودمندی انتخاب مؤثر است (Subhashchandra *et al.*, 2009). بالاترین تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی در شرایط تنش کم آبی و کمترین شاخص های مذکور در متوسط دو شرایط دیده شد.

نقشه های پیوستگی ارایه شده برای گندم، ۳۴ گروه پیوستگی با ۱۹ کروموزوم از ۲۱ کروموزوم گندم مطابق دارند و متوسط فاصله دو نشانگر مجاور در نقشه برابر ۳/۴۲ سانتی مورگان است (Roder *et al.*, 1998; Roder *et al.*, 1995). تجزیه QTL با برنامه QTL network 2.0 و بر اساس روش مکان یابی فاصله ای مرکب انجام و برای QTL های شناسایی شده، اثر افزایشی و درصد تبیین واریانس فنوتیپی برآورد شد. با توجه به این که جمعیت لاین های اینبرد نوترکیب یک جمعیت دائمی است، اثر متقابل QTL × محیط، QTL × QTL و QTL × QTL × محیط نیز برآورد شد.

نتایج و بحث

تنوع صفات و پارامترهای ژنتیکی: نتایج نشان داد که در شرایط نرمال اختلاف بین والدهای Yecora Rojo و No. 49 از لحاظ عملکرد بیولوژیک در هر سه شرایط معنی دار بود (جدول ۱). در این بررسی والد No. 49 در مقایسه با والد Yecora Rojo به صورت معنی داری از عملکرد بیولوژیک بالاتری برخوردار بود. برتری والد No. 49 را می توان به خصوصیات ژنتیکی این ژنوتیپ نسبت داد. ژنوتیپ مذکور دیررس و پابند است و می تواند طول دوره رشد بیشتری داشته باشد و علاوه بر استفاده از طول دوره رشد بالا جهت فتوسنتز جاری فتوآسمیلات های ذخیره شده در ساقه را نیز در مدت زمان بیشتری به منابع انتقال

معنی دار بودند. کم بودن تعداد QTL های اصلی در تحقیق حاضر احتمالاً به دلیل پایین بودن مقدار وراثت‌پذیری صفت مذکور باشد (جدول ۲ و ۳ شکل ۱).

در شرایط نرمال برای عملکرد بیولوژیک یک QTL روی کروموزوم QBI7D-N شناسایی شد QTL مذکور در مجاور نشانگرهای Cfa2174.2- Wms573 و در فاصله ۳ سانتی‌مورگان قرار داشت که دارای مقادیر اثرافزایشی $-7/22$ و R^2 فنوتیپی برابر $2/64$ درصد بود (جدول ۱). آل افزایش‌دهنده عملکرد بیولوژیک در این بررسی از والد Yecora Rojo در نتاج به اشتراک گذاشته شده بود. QTL، QBI7D-N یک اثرمتقابل معنی‌دار با محیط نشان داد. این اثرمتقابل $5/46$ درصد از کل تغییرات واریانس فنوتیپی را به خود اختصاص داد. به‌طوری که آل‌های والد Yecora Rojo در سال اول، مکان میاندوآب و محیط نرمال مقدار عملکرد بیولوژیک را به مقدار $5/89$ واحد افزایش داد. با توجه به بالاتر بودن R^2 فنوتیپی اثرمتقابل QTL در محیط در مقایسه با اثر افزایشی QTL می‌توان نتیجه گرفت QTL شناسایی شده برای عملکرد بیولوژیک نسبت به شرایط محیطی بسیار حساس است (Wu et al., 2012). همچنین دو اثرایستازی افزایشی در افزایشی بین QTL‌های واقع روی کروموزوم‌های $2D \times 6D$ و $5B \times 6D$ برای عملکرد بیولوژیک شناسایی شد این دو اثر ایستازی $QBY6D-N \times QBY6A-N$ و $QBY5B-N$ و $QBY2D-N$ دارای

بالاترین مقدار وراثت‌پذیری برای عملکرد بیولوژیک در شرایط تنش و شرایط نرمال مشاهده شد، کمترین مقدار وراثت‌پذیری در متوسط دو شرایط دیده شد. با توجه به پایین بودن مقادیر وراثت‌پذیری خصوصی در تحقیق حاضر می‌توان اظهار داشت در کنترل عملکرد بیولوژیک نقش اثرات افزایشی بارز نبود بنابراین گزینش بر اساس صفت مذکور احتمالاً متمر ثمر نمی‌باشد. در مطالعه حمزه و همکاران (Hamze et al., 2008) مقدار وراثت‌پذیری خصوصی عملکرد بیولوژیک را متوسط به بالا $56/91$ درصد برآورد شد. همچنین بالاترین مقدار بازده ژنتیکی به عملکرد بیولوژیک در شرایط نرمال اختصاص داشت. در این مطالعه، مقادیر چولگی و کشیدگی منحنی‌های توزیع نرمال کمتر از یک بود که بیانگر نرمال بودن توزیع داده‌های مورد بررسی بود. پیوسته بودن نرمال بودن توزیع صفات نشان‌دهنده کمی بودن و دخالت چندین ژن در کنترل این صفات بود.

نتایج تجزیه QTL نشان داد در شرایط نرمال رطوبتی یک QTL، یک اثر متقابل QTL در محیط، دو اثر ایستازی $QTL \times QTL$ و هفت اثر متقابل $QTL \times QTL$ در محیط وجود داشت. در شرایط تنش کم‌آبی نیز یک QTL، سه اثر ایستازی $QTL \times QTL$ و هفت اثر $QTL \times QTL$ در محیط مکان‌یابی شد، همچنین در مجموع دو شرایط نیز دو QTL، سه اثر متقابل QTL با محیط، پنج اثر ایستازی $QTL \times QTL$ و هشت اثر $QTL \times QTL$ در محیط

معنی دار بودند. کم بودن تعداد QTL های اصلی در تحقیق حاضر احتمالاً به دلیل پایین بودن مقدار وراثت‌پذیری صفت مذکور باشد (جدول ۲ و ۳ شکل ۱).

در شرایط نرمال برای عملکرد بیولوژیک یک QTL روی کروموزوم QBI7D-N شناسایی شد QTL مذکور در مجاور نشانگرهای Cfa2174.2- Wms573 و در فاصله ۳ سانتی‌مورگان قرار داشت که دارای مقادیر اثرافزایشی $-7/22$ و R^2 فنوتیپی برابر $2/64$ درصد بود (جدول ۱). آل افزایش‌دهنده عملکرد بیولوژیک در این بررسی از والد Yecora Rojo در نتاج به اشتراک گذاشته شده بود. QTL، QBI7D-N یک اثرمتقابل معنی‌دار با محیط نشان داد. این اثرمتقابل $5/46$ درصد از کل تغییرات واریانس فنوتیپی را به خود اختصاص داد. به‌طوری که آل‌های والد Yecora Rojo در سال اول، مکان میاندوآب و محیط نرمال مقدار عملکرد بیولوژیک را به مقدار $5/89$ واحد افزایش داد. با توجه به بالاتر بودن R^2 فنوتیپی اثرمتقابل QTL در محیط در مقایسه با اثر افزایشی QTL می‌توان نتیجه گرفت QTL شناسایی شده برای عملکرد بیولوژیک نسبت به شرایط محیطی بسیار حساس است (Wu et al., 2012). همچنین دو اثراپیستازی افزایشی در افزایشی بین QTL‌های واقع روی کروموزوم‌های $2D \times 6D$ و $5B \times 6D$ برای عملکرد بیولوژیک شناسایی شد این دو اثر اپیستازی $QBY6D-N \times QBY2D-N$ و $QBY6A-N \times QBY5B-N$ دارای

مقادیر اثر افزایشی $-4/968$ و $-1/540$ بودند و $3/06$ درصد از تغییرات مرتبط با عملکرد بیولوژیک را تبیین نمودند. در دو اپیستازی شناسایی شده نقش لاین‌های اینبرد نوترکیب در کنترل عملکرد بیولوژیک بیشتر از اثرات والدین بود (Li et al., 2014). با توجه به اینکه مقدار R^2 فنوتیپی توجیه شده توسط اثرات اپیستازی افزایشی در افزایشی QTL‌ها بالاتر از اثر افزایشی QTL بود، می‌توان اظهار داشت در شرایط نرمال نقش اثرات اپیستازی افزایشی در افزایشی بین QTL‌ها در کنترل عملکرد بیولوژیک بیشتر از اثرات افزایشی QTL است (Wu et al., 2012). در شرایط تنش کم‌آبی یک QTL بر روی کروموزوم شماره 7B در مجاورت نشانگرهای Cfa2174.1- Wms573 و در موقعیت ۱ سانتی‌مورگان مکان‌یابی شد. QTL، QBI7D-S دارای اثرات افزایشی $3/16$ بود که از طریق والد Yecora Rojo در نتاج به ارث رسیده بودند که ۸ درصد از تغییرات فنوتیپی عملکرد بیولوژیک را تبیین نمود.

نتایج تجزیه QTL نشان داد در شرایط نرمال رطوبتی یک QTL، یک اثر متقابل QTL در محیط، دو اثر اپیستازی $QTL \times QTL$ و هفت اثر متقابل $QTL \times QTL$ در محیط وجود داشت. در شرایط تنش کم‌آبی نیز یک QTL، سه اثر اپیستازی $QTL \times QTL$ و هفت اثر $QTL \times QTL$ در محیط مکان‌یابی شد، همچنین در مجموع دو شرایط نیز دو QTL، سه اثر متقابل QTL با محیط، پنج اثر اپیستازی $QTL \times QTL$ و هشت اثر $QTL \times QTL$ در محیط

فوتویی عملکرد بیولوژیک را توجیه کردند. در دو اثر متقابل QBY6A-S/QBY3A-S و QBY3A/QBY3A-S نقش اثرات والدینی در مقایسه با اثرات لاین‌های اینبرد نوترکیب و در اثر متقابل QBY1B-S/QBY6B-S نقش لاین‌های اینبرد نوترکیب در مقایسه با اثرات والدینی در کنترل عملکرد بیولوژیک بارزتر بود (جدول ۲). تحت شرایط تنش کم‌آبی هفت اثر متقابل QTL×QTL در محیط معنی‌دار برای عملکرد بیولوژیک شناسایی شد مقدار تبیین واریانس فوتویی در مجموع برابر ۲۴/۷۴ درصد بود که در مقایسه با مقدار تبیین واریانس فوتویی توسط اثرات متقابل QTL×QTL به مراتب بیشتر بود که نشان‌دهنده میزان حساسیت بالای این اثرات نسبت به تغییر در شرایط محیطی است. در مجموع دو سال و دو مکان و دو شرایط برای عملکرد بیولوژیک دو QTL روی کروموزوم 7B و 5A برای شناسایی شد QTL، QBY5B-C در مجاور نشانگرهای Gwm371-Gwm213 و در فاصله ۹/۵ سانتی‌مورگان قرار داشت که دارای اثر افزایشی ۰/۵۱۳- بود که ۴/۴۷ درصد از کل تغییرات عملکرد بیولوژیک را به خود اختصاص داد (جدول ۲). همچنین QTL، QBY5B-C با سه محیط اثر متقابل معنی‌دار نشان داد که در مجموع ۴/۶۶ درصد از تغییرات فوتویی مربوط به صفت را به خود اختصاص داد.

مقادیر اثر افزایشی ۴/۹۶۸- و ۱/۵۴۰- بودند و ۳/۰۶ درصد از تغییرات مرتبط با عملکرد بیولوژیک را تبیین نمودند. در دو ایستازی شناسایی شده نقش لاین‌های اینبرد نوترکیب در کنترل عملکرد بیولوژیک بیشتر از اثرات والدین بود (Li et al., 2014). با توجه به اینکه مقدار R^2 فوتویی توجیه شده توسط اثرات ایستازی افزایشی در افزایشی QTLها بالاتر از اثر افزایشی QTL بود، می‌توان اظهار داشت در شرایط نرمال نقش اثرات ایستازی افزایشی در افزایشی بین QTLها در کنترل عملکرد بیولوژیک بیشتر از اثرات افزایشی QTL است (Wu et al., 2012).

در شرایط تنش کم‌آبی یک QTL بر روی کروموزوم شماره 7B در مجاورت نشانگرهای Cfa2174.1- Wms573 و در موقعیت ۱ سانتی‌مورگان مکان‌یابی شد. QTL، QBI7D-S دارای اثرات افزایشی ۳/۱۶ بود که از طریق والد Yecora Rojo در نتاج به ارث رسیده بودند که ۸ درصد از تغییرات فوتویی عملکرد بیولوژیک را تبیین نمود. لازم به ذکر است QTL، QBI7D-S در هر دو شرایط نرمال و تنش کم‌آبی مشترک بوده و ظهور فوتویی داشت. در کنترل عملکرد بیولوژیک سه اثر متقابل افزایشی× افزایشی معنی‌دار بین QTLهای واقع روی کروموزوم‌های 6A×3A، 1B×6B و 3A×3A شناسایی شدند. مقدار اثرات افزایشی در افزایشی این اثرات به ترتیب ۰/۷۱۲۴، ۱/۰۲۰۵- و ۴/۱۵۳۲ بود که در مجموع ۲/۰۴ درصد از تنوع کل

جدول ۱- پارامترهای آماری و تنوع صفات مورد مطالعه در ۱۴۸ لاین مورد مطالعه به همراه دو والد (Yecora Rojo × No. 49) تحت شرایط نرمال رطوبتی (میانگین دو سال و دو مکان).

Table- 1 Statistical parameters and diversity biological yield in 148 studied lines with two parents (Yecora Rojo × No. 49) under normal irrigation condition (means of two years and two locations).

متوسط دو شرایط	تنش	نرمال	Parameters	پارامترها
Average	Stress	Normal		
99.83	77.47	99.84	YecoraRojo	یوکوراروجو
124.65	86.75	115.02	No. 49	ان. ۴۹
112.24	82.10	107.42	parents mean	میانگین والدین
-24.81	-9.28	-15.18	Parental difference	اختلاف والدین
148.3	114.83	149.88	the best line	بهترین لاین
93.59	57.05	90.70	The worst line	بدترین لاین
120.01	85.78	119.26	Lines Average	میانگین لاینها
54.73	57.79	59.19	Range	دامنه تغییرات
-7.77	-3.83	-11.83	P-F	میانگین والدین - نتاج
23.68	28.09	34.84	Positive transgressive segregations	تفکیک متجاوز مثبت
-6.27	-20.42	-9.14	Negative transgressive segregations	تفکیک متجاوز منفی
13.70	14.64	13.03	Phenotypic coefficient of variations	ضریب تنوع فنوتیپی
7.77	10.74	9.48	Genetic Coefficient of variations	ضریب تنوع ژنوتیپی
16.09	26.91	26.52	Broad sense heritability	وراثت پذیری خصوصی
0.01	3.48	4.23	Genetic gain5%	بازده گزینشی ۵٪
0.118	0.141	0.218	Skewness	کشیدگی
0.256	0.159	0.128	Kurtosis	چولگی
18.39	8.35	12.23	LSD _{5%}	حداقل اختلاف معنی دار

درصد برای عملکرد بیولوژیک شناسایی شد. با توجه به اینکه مقدار تبیین واریانس فنوتیپی توسط اثرات متقابل QTL×QTL در محیط بسیار بیشتر از مقادیر اثرات متقابل QTL×QTL بود می‌توان نتیجه گرفت که این اثرات اپیستازی نسبت به تغییرات شرایط محیطی حساس می‌باشند (جدول ۳). عدم شناسایی QTL‌های مشترک بین آزمایش حاضر و تحقیقات سایر محققان به دلایل مختلفی از قبیل وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، خطاهای آزمایشی، عدم پوشش کامل ژنومی، نوع جمعیت نقشه یابی و عدم چندشکلی در مکان‌های کروموزومی مورد نظر در جمعیت حاضر ارتباط داشته است. در مقابل وجود موقعیت‌های مشابه برای QTL‌های مختلف در آزمایش‌های مختلف، نشانه کنترل ژنتیکی مشابه صفات در زمینه‌های ژنتیکی متفاوت بود (Blanco et al., 2006). لی و همکاران (Li et al., 2014) اظهار داشتند چهار QTL بر روی کروموزم‌های شماره 4D، 4B، 3A و 5A2 در دو محیط در کنترل عملکرد بیولوژیک نقش داشتند که در حدود ۲/۵۷ تا ۱۰/۸۷ درصد از تغییرات عملکرد بیولوژیک را تبیین می‌کردند، آن‌ها همچنین سه اثر متقابل بین کروموزم‌های 2A×2D، 2A×4D و 3A×4B برای عملکرد بیولوژیک شناسایی نمودند.

. در بررسی حاضر والد No.49 مقدار عملکرد بیولوژیک را در سال اول محیط میاندوآب و شرایط تنش و سال دوم محیط میاندوآب و شرایط نرمال به مقدار ۲/۵۲ و ۲/۵۷ واحد افزایش داد. همچنین والد Yecora Rojo عملکرد بیولوژیک را در سال اول محیط میاندوآب و شرایط تنش به مقدار ۴/۳۵ واحد افزایش داد. در متوسط دو شرایط پنج اثر اپیستازی افزایشی بین QTL‌های واقع روی کروموزم‌های 1B×3A، 2D×6D، 5B×6A و 1B×7B و 7A×3A برای عملکرد بیولوژیک شناسایی شد این اثرات دارای مقادیر اثر افزایشی ۰/۴۳۸۶، -۲/۵۳۶۵، -۰/۱۷۰۶، ۰/۹۴۰۱ و ۴/۴۳۳۱ بودند و در مجموع ۴/۶۸ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را تبیین نمودند. با توجه به بیشتر بودن مقادیر R^2_{AA} در مقایسه با R^2_A می‌توان گفت نقش اثرات اپیستازی افزایشی در افزایشی QTL‌ها در مقایسه با اثر افزایشی QTL در کنترل عملکرد بیولوژیک بارزتر بود. در این شرایط سه اثر متقابل بین QTL‌های واقع روی کروموزم-های 3A QBY-N1B×، QBY-N1B×، QBY-N 3A و QBY-N7B و QBY-N7A× اثرات والدین در اپیستازی و بیش‌تر از اثرات لاین‌های اینبرد نوترکیب بود ولی در دیگر اثرات اپیستازی باقی‌مانده نقش لاین‌های اینبرد نوترکیب چشم‌گیرتر بود. در شرایط مذکور هشت اثر متقابل QTL×QTL در محیط معنی‌دار با مقدار R^2_{AAE} برابر ۲۰/۲۴

نتیجه گیری

وراثت پذیری برای صفات مذکور و همچنین نقش اثرات محیطی باشد. همچنین اگر چه QTLهای کمی برای عملکرد بیولوژیک مکانیابی شد اما در هر سه شرایط مورد بررسی نقش کروموزوم 7B در کنترل عملکرد بیولوژیک بارز بود به طوری که یک QTL پایدار در مجاورت نشانگرهای Cfa2174.1-Wms573 مکانیابی شد که می تواند در گزینش به کمک مارکر در عملکرد بیولوژیک مورد استفاده قرار گیرد.

در تحقیق حاضر مقدار وراثت پذیری خصوصی برآورد شده برای عملکرد بیولوژیک در هر سه شرایط متوسط به پایین بود بنابراین می توان اظهار داشت نقش اثرات افزایشی بارز نبود و گزینش بر اساس صفت مذکور احتمالاً مثرتر نباشد. همچنین تعداد QTLهای اصلی شناسایی شده برای عملکرد بیولوژیک کم بودند دلیل کم بودن تعداد QTLها می تواند به دلیل کم بودن

جدول ۲- QTLها و اثرات متقابل QTL در محیط برای عملکرد بیولوژیک در جمعیت RIL گندم حاصل از تلاقی Yecora Rojo × No. 49.

Table 2- Detected QTL Biological yield in a RIL population of wheat obtained from Yecora Rojo × No. 49 at two years and two locations in normal, Water deficit and average of two conditions.

کروموزوم	نام QTL	نشانگرهای مجاور	موقعیت (cM)	اثر افزایشی	اثر افزایشی R ²	موقعیت	موقعیت	موقعیت
Chr.	QTL	Marker interval	Position	A	R ² _b	محیط	محیط	محیط
						R ² _{AE}	AE	افزایشی در R ²
Normal نرمال								
7B	QBI7D-N	Cfa2174.2- Wms573	3	-7.22	2.64	5.46	AE _{E1} = -5.89	افزایشی در R ²
Stress تنش								
7B	QBI7D-S	Cfa2174.1- Wms573	1	-3.16	8.0	-	-	افزایشی در R ²
Average of two conditions میانگین دو شرایط								
5B	QBY5B-C	Gwm371-Gwm213	9.5	-0.5130	1.44	4.66	AA _{E4} = -4.35	افزایشی در R ²
7B	QBI7D-S	Cfa2174.1- Wms573	1	-3.22	7	-	AA _{E5} = 2.57	افزایشی در R ²

جدول ۳- اثرات افزایشی در افزایشی QTL ها و اثرات متقابل QTL × QTL در محیط برای عملکرد بیولوژیک در جمعیت RIL گندم حاصل از تلاقی Yecora Rojo × No. 49.

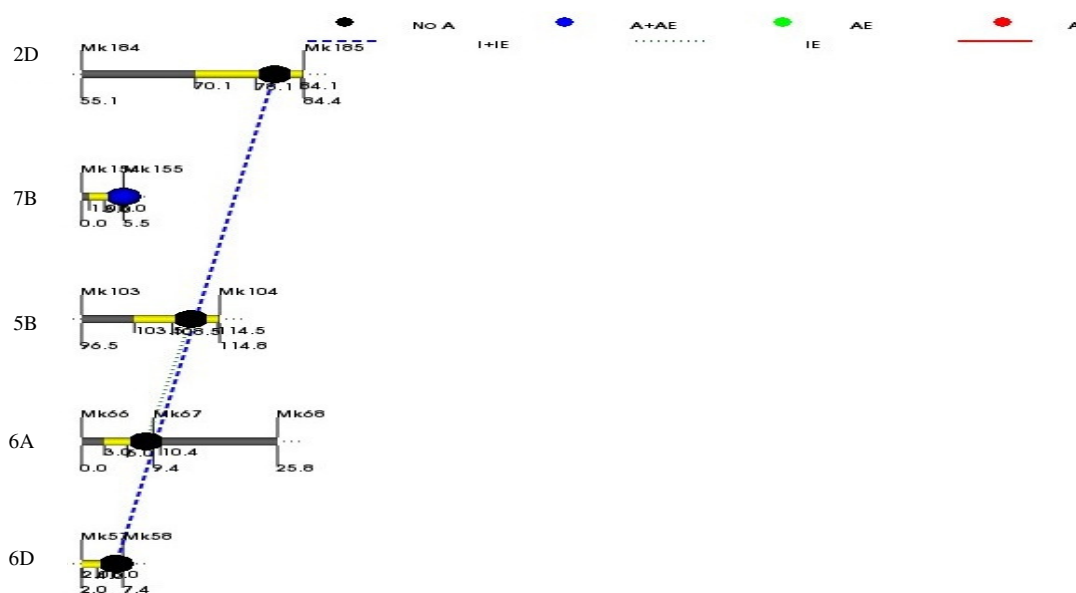
Table 3- Additive × additive epistatic QTL and QTL × QTL × environment interactions for biological yield in two years and two locations at two condition.

R ² افزایشی	افزایشی ×	R ² افزایشی	افزایشی ×	موقعیت (cM)	نشانهگر مجاور	کروموزوم J	موقعیت (cM)	نشانهگر مجاور	کروموزوم I
R ² AAE	AAE	R ² b	AA	Position	Marker intervals	Chro J	Position	Marker intervals	Chro I
شرایط نرمال Normal condition									
	AAE ₁ = 7.93								
9.06	AAE ₂ = 7.19 AAE ₃ = - 6.40 AAE ₄ = - 8.53	2.84	-4.968	78.1	'Wmc445- 5LTR.2/ISSR9.24 0	2D	4.0	Gwm325- Wmc748	6D
5.24	AAE ₂ = -5.53 AAE ₃ =3.56 AAE ₄ = 5.97	0.22	-1.540	108.5	'Gwm544- Sukkula/Nikita.13 0	5B	6.0	Wmc786- 5LTR.2/ISSR9.17 0	6A
14.3		3.06							
تنش کم آبی Water deficit condition									
9.74	AAE ₁ = -3.25 AAE ₂ = -2.43 AAE ₄ = - 3.89	1.06	0.7124	65.3	Barc113-Gwm570	6A	104.5	Wms285-Wmc3	3A
11.12	AAE ₁ = -3.85 AAE ₂ = - 3.36 AAE ₃ = 3.13 AAE ₄ = 4.17	0.04	-1.020	3.0	5LTR.2/ISSR5.19 0- Sukkula/ISSR7.92 0	1B	6.0	Barc134-Wmc388	6B
3.88	-	0.096	4.1532	8.9	Wmc405- Gwm276	3A	46.0	Gwm666- Wms155	
24.74		2.04							

Table 3- Continued

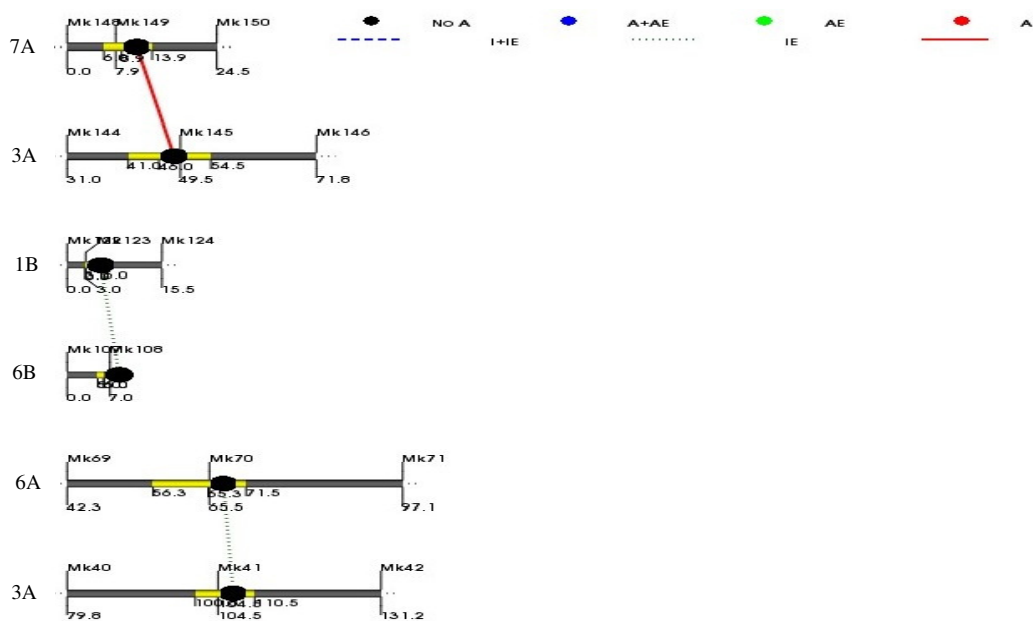
ادامه جدول ۳-

Average of two conditions متوسط دو شرایط									
2.74	-	0.002	-0.438	2.7	Sukkula/ISSR7.23 0- LTR6149/ISSR2.1 80	1B	5.4	Sukkula/ISSR7.23 0- LTR6149/ISSR2. 180	3A
7.72	AAE3= -3.79	1.04	-2.536	77.1	Wmc445- 5LTR.2/ISSR9.24 0	2D	4.0	Wmc445- 5LTR.2/ISSR9.24 0	6D
	AAE1= 5.97								
4.62	AAE3= -8.95 = - 11.14	0.04	-0.170	107.5	Gwm544- Sukkula/Nikita.13 0	5B	5.0	Gwm544- Sukkula/Nikita.13 0	6A
	AAE4 AAE6= 5.20								
2.12	AAE3= 2.40 AAE4= 4.73	0.2	0.940	2.7	Sukkula/ISSR7.23 0- LTR6149/ISSR2.1 80	1B	3.0	Sukkula/ISSR7.23 0- LTR6149/ISSR2. 180	7B
3.02	AAE3= 3.97	3.4	4.433	11.9	Wmc405- Gwm276	7A	43.0	Wmc405- Gwm276	3A
20.24		4.68							



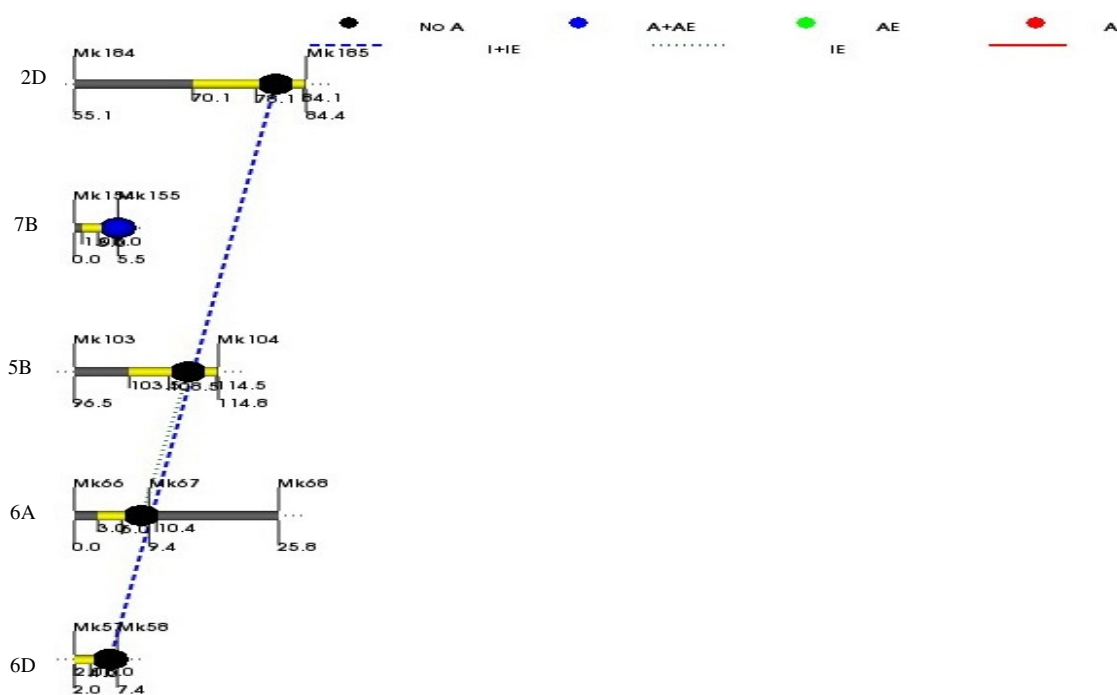
شکل ۱ - محل QTL های مرتبط با عملکرد بیولوژیک و اپیستازی آنها در شرایط نرمال.

Figure 1- Positions of additive QTL and epistatic QTL for biological yield in normal.



شکل ۲ - محل QTL های مرتبط با عملکرد بیولوژیک و اپیستازی آن‌ها در تنش کم آبی.

Figure 2- Positions of additive QTL and epistatic QTL for biological yield water deficit condition.



شکل ۳ - محل QTL های مرتبط با عملکرد بیولوژیک و اپیستازی آن‌ها در متوسط دو شرایط.

Figure 3- Positions of additive QTL and epistatic QTL for biological yield in average of two conditions.

- Abdel-Ghany HM, Nawar AA, Ibrahim ME, El-Shamarka A, Selim MM, Fahmi AI (2004). Using tissue culture to select for drought tolerance in bread wheat. Proceedings of the 4th International Crop Science Congress Brisbane, Australia, 26 Sep -1 Oct.
- Alavi Siney SM, Jalal Saba J (2015). Analysis of Yield and Yield Components Traits in Twenty Bread Wheat Genotypes Under Dryland Conditions. *Philippine Journal of Crop Science* 40: 78-84.
- Blanco A, Simeone R, Gadaleta A (2006). Detection of QTLs for grain protein content in durum wheat. *Theoretical Applied Genetics* 112: 1195-1204.
- Blum A (2003). Breeding methods for drought resistance. In: H. G. Jones, T. J. Flowers, and M. B. Jones (eds.). *Plants under stress* P. 195-215. Cambridge University Press.
- Dorrani-Nejad M, Mohammadi-Nejad G, Nakhoda B (2016). QTL mapping of grain yield and yield components in pure lines derived from Roshan × Falat bread wheat varieties (*Triticum aestivum* L.) under limited irrigation condition. *Journal of Agricultural Biotechnology* 8: 33- 43 (In Farsi).
- Ehdaie B, Alloush GA, Waines JG (2008). Genotypic variation in linear rate of grain growth and contribution of stem reserves to grain yield in wheat. *Field Crops Research* 106: 34– 43.
- Ehdaie B, Mohammadi SA, Nouraein M (2016). QTLs for root traits at mid-tillering and for root and shoot traits at maturity in a RIL population of spring bread wheat grown under well-watered conditions. *Euphytica* 211: 17–38.
- El-Feki W (2010) Mapping quantitative trait loci for bread making quality and agronomic traits in winter wheat under different soil moisture levels. Ph.D. dissertation, Colorado State University, U.S.A.
- FAO (2012). FAOSAT agricultur data. Agricultural production 2009. FAO. Rome. Fao. Org. Accessed 22 Apr 2012.
- Gol-Abadi M, Arzani A, Mirmohammady Maibody SAM (2008). Genetic analysis of some morphological traits in durum wheat by generation mean analysis under normal and drought stress conditions. *Seed Plant* 24: 99-116 (In Farsi).
- Hamze H, Saba J, Jabari F, Nassiri J, Alavi M (2008). Estimation of components variation, genotypic and phenotypic correlation coefficients of grain yield and its component in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under rainfed conditions *Environment Stresses in Agriculture Science* 2: 29-38 (In Farsi).
- Houshmand S (2003). The genetical analysis of quantitative traits. *ShahreKord Univ. Pub.* 462pp.
- Kadam S, Singh K, Shukla S, Goel S, Vikram P, Pawar V, Gaikwad K, Khanna-Chopra R, Singh N (2012). Genomic associations for drought tolerance on the short arm of wheat chromosome 4B. *Functional & Integrative Genomics* 12: 447-64.
- Landjeva S, Neumann K, Lohwasser U, Borner A (2008). Molecular mapping of genomic regions associated with wheat seedling growth under osmotic stress. *Biologia Plantarum* 52: 259-266.
- Li H, Wang G, Zheng Q, Li B, Jing R, Li Z (2014). Genetic analysis of biomass and photosynthetic parameters in wheat grown in different light intensities. *Journal of Integrative Plant Biology* 56: 594-604.

- Li X, Xia X, Xiao Y, He Z, Wang D, Trethowan R, Wang H, Chen X (2014). QTL mapping for plant height and yield components in common wheat under water-limited and full irrigation environments. – *Crop and Pasture Science* 66: 660-670.
- Lin F, Xue SL, Tian DG, Li CJ, Cao Y, Zhang ZZ, Zhang CQ, Ma ZQ (2008). Mapping chromosomal regions affecting flowering time in a spring wheat RIL population. *Euphytica* 164: 769-777.
- Maccaferri M, Sanguineti MC, Corneti S, Ortega JLA, Ben Salem M, Bort J, DeAmbrogio E, Del Moral LFG, Demontis A, El-Ahmed A, Maalouf F, Machlab H, Martos V, Moragues M, Motawaj J, Nachit M, Nserallah N, Ouabbou H, Royo C, Slama A, Tuberosa R (2008). Quantitative trait loci for grain yield and adaptation of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) across a wide range of water availability. *Genetics* 178: 489-511.
- Mohammadi SH, Khadambashi-Emami M (2007). Graphical analysis for grain yield of wheat and its components using diallelcross. *Seed and plant journal* 24: 475-486 (In Farsi).
- Rebetzke GJ, Richards RA, Condon AG, Farquhar GD (2006). Inheritance of carbon isotope discrimination in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 150: 97-106.
- Subhashchandra B, Lohithaswa HC, Desai AS, Hanchinal RR (2009). Assessment of genetic variability and relationship between genetic diversity and transgressive segregation in tetraploid wheat. *Karnataka Journal of Agricultural* 22: 36-38.
- Wu X, Chang X, Jing R (2012). Genetic insight into yield-associated traits of wheat grown in multiple rain-fed environments. *PLoS One* 7: e31249.
- Young ND (2000). Construction of plant genetic linkage map with DNA markers, In: R.L. Phillips and J.K. Vasil, (eds), *DNA-Based Markers in Plants*. Kluwer Academic Publications pp. 31- 47.
- Zarkti H, Ouabbou H, Hilali A, Udupa SM (2010). Detection of genetic diversity in Moroccan durum wheat accessions using agro-morphological traits and microsatellite markers, *African Journal of Agricultural Research* 5: 1837-1844.

Mapping main and Epistatic QTL and Their Interaction with Environment for Biological yield in Recombinant Inbred lines of Spring Wheat (*Triticum aestivum* L.)

Hamza H. ^{*1}, Asghari A. ², Mohammadi A. ³, Sofalian O. ⁴, Mohammadi S. ⁵, Nouraein M. ⁶

¹ Ph.D. Student of biometrical genetics, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran.

² Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran.

³ Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran.

⁴ Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran.

⁵ Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, P. O. Box 55136-553, Maragheh, Iran Seed and plant Improvement Research Department, West Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research Center, AREEO, Urmia, Iran

⁶ Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, P. O. Box 55136-553, Maragheh, Iran.

Abstract

In order to mapping main and epistatic qtl and their interaction with environment for biological yield using a RILs population of wheat, comprising 148 recombinant inbred lines derived from a cross between two winter wheat cultivars, 'YecoraRojo' and 'No. 49', was evaluated in two locations in Iran (Miandoab and Mahabad) during 2014-2016. A linkage map including 177 microsatellite and 51 retrotransposon markers was used in this study. Quantitative trait loci (QTL) were determined using QTL Cartographer 2.5 and QTL Network 2.0 software based on the CIM and mixed-linear method. In the present study, the estimated heritability for biological yield in normal, water deficit and average of two conditions were 26.52, 26.91 and 16.09%. Also, the highest genetic gain for biological yield was observed in normal conditions. Results of QTL analysis showed. In normal condition, one QTL ($R^2_A= 2.46$), one QTL×E ($R^2_{AE}= 5.46$), 2 additive × additive epistatic effects ($R^2_{AA}= 3.06$) and 7 QTL × QTL×E interactions ($R^2_{AAE}= 14.06$) were significant. In water deficit condition, one QTL ($R^2_A= 8$), 3 additive × additive interactions ($R^2_{AA}= 2.04$) and 3 QTL × QTL × E interactions ($R^2_{AAE}= 24.74$) were identified. In average of two conditions, two QTL ($R^2_A= 7$), 3 QTL×E ($R^2_{AE}= 4.66$), 5 additive × additive epistatic effects ($R^2_{AA}= 4.67$) and 8 QTL × QTL × E interactions ($R^2_{AAE}= 24.20$), were significant. However, a little QTL was observed for biological yield, but in all three conditions, the role of the 7B chromosome in control of biological was significant and a stable QTL was located adjacent to the 'Cfa2174.1-' Wms573 markers, which can be used in marker assisted selection for biologically selective

Keywords: *biological yield, Epistatic QTL, Microsatellite marker, Wheat.*

* Corresponding Author: Asghari A.

Tel: 09143042117

Email: ali_asgharii@yahoo.com