



نقشه‌یابی صفات سنبله و دانه با استفاده از خانواده‌های  $F_3$  و  $F_4$  حاصل از تلاقی بیچر × کویر در جو

رباب دغاغله<sup>۱</sup>، حسین صبوری<sup>۲\*</sup>، حسین حسینی مقدم<sup>۳</sup>، عیسی جرجانی<sup>۴</sup>، حسین علی فلاحی<sup>۵</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد رشته بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه گنبدکاووس، ایران

<sup>۲</sup> دانشیار گروه تولیدات گیاهی دانشگاه گنبدکاووس، ایران

<sup>۳</sup> استادیار گروه تولیدات گیاهی دانشگاه گنبدکاووس، ایران

<sup>۴</sup> استادیار گروه زیست‌شناسی دانشگاه گنبدکاووس، ایران

<sup>۵</sup> استادیار پژوهش بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان

تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰۸/۱۸، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۱۰/۱۱

### چکیده

جو پس از ذرت، گندم و برنج یکی از مهم‌ترین غلات جهان می‌باشد. به منظور نقشه‌یابی صفات سنبله و دانه در دو نسل  $F_3$  و  $F_4$  حاصل از تلاقی ارقام بیچر × کویر جمعیتی شامل ۱۰۳ خانواده  $F_3$  و  $F_4$  جو در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی طی دو سال زراعی ۹۵-۱۳۹۳ در سه تکرار کشت شد. برای صفات مورد ارزیابی تفکیک متجاوز مشاهده شد که نشان‌دهنده وجود ترکیبات آللی متفاوت در والدین بود. نقشه پیوستگی با استفاده از نشانگرهای SSR، IRAP، iPBS و ISSR تهیه شد و ۶۴۰ سانتی مورگان از ژنوم جو را پوشش داد. فاصله‌ی بین دو نشانگر ۹/۶۹ سانتی مورگان برآورد گردید. مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب پانزده QTL در دو نسل مکان‌یابی نمود. برای صفات طول ریشک، قطر دانه و طول دانه در هر دو نسل  $F_3$  و  $F_4$  QTL‌هایی شناسایی شد. برای طول دانه و تعداد سنبلچه در نسل  $F_4$  به ترتیب QTL‌های بزرگ اثر با ضریب تبیین ۱۲/۲ و ۱۵، با درصد LOD ۳/۶۲ و ۲/۹ در فاصله‌ی ۳/۵ و ۲/۵ سانتی مورگان از نشانگر شناسایی شدند. صفات طول دانه و قطر دانه در نسل  $F_3$  با نشانگر ipBS2076-5 پیوسته و هم‌مکان بودند. برای صفات طول ریشک، تعداد سنبلچه، طول دانه و قطر دانه نیز هم‌مکانی شناسایی شد. شناسایی QTL‌های کنترل‌کننده صفات می‌تواند در بهبود عملکرد مؤثر باشد. انتظار می‌رود بتوان پس از تعیین اعتبار در مکان‌ها و جمعیت‌های مختلف از QTL‌های شناسایی شده در این بررسی در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر و مکان‌یابی دقیق استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: جو، نقشه‌یابی، نسل، سنبله، QTL.

همدیگر تفکیک می‌شوند. نیازهای متفاوت در زمینه‌های تحقیقاتی امروز، باعث شده است که تغییراتی در نشانگرهای پایه به وجود آمده و نسل دوم و پیشرفته نشانگرهای مولکولی به وجود آیند (Mondini, 2009).

در پژوهشی (Golabadi et al., 2011) به منظور شناسایی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با اجزای عملکرد تحت تنش خشکی در مراحل مختلف رشد گندم دوروم از جمعیت F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از ۱۵۱ خانواده F<sub>2</sub> توسعه یافته از تلاقی بین Oste-1 × Massaral-1 استفاده نمودند. تجزیه و تحلیل QTL با استفاده از تجزیه تک نشانگری (SMA)<sup>۱</sup> و نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM)<sup>۲</sup> انجام شد. نتایج تجزیه تک نشانگری نشان داد می‌توان با نشانگرهای Xcfd22-7B و Xcfa2114-6A در شرایط مختلف زیست محیطی حدود ۲۰ درصد از تنوع فنوتیپی شاخص برداشت و وزن هزار دانه را توضیح داد. در مجموع بیست QTL جزئی و بزرگ تشخیص داده شد. پنج تا برای وزن هزار دانه، دو تا برای وزن دانه در سنبله، دو تا برای تعداد دانه در سنبله، سه تا برای تعداد سنبله در متر مربع، پنج تا برای شاخص برداشت، دو تا برای شاخص برداشت سنبله و یکی برای وزن سنبله شناسایی شد. در تحقیقی (Golabadi et al., 2010) به منظور شناسایی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با ژن(های) کنترل کننده صفات تعداد روز تا

جو چهارمین غله‌ی تجاری دنیا بعد از گندم، برنج و ذرت است و در تغذیه‌ی دام، انسان و همچنین تولید مالت اهمیت بسزایی دارد (Gonzalez et al., 1999). این گیاه از نظر کشت و کار در شرایط متنوع آب و هوایی مقام اول را دارا است (FAO, 2013). همچنین این گیاه یک مدل مهم برای مطالعات ژنتیکی و فیزیولوژی است، چون: ۱- دیپلوئید با تعداد کروموزوم‌های کم ( $2n=2x=14$ ) و نسبتاً بزرگ (۶-۸ میکرومتر) است. ۲- دوره زندگی نسبتاً کوتاهی دارد. ۳- نقشه‌های ژنتیکی کاملاً تشریح شده آن بر اساس مارکرهای مولکولی، پروتئینی، سیتولوژیکی و مورفولوژیکی وجود دارد (Zhang et al., 2005) امروزه نشانگرهای مولکولی ابزارهای ارزشمندی برای اصلاح صفات کمی در تکمیل روش‌های سنتی اصلاح نباتات به شمار می‌روند (Vos et al., 1995). تهیه نقشه‌های ژنتیکی از مهم‌ترین کاربردهای این نشانگرهاست که براساس آن می‌توان جایگاه ژنی و کروموزومی ژن‌های تعیین کننده صفات مطلوب را از نظر ترتیب و فاصله ژن‌ها و نشانگرها از یکدیگر تعیین نمود (Rafalski et al., 1996). نشانگرهای مولکولی پیوسته به ژن‌های مرتبط با صفات مورد نظر می‌توانند در جهت بهبود کارایی روش‌های اصلاحی به‌کار روند. روش‌های مختلف ارزیابی مولکولی به‌واسطه‌ی داشتن ویژگی‌های مهم مانند فراوانی در ژنوم، میزان چندشکلی، مکان اختصاصی بودن، تکرارپذیری، تکنیک‌های مورد نیاز و هزینه از

<sup>1</sup> Single Marker Analysis

<sup>2</sup> Composite Interval Mapping

در پژوهشی (Wang *et al.* (2016) به منظور مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده صفات ارگانیک در جو با استفاده از نشانگر SNP و جمعیت حاصل از تلاقی دو رقم Huaai11× Huadama16 پژوهشی انجام دادند. نقشه پیوستگی ژنتیکی حاوی ۱۸۹۴ نشانگر SNP و ۶۸ نشانگر SSR ۱۳۷۵/۸ سانتی مورگان از نقشه را پوشش داد. در تجزیه و تحلیل محیط با استفاده از CIM در مجموع ۲۲۱ QTL مربوط به ده صفت در پنج سال متوالی (۲۰۰۹-۲۰۱۳) شناسایی شد. QTL‌های شناسایی شده در هر سال به ترتیب ۵۰، ۴۸، ۴۱، ۴۱ و ۴۱ عدد بود. QTL‌های شناسایی شده به‌طور کلی روی کروموزوم‌های 4H، 2H و 7H قرار گرفتند. از میان QTL‌های شناسایی شده ۲۶ QTL برای طول سنبله اصلی، ۲۷ QTL برای تعداد سنبله در سنبله اصلی، ۲۴ QTL برای تراکم سنبله، ۱۸ QTL برای تعداد سنبله در بوته، ۲۱ QTL برای تعداد سنبله در هر بوته، ۲۶ برای وزن هزار دانه، ۱۶ برای تعداد دانه در بوته، ۲۰ برای تعداد دانه در سنبله، ۱۸ برای وزن دانه در بوته و ۲۵ برای وزن دانه در سنبله در پنج سال شناسایی شد.

به‌منظور مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده مقاومت به ورس در لاین‌های خالص نوترکیب جو (Ahmadi Ochtapeh *et al.* (2015) با ۱۶۲ لاین خالص نوترکیب نسل ۸ به همراه دو والد (آریگاشار و ایگری) در قالب طرح آلفا-لاتیس با سه تکرار در سال زراعی ۸۹-۱۳۸۸ اجرا کردند. از نقشه پیوستگی حاوی ۱۰۵ نشانگر

تشکیل سنبله، روز تا گرده‌افشانی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و دوره پر شدن دانه گندم در شرایط تنش خشکی و عدم تنش، جمعیتی شامل ۱۵۱ خانواده F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از تلاقی ژنوتیپ‌های Oste-Gata (والد متحمل) و Massara-1 (والد حساس) به خشکی، طی دو سال زراعی (۸۳-۱۳۸۲) و در دو شرایط محیطی تنش خشکی و عدم تنش (مجموعاً چهار شرایط محیطی) ارزیابی شدند. در پژوهشی (2016) Zhou *et al.* به‌منظور نقشه‌یابی و ارزشیابی جایگاه صفت کمی طول دانه در جو به مدت سه سال انجام دادند. نقشه پیوستگی ژنتیکی با استفاده از ۱۸۳۲ ژنوم متنوع ساخته شد. تکنولوژی DAr نشانگر در مجموع ۹۲۷/۰۷ سانتی‌مورگان به فاصله متوسط ۰/۴۹ را در برگرفت. در نهایت دو QTL برای طول دانه LEN-3H و LEN-4H شناسایی شد. در پژوهشی (2011) Rahimi با استفاده از جمعیت F<sub>2:3</sub> حاصل از تلاقی دو رقم جوی Hiberna و Pfyner جهت تعیین نحوه توارث به روش تجزیه میانگین نسل‌ها و همچنین شناسایی نواحی ژنومی (QTL)، نقشه پیوستگی ۱۵۹ نشانگر ریزماهواره با پوشش ژنومی ۱۰۳۰/۵ سانتی‌مورگان تهیه کردند همچنین براساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب برای صفات روز تا رسیدگی، تعداد پنجه، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه به ترتیب ۲، ۴، ۲، ۴، ۱، ۴ و ۷ ناحیه ژنومی مکان‌یابی کردند.

## مواد و روش‌ها

در این پژوهش از بذور ۱۰۳ خانواده جو (در نسل F<sub>3</sub>-۱۰۳ خانواده و در نسل F<sub>4</sub> نیز همان ۱۰۳ خانواده کشت گردید) حاصل از تلاقی ارقام Becher × Kavir به همراه والدین استفاده شد. از صفات برتر رقم بیچر می‌توان به عملکرد بالا و مقاومت به ورس همچنین برای رقم کویر مقاومت به سفیدک پودری و مقاومت به لکه‌برگی را اشاره کرد. بذور این ارقام از مرکز تحقیقات گنبدکاووس تهیه شد. این بررسی به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار و فاصله‌ی بین ردیف‌ها ۲۰ سانتی‌متر در دو سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ و ۹۵-۱۳۹۴ در مزرعه آموزشی و پژوهشی دانشگاه گنبدکاووس واقع در ۱۰۰ کیلومتری شمال شرق گرگان و در ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه عرض شمالی کشت گردید. با انتخاب ۲۰ نمونه از هر خانواده صفات طول سنبله (طول سنبله بدون در نظر گرفتن ریشک با استفاده از خط‌کش)، طول ریشک (فاصله‌ی انتهای سنبله تا میانگین طول ریشک با استفاده از خط‌کش) وزن سنبله (با اندازه‌گیری وزن سنبله‌های ۲۰ نمونه و سپس میانگین‌گیری) تعداد سنبله‌چه (با شمارش تعداد سنبله‌چه در هر سنبله) طول دانه و قطر دانه (با استفاده از کولیس دیجیتالی) در دو نسل ثبت گردید.

جهت تهیه DNA از نمونه‌های برگ‌ی تازه نسل F<sub>3</sub> استفاده شد. استخراج DNA ژنومی به روش CTAB تغییر یافته (et al., 1984)

با پوشش ژنومی AFLP و ریزماهواره و ۵۱۳/۳ سانتی مورگان برای تجزیه QTL استفاده شد. در مجموع از QTL‌های شناسایی شده یک مورد برای صفات ارتفاع گیاه، دو مورد برای طول پدانکل، سه مورد برای طول سنبله و دو مورد برای مقاومت به ورس مکان‌یابی شد.

یکی از چالش‌های اصلاح نباتات نبود اطلاعات کافی در مورد ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی است. مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی یکی از روش‌هایی است که برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی مورد استفاده قرار می‌گیرد. با شناسایی نواحی ژنومی کنترل‌کننده صفات کمی و تعیین سهم هر یک از این نواحی در ایجاد تنوع مشاهده شده صفت در جمعیت، کارایی برنامه‌های به‌نژادی افزایش یافته و با اطمینان بیشتری می‌توان به اصلاح جمعیت پرداخت (Collard and Mackill, 2008).

با توجه به تحقیقات کم انجام شده در زمینه‌ی مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده صفات سنبله و دانه انجام این تحقیق ضروری به نظر می‌رسد.

هدف از این تحقیق شناسایی نشانگرهای مولکولی پیوسته با صفات مورد مطالعه و در نتیجه تعیین موقعیت مکان‌های ژنی کنترل‌کننده آن‌ها و تعیین وراثت‌پذیری صفات و سهم اثر افزایشی آلل‌های والدینی برای QTL‌های مکان‌یابی شده در جمعیت‌های نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> جو زراعی حاصل تلاقی از دو والد Becher × Kavir بود.

برای رسم نقشه از نرم افزار MapChart (Voorrips, 2002) استفاده شد. در نهایت برای پیدا کردن QTLها از QGEN استفاده شد. از روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (Zeng, 1994) استفاده شد.

روش CIM در تجزیه پیوستگی و مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده خصوصیات مورد مطالعه استفاده شد. روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب در مقایسه با روش‌های تجزیه تک نشانگری و مکان‌یابی فاصله‌ای ساده<sup>۱</sup> از کارایی و قدرت آزمون بسیار بالایی برخوردار است. حد بحرانی جهت تشخیص QTLها با انجام آزمون Permutation به دست آمد (LOD=۲).

### نتایج و بحث

مقادیر حداقل، حداکثر، انحراف معیار و واریانس به همراه ضریب تغییرات فنوتیپی صفات مورد بررسی در جدول ۲ آورده شده است. کم‌ترین ضریب تغییرات در هر دو نسل (۴/۱۹) و (۵/۷۲)  $F_4$  مربوط به صفت طول دانه و بیش‌ترین ضریب تغییرات در نسل  $F_3$  مربوط به صفت تعداد سنبلیچه (۲۴/۷۶) و در نسل  $F_4$  مربوط به وزن سنبله (۱۷/۰۳) بود.

(Saghaie-Marooft) در آزمایشگاه ژنتیک دانشگاه گنبدکاووس انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با کمک ژل آگارز ۰.۸٪ و اسپکتوفتومتر تعیین گردید. برای انتخاب نشانگرهای ریزماهوره مناسب از پایگاه اطلاعاتی ژنتیکی (<http://www.wheat.pw.usda.gov>) استفاده شد. معیار انتخاب آغازگرهای تصادفی برای این تحقیق، میزان اطلاعات چندشکلی (PIC) و تعداد آلل مشاهده شده در مقالات قبلی بود. آغازگرهای مورد بررسی، به صورت لیوفلیزه تهیه گردید و پس از حل کردن و رقیق ساختن با آب دیونیزه (آب فاقد یون) طبق دستورالعمل مربوط، به عنوان ذخیره اصلی در دمای  $20^{\circ}\text{C}$  - نگهداری شد. برای تهیه نقشه پیوستگی ابتدا چندشکلی والدین با استفاده از ۲۹ آلل ریز ماهوره بررسی شد (جدول ۱). نهایتاً با حذف نشانگرهای دارای کج شکلی تفرق و نشانگرهای انفرادی غیر پیوسته و گروه‌های کوچک فاقد نشانگر SSR، ۷ پرایمر استفاده شد. پس از تکثیر پرایمرهای تصادفی ۵۲ آلل IPBS، ۸ آلل IRAP و ۶ آلل ISSR که نواربندی کاملاً واضح داشته و از لحاظ آماری با تفرق مندلی مطابقت داشتند وارد نقشه شدند که این تعداد نشانگر در هفت گروه پیوستگی (معادل تعداد کروموزوم‌های جو) قرار گرفتند. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز آغازگرها به وسیله ترموسایکر مدل (BIORAD) iCycler ساخت کشور آمریکا، ۹۶ چاهک‌دار اجرا گردید. برای تهیه نقشه ژنتیکی از نرم افزار Map Manager (Manly and Olso, 1999) و

<sup>1</sup> Simple Interval Mapping

جدول ۱- توالی آغازگرهای ریزماهوره SSR، IRAP و IPBS

Table 1- Sequences of microsatellite, IPBS, IRAP and ISSR primers.

ریزماهوره SSR				
نشانگر Marker	کروموزوم Chromosomal	دمای اتصال Annealing temperature	توالی مستقیم Direct Sequence	توالی معکوس Reverse Sequence
HVM20	1	64-55	5-CTCCACGAATCTCTGCACAA-3	5-CACCGCCTCCTCTTTCAC-3
HVBKASI	2	60	5-ATTGGCGTGACCGATAATTTA TGTTTC-3	5-CAAACTGCAGCTAAGCAGGGGA GA-3
HVM33	3	64-55	5-ATATTAATAAAGGTGGAAAGC C-3	5-CACGCCCTCTCCCTAGAT-3
HVM68	4	64-55	5-AGGACCGGATGTTTCATAACG	5-CAAATCTTCCAGCGAGGCT-3
HVDHN7	5	60	5-TTAGGGCTACGGTTCAGATGT T-3	5-ACGTTGTTTCTTCGCTGCTG-3
HVM65	6	64-55	5-AGACATCCAAAAATGAACCA -3	5-TGGTAACTTGCCCCAAAG-3
HVM5	7	55	5-AACGACGTCGCCACACAAC- 3	5-AGGAACGAACGAAGGGAGTATTA AGCAG-3
IPBS, IRAP and ISSR				
نشانگر Marker	موتیف Motif	دمای اتصال Annealing temperature	توالی Sequences	
2083	-	55-50	5-CTTCTAGCGCCA-3	
2077	-	55-60	5-CTCACGATGCCA-3	
2076	-	64-59	5-GCTCCGATGCCA-3	
2238	-	60-55	5-ACCTAGCTCATGATGCCA-3	
2085	-	64-59	5-ATGCCGATACCA-3	
2240	-	60-55	5-AACCTGGCCTCAGATGCCA-3	
2241	-	55-50	5-ACCTAGCTCATCATGCCA-3	
2075	-	55-50	5-CTCATGATGCCA-3	
GU929878	-	55-60	5-GCATCAGCCTGGACCAGTCCTCGTCC-3	
38	(GGAA) <sub>5</sub> T	57-52	5-GGAAGGAAGGAAGGAAGGAAT-3	

جدول ۲- آمار توصیفی صفات اندازه‌گیری شده برای خانواده‌های F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> جو حاصل از تلاقی بیچر × کویر.

**Table 2- Descriptive statistics of gualuated traits in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families of Becher × Kavir Cross in barley.**

F <sub>3</sub>						
ضریب تغییرات (%) C.V	انحراف معیار Std. Deviation	واریانس Variance	حداکثر Maximum	حداقل Minimum	میانگین Mean	صفات Trait
9.83	0.64	0.41	8.89	4.91	6.88	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length
6.75	0.58	0.33	12.99	9.51	10.94	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length
13.02	0.18	0.03	2.07	1.11	1.50	وزن سنبله (گرم) Spike weight
24.76	0.76	0.58	13.87	9.17	11.25	تعداد سنبله‌چه Spikelet number
4.19	2.81	7.90	18.61	8.05	13.70	طول دانه (میلی‌متر) Grain length
5.89	0.21	0.04	2.47	1.42	1.90	قطر دانه (میلی‌متر) Grain diameter
F <sub>4</sub>						
ضریب تغییرات (%) C.V	انحراف معیار Std.Deviation	واریانس Variance	حداکثر Maximum	حداقل Minimum	میانگین Mean	صفات Trait
13.59	0.93	0.88	10.70	4.76	6.84	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length
12.89	1.06	1.13	11.86	5.33	8.22	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length
17.03	0.46	0.21	4.31	1.72	2.70	وزن سنبله (گرم) Spike weight
13.96	1.49	2.24	15.33	6.66	10.67	تعداد سنبله‌چه Spikelet number
5.72	0.55	0.30	11.03	7.73	9.61	طول دانه (میلی‌متر) Grain length
15.20	0.40	0.16	4.20	1.86	2.63	قطر دانه (میلی‌متر) Grain diameter

جدول ۳- ضرایب همبستگی صفات زراعی نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از تلاقی بیچر × کویر.

**Table 3- Correlation coefficients of agronomic traits in the F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families Becher × Kavir cross.**

صفت	طول سنبله	طول ریشک	وزن سنبله	تعداد سنبلچه	طول دانه	قطر دانه
Trait	Spike length (cm)	Awn length (cm)	Spike weight (gr)	Spikelet number	Grain length (mm)	Grain Diameter (mm)
طول سنبله						0.13 <sup>ns</sup>
Spike length						0.31 <sup>**</sup>
طول ریشک	-0.11 <sup>ns</sup>		0.22 <sup>*</sup>	0.14 <sup>ns</sup>	-0.03 <sup>ns</sup>	0.12 <sup>ns</sup>
Awn length						0.06 <sup>ns</sup>
وزن سنبله	0.43 <sup>**</sup>	0.09 <sup>ns</sup>		0.65 <sup>**</sup>	0.10 <sup>ns</sup>	0.07 <sup>ns</sup>
Spike weight						-0.08 <sup>ns</sup>
تعداد سنبلچه	0.60 <sup>**</sup>	-0.11 <sup>ns</sup>	0.33 <sup>**</sup>		0.15 <sup>ns</sup>	
Spikelet number						
طول دانه	0.15 <sup>ns</sup>	-0.05 <sup>ns</sup>	0.07 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>		
Grain length						
قطر دانه	-0.06 <sup>ns</sup>	-0.03 <sup>ns</sup>	0.23 <sup>*</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	-0.001 <sup>ns</sup>	
Grain diameter						

<sup>ns</sup>، \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

ns, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively.

اعداد بالای قطر جدول ضریب همبستگی برای نتاج F<sub>4</sub> و پایین قطر جدول ضریب همبستگی برای نتاج F<sub>3</sub> است.

Data in upper diagonal represent correlation coefficients of F<sub>4</sub> families and those in lower diagonal represent correlation coefficients of F<sub>3</sub> families.

### توزیع فنوتیپی صفات

توزیع فراوانی ارزش‌های فنوتیپی صفات مورد مطالعه در خانواده‌های F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> به صورت نمودار ستونی (هیستوگرام) همراه با منحنی نرمال و ارزش‌های والدینی نشان داد که توزیع فنوتیپی صفات مورد بررسی به صورت پیوسته بود (شکل ۱). بررسی ارزش صفات برای والدین در دو سال نشان داد که والد کویر از نظر صفات طول ریشک، وزن سنبله و طول دانه ارزش بیشتری نسبت به بیچر دارد و والد بیچر نیز از نظر صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه و قطر دانه ارزش بیشتری نسبت به کویر دارد (جدول ۴).

بیشترین ضریب همبستگی در نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> به ترتیب مربوط به صفات تعداد سنبلچه و طول سنبله  $r=0/60^{**}$  و  $r=0/73^{**}$  بود. ضریب همبستگی بین صفات تعداد سنبلچه و وزن سنبله در نسل F<sub>4</sub>  $r=0/65^{**}$  بود. در نسل F<sub>3</sub> ضریب همبستگی بین وزن سنبله با طول سنبله  $r=0/43^{**}$ ، تعداد سنبلچه با وزن سنبله  $r=0/33^{**}$ ، قطر دانه با وزن سنبله  $r=0/23^{**}$  بود. همچنین در نسل F<sub>4</sub> بین صفات طول سنبله و وزن سنبله  $(r=0/49^{**})$ ، طول ریشک با وزن سنبله  $(r=0/22^{*})$  و طول دانه با طول سنبله  $(r=0/31^{**})$  همبستگی مشاهده شد (جدول ۳).



## نقشه ژنتیکی

نقشه حاصل، ۶۴۰ سانتی مورگان از ژنوم را پوشش داد و فاصله‌ی بین دو نشانگر مجاور بر روی نقشه به‌طور متوسط ۹/۶۹ سانتی مورگان برآورد گردید (شکل ۲). نقشه (Wang et al. 2016). نقشه ۱۰۸۱/۲ سانتی مورگان از ژنوم جو را پوشش داد و فاصله بین دو نشانگر مجاور ۱/۷ سانتی مورگان برآورد گردید. نقشه مرکب از ۳۲۷ نشانگر RFLP با طول ۱۲۲۶/۳ و متوسط فاصله ۳/۷۵ سانتی مورگان توسط پروژه نقشه‌یابی ژنوم جو آمریکای شمالی (NABGMP) تهیه شده است (Kleinhofs, 1993). مقایسه نقشه ژنتیکی ارائه‌شده در این مطالعه با نقشه‌های قبلی نشان داده در تمام گروه‌های پیوستگی فاصله بین نشانگرها متفاوت با نتایج سایر نقشه‌های موجود بود. از آنجایی که نقشه ژنتیکی به‌دست‌آمده از یک تلاقی با والدین متفاوت با سایر نقشه‌ها می‌باشد تغییر در فاصله بین نشانگرها منطقی به نظر می‌رسد.

## تجزیه QTLs

نتایج تجزیه QTL منجر به شناسایی پانزده QTL شد که شامل نه QTL در نسل F<sub>3</sub> و شش QTL در نسل F<sub>4</sub> بود (جدول ۵ و شکل ۳). برای صفت طول سنبله در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۶ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده qSL-6 روی کروموزوم ۶ در فاصله

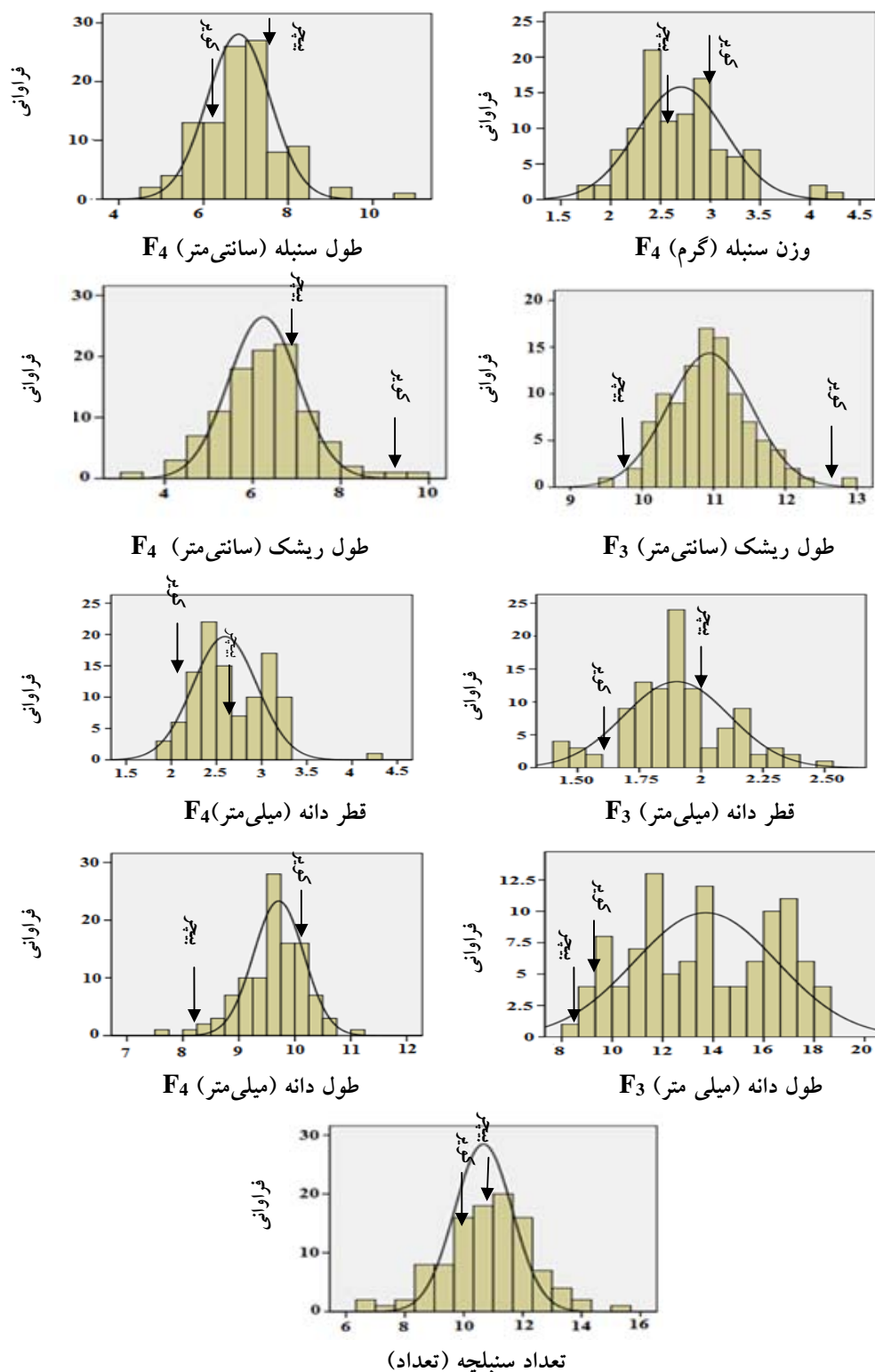
نشانگری ipBS2083-1-ipBS2241-5 در موقعیت ۵۴ سانتی مورگان مکان‌یابی گردید و با LOD ۲/۵۹ مقدار ۱۱ درصد واریانس فنوتیپی برای صفت طول سنبله را توجیه نمود. اثر افزایشی ۱۸۵/۳۷- بوده و آلل‌های والد کویر باعث کاهش این صفت شد. در تحقیقی (2010). Wang et al برای طول سنبله جو شش QTL در موقعیت‌های MTP، FVRS و GH بر روی کروموزوم‌های ۲ و ۳ شناسایی کردند.

در پژوهشی (Wang et al. 2014) چهار QTL روی کروموزوم‌های 1H، 2H، 5H و 7H جو برای این صفت گزارش کردند.

در پژوهشی (Ren et al. 2014) شش QTL برای طول سنبله جو طی سه سال آزمایش بر روی کروموزوم‌های 2H و 7H شناسایی کردند.

در پژوهشی (Ahmadi et al. 2015) Ochtapeh سه QTL برای طول سنبله روی کروموزوم ۲ گزارش کردند.

در تحقیقی (Baghizadeh et al. 2007) برای طول سنبله جو سه QTL روی گروه پیوستگی ۴ در دو منطقه Karag و Mean شناسایی کردند.



شکل ۱- توزیع فنوتیپی صفات زراعی در خانواده‌های نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از تلاقی بیچر × کویر.

Figure 1. Histogram of evaluated traits for F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families derived from Becher × Kavir cross.

جدول ۴- آمار توصیفی والدین در دو نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub>.Table 4- Descriptive statistics in both F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> generations.

F <sub>4</sub> (سال دوم)		F <sub>3</sub> (سال اول)		نسل Generation
کویر Kavir	بیچر Becher	کویر Kavir	بیچر Becher	صفات Trait
6.17	7.10	6.29	7.26	طول سنبله (سانتی متر) Spike length (cm)
8.67	7.57	12.98	9.51	طول ریشک (سانتی متر) Awn length (cm)
2.94	2.55	1.40	1.35	وزن سنبله (گرم) Spike weight (gr)
10	10.67	10.86	11.70	تعداد سنبلچه Spikelet no./spike
10.27	8.57	9.97	9.50	طول دانه (میلی متر) Grain length (mm)
2.33	2.60	1.67	1.95	قطر دانه (میلی متر) Grain diameter (mm)

برای صفت طول ریشک را توجیه نمود. اثر افزایشی ۳۹/۲۰- بوده و آللهای والد بیچر باعث کاهش این صفت شد.

برای صفت طول ریشک در نسل F<sub>3</sub> سه QTL روی کروموزوم ۳ در موقعیت ۳۲، ۳۴ و ۳۶ سانتی مورگان مکانیابی گردید. این سه QTL مکانیابی شده qAL-3 روی کروموزوم ۳ در فاصله‌ی نشانگری -iPBS2077-2-iPBS2241 در مکانیابی گردیدند. LOD سه QTL ۲/۴۹ و مقدار ۱/۰۶ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه نمودند.

در پژوهش حاضر برای صفت طول سنبله یک QTL بر روی کروموزوم ۶ در فاصله‌ی نشانگری -iPBS2241-5- iPBS2083-1 شناسایی گردید که با نتایج (2010) Wang *et al.*، (2014) Ren *et al.*، (2014) Wang *et al.*، (2014) Ahmadi Ochtapeh *et al.* و (2007) Baghizadeh همخوانی نداشت.

برای طول ریشک در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۵ شناسایی شد. QTL مکانیابی شده qAL-5 روی کروموزوم ۵ در فاصله نشانگری -iPBS2077-1-iPBS2075-2 در موقعیت ۳۸ سانتی مورگان مکانیابی گردید و با LOD ۲/۵۱ مقدار ۱۰/۶ درصد واریانس فنوتیپی

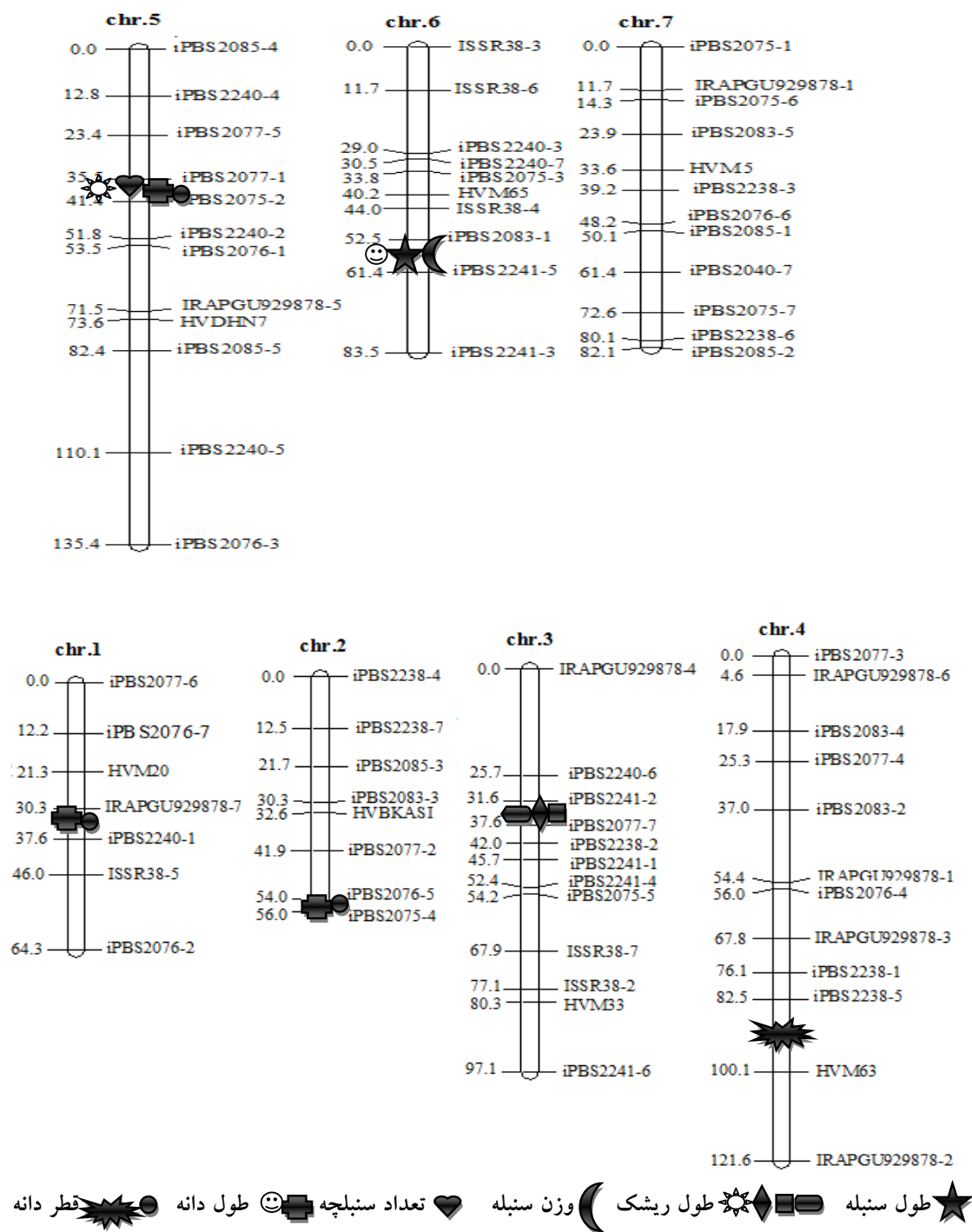


Figure 2- Linkage map F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> generations barley derived from the cross Becher × Kavir using SSR, iPBS, ISSR, IRAP markers.

(2011)، برای وزن سنبله گندم یک QTL در نسل F<sub>4</sub> بر روی کروموزوم 1B گزارش کردند. برای صفت تعداد سنبلچه در نسل F<sub>4</sub> یک QTL بزرگ اثر روی کروموزوم ۵ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده qSS-5 روی کروموزوم ۵ در فاصله نشانگری 1-iPBS2077-1-2-iPBS2075 در موقعیت ۳۸ سانتی‌مورگان مکان‌یابی گردید و LOD ۲/۹ مقدار ۱۲/۲ درصد واریانس فنوتیپی برای تعداد سنبلچه را توجیه نمود. اثر افزایشی ۳۴/۵۴ بوده و آللهای والد بیچر باعث افزایش این صفت شد. در تحقیقی (2007) *Baghizadeh et al.* برای صفت تعداد سنبلچه جو در محیط‌های مختلف QTL‌های مختلفی را شناسایی کردند. این QTL‌ها روی گروه پیوستگی ۱ در فاصله 0-14CM از نزدیک‌ترین نشانگر بود. در پژوهشی (2016) *Wang et al.* برای تعداد سنبلچه ۲۷ QTL بر روی کروموزوم 4H، 2H، 1H و 7H طی ۵ سال با LOD ۲/۵۸ تا ۷۸/۴۲ شناسایی کردند. در تحقیق *Sabouri et al.* (2013) سه QTL کنترل‌کننده تعداد خوشچه در برنج بر روی کروموزوم ۲ شناسایی شد. در پژوهش حاضر برای تعداد سنبلچه یک QTL بر روی کروموزوم ۵ شناسایی شد که با نتایج *Wang et al.* (2007) و *Baghizadeh et al.* (2016) مطابقت نداشت.

برای طول دانه در نسل F<sub>4</sub> یک QTL بزرگ اثر روی کروموزوم ۶ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده qGL-6 روی کروموزوم ۶ در فاصله نشانگری 1-iPBS2083-1-5-iPBS2241 در

اثر افزایشی QTL‌های مذکور به ترتیب ۳/۱۴، ۰/۶۹ و ۰/۳۹ بود و آللهای والد کویر باعث افزایش این صفت شد. برای صفت طول ریشک *Wang et al.* (2010) سه QTL در موقعیت‌های MTP، FVRS و GH بر روی کروموزوم ۳ جو همچنین *Baghizadeh et al.* (2007) شش QTL روی کروموزوم ۱ و ۴ جو در دو منطقه Karag و Mean شناسایی کردند. در پژوهشی *Wang et al.* (2014) هفت QTL بر روی کروموزوم‌های 1H، 3H، 5H و 7H جو گزارش کردند. در پژوهش حاضر چهار QTL برای صفت طول ریشک بر روی کروموزوم ۳ و ۵ گزارش شد که با نتایج *Wang et al.* (2014) و (2010) *Wang et al.* همخوانی داشت، ولی با نتایج *Baghizadeh et al.* (2007) مطابقت نداشت.

برای وزن سنبله در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۶ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده qSW-6 روی کروموزوم ۶ در فاصله نشانگری 1-iPBS2083-1-5-iPBS2241 در موقعیت ۵۶ سانتی‌مورگان مکان‌یابی گردید و با LOD ۲/۴۷ مقدار ۱۰/۵ درصد واریانس فنوتیپی برای وزن سنبله را توجیه نمود. اثر افزایشی ۲۲۸/۳۸- بوده و آللهای والد بیچر باعث کاهش این صفت شد. در پژوهشی (2011) *Sabouri et al.* برای وزن خوشه برنج دو QTL روی کروموزوم ۱ و ۶ در فاصله نشانگری RM7434-RM162 و RM8115-RM5638 شناسایی کردند. همچنین *Golabadi et al.*

کردند. در این تحقیق یک QTL برای طول دانه بر روی کروموزوم ۶ و سه QTL بر روی کروموزوم ۱، ۲ و ۵ شناسایی شد که با نتایج Schnaithmann and Pillen. (2013) برای کروموزوم ۱ و Kalladan *et al.* (2013) و Zhou *et al.* (2016) همخوانی داشت، ولی با نتایج Backes *et al.* (1995) همخوانی نداشت.

برای قطر دانه در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۴ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده qGD-4 روی کروموزوم ۴ در فاصله نشانگری ipBS2238-5-HVM63 در موقعیت ۹۰ سانتی‌مورگان مکان‌یابی گردید و با LOD ۲/۵۳ مقدار ۱۰/۷ واریانس فنوتیپی را توجیه نمود. اثر افزایشی منفی ۲۰/۷۸- بوده و والد کویر باعث کاهش این صفت شد. برای قطر دانه در نسل F<sub>3</sub> سه QTL شناسایی شد که به ترتیب روی کروموزوم ۲، ۱ و ۵ شناسایی شد. اثر افزایشی برای این QTLها به ترتیب ۲/۰۸-، ۱/۸۴- و ۲/۱۱- بود که آللهای والد کویر باعث کاهش قطر دانه شد. این QTLها در فاصله نشانگری IPBS2240-1-IRAPGU929878-7- و ipBS2077-1-ipBS2075-2- qGD-2 پیوسته به نشانگر ipBS2076-5 بود و در موقعیت ۳۲، ۵۴ و ۳۶ سانتی‌مورگان قرار داشتند. مقدار LOD برای سه QTL به ترتیب ۲/۷۹، ۲/۵۵ و ۲/۵۹ شد که به ترتیب ۱۱/۷، ۱۰/۸ و ۱۱ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کردند. (Kalladan *et al.* 2013) *al* برای عرض دانه جو در مجموع شش QTL بر

موقعیت ۵۶ سانتی‌مورگان مکان‌یابی گردید و با LOD ۳/۶۲ مقدار ۱۵ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه نمود. اثر افزایشی ۹۳/۱۱ بوده و آللهای والد کویر باعث افزایش این صفت شد. برای طول دانه در نسل F<sub>3</sub> سه QTL بر روی کروموزوم‌های ۲، ۱ و ۵ شناسایی شد. مقدار LOD این سه به ترتیب ۲/۱۹، ۲/۱۸ و ۲/۴۵ بود. این QTLها در فاصله‌ی نشانگری ipBS2077-1-IRAPGU929878- و ipBS2075-2-1- qGD-2 پیوسته به نشانگر ipBS2076-5 و موقعیت‌های ۳۲، ۵۴ و ۳۶ سانتی‌مورگان قرار داشتند. اثر افزایشی برای هر سه منفی بوده و آللهای والد بیچر باعث کاهش طول دانه شد. ضریب تبیین به ترتیب ۹/۴، ۹/۳ و ۱۰/۴ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه نمود. در تحقیقی Zhou *et al.* (2016) برای طول دانه جو دو QTL LEN-3H و LEN-4H شناسایی کردند. در پژوهشی Backes *et al.* (1995) دو QTL برای طول دانه روی کروموزوم 4H و 7H شناسایی کردند. در تحقیقی Schnaithmann and Pillen. (2013) برای طول دانه جو روی کروموزوم 1H و 7H گزارش کردند. در مطالعه‌ای Kalladan *et al.* (2013) برای طول دانه جو چهار QTL روی کروموزوم 1H (دو QTL)، 2H (یک QTL) و 5H (یک QTL) نقشه‌یابی کردند. در پژوهشی Sabouri *et al.* (2015) یک QTL برای طول دانه خام برنج بین نشانگرهای RM23 و RM243 روی کروموزوم ۱ با توجیه فنوتیپی ۴۱ درصد شناسایی

## نتیجه‌گیری

در هر دو نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> برای صفات طول ریشک، طول دانه و قطر دانه QTL‌هایی مکان‌یابی شد. برای طول ریشک در نسل F<sub>3</sub> سه QTL مکان‌یابی شده روی کروموزوم ۳ در مجموع ۳/۱۸ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کردند در حالی‌که در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۵ تعیین مکان شد که ۱۰/۶ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کرد. برای طول دانه در نسل F<sub>3</sub> دو QTL بر روی کروموزوم‌های ۱ و ۵ و یک QTL پیوسته به نشانگر بر روی کروموزوم ۲ شناسایی شد که در مجموع ۲۹/۱ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کردند، در نسل F<sub>4</sub> یک QTL بزرگ اثر با ضریب تبیین ۱۵ روی کروموزوم ۶ مکان‌یابی گردید. برای قطر دانه در نسل F<sub>3</sub> دو QTL بر روی کروموزوم‌های ۱ و ۵ و یک QTL پیوسته به نشانگر بر روی کروموزوم ۲ شناسایی شد که در مجموع ۳۳/۵ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کردند، در نسل F<sub>4</sub> یک QTL روی کروموزوم ۴ مکان‌یابی شد که با ۱۰/۷ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه نمود.

روی هفت کروموزوم نقشه‌یابی شده به‌جز کروموزوم ۵ و ۴ شناسایی شد و Schnaithmann and Pillen (2013) سه QTL برای عرض دانه جو روی همه‌ی گروه‌های پیوستگی به‌جز 1H و 5H شناسایی کردند. در پژوهش حاضر چهار QTL روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۴ و ۵ شناسایی شد که با نتایج Kalladan et al. (2013) همخوانی داشت ولی با نتایج (2013) Schnaithmann and Pillen. همخوانی نداشت. برای صفات مورد بررسی در پژوهش‌های مختلف مکان‌های متعددی به‌عنوان جایگاه‌های مهم در کنترل این صفات معرفی شدند. تعدادی از نتایج حاصل با هم مطابقت دارند و تعداد زیادی از آن‌ها با هم همخوانی ندارند از دلایل عدم مطابقت نتایج پژوهش حاضر با نتایج سایر محققین می‌توان به تعداد و نوع نشانگرهای مورد بررسی، نوع جمعیت، تعداد افراد مورد استفاده در جمعیت، نوع والدین مورد استفاده و شرایط محیطی اشاره کرد.

جدول ۵- QTL های کنترل کننده صفات در جو نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از تلاقی بیچر × کویر.

**Table 5- QTL controlling for traits in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families derived Becher × Kavir cross in barley.**

LOD <sup>۲</sup>	کروموزوم Chromosomal	نزدیک ترین مجاور <sup>۱</sup> Closest marker	QTL	نسل Population	صفت Trait
2.59	6	<u>iPBS2083-1-iPBS2241-5</u>	qSL-6	F <sub>4</sub>	طول سنبله Spike length
2.51	5	<u>iPBS2077-1-iPBS2075-2</u>	qAL-5	F <sub>4</sub>	طول ریشک Awn length
2.49	3	<u>iPBS2241-2-iPBS2077-7</u>	qAL-3	F <sub>3</sub>	طول ریشک Awn length
2.49	3	<u>iPBS2241-2-iPBS2077-7</u>	qAL-3	F <sub>3</sub>	طول ریشک Awn length
2.49	3	<u>iPBS2241-2-iPBS2077-7</u>	qAL-3	F <sub>3</sub>	طول ریشک Awn length
2.47	6	<u>iPBS2083-1-iPBS2241-5</u>	qSW-6	F <sub>4</sub>	وزن سنبله Spike weight
2.9	5	<u>iPBS2077-1-iPBS2075-2</u>	qSS-5	F <sub>4</sub>	تعداد سنبلیچه Spikelet number

جهت آلل <sup>۴</sup> Direction allele	ضریب تبیین (R <sup>2</sup> )	اثر افزایشی Additive effect	فاصله QTL از نشانگر (سانتی مورگان) (cM)	موقعیت <sup>۳</sup> (سانتی مورگان) Position (cM)	صفت Trait
KAV	11	-185.37	1.5	54	طول سنبله Spike length
BCH	10.6	-39.20	2.5	38	طول ریشک Awn length
KAV	1.06	3.14	0.4	32	طول ریشک Awn length
KAV	1.06	0.69	2.4	34	طول ریشک Awn length
KAV	1.06	0.39	1.6	36	طول ریشک Awn length
BCH	10.5	-228.38	3.5	56	وزن سنبله Spike weight
BCH	12.2	34.54	2.5	38	تعداد سنبلیچه Spikelet number

۱- نشانگری که زیر آن خط کشیده شده نزدیک ترین نشانگر به مکان ژنی از لحاظ موقعیت است ۲- احتمال وجود QTL بر عدم وجود QTL ۳- ۱- نشانگری که زیر آن خط کشیده شده نزدیک ترین نشانگر به مکان ژنی از لحاظ موقعیت است ۲- احتمال وجود QTL بر عدم وجود QTL ۳- فاصله نقطه اوج منحنی QTL از نشانگر سمت چپ نقشه پیوستگی ۴- برای اثر افزایشی مثبت والد دارای میانگین بزرگتر و برای اثر افزایشی منفی والد دارای میانگین کم جهت آلل را تعیین نمود.

1. The marker was underlined that nearest marker locus in position 2. Logarithm of add 3. Distance the peak curve QTL the left side of marker linkage map 4. To effect positive increase parent with an average larger and for additive effects of negative parents who average less in that direction is the direction of alleles to determine.



ادامه‌ی جدول ۵- QTL های کنترل کننده صفات در جو نسل F<sub>3</sub> و F<sub>4</sub> حاصل از تلاقی بیچر × کویر.

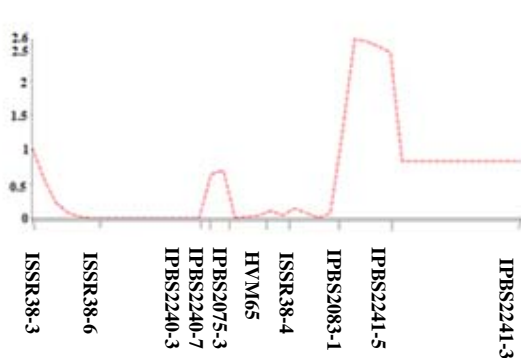
**Table 5 continued- QTL controlling for traits in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families derived Becher × Kavir cross in barley.**

LOD <sub>۲</sub>	کروموزوم Chromosomal	نزدیک ترین مجاور <sup>۱</sup> Closest marker	QTL	نسل Population	صفت Trait
3.62	6	<u>iPBS2083-1</u> -iPBS2241-5	qGL-6	F <sub>4</sub>	طول دانه Grain length
2.19	1	<u>IRAPGU929878-7</u> -iPBS2240-1	qGL-1	F <sub>3</sub>	طول دانه Grain length
2.18	2	iPBS2076-5	qGL-2	F <sub>3</sub>	طول دانه Grain length
2.45	5	<u>iPBS2077-1</u> -iPBS2075-2	qGL-5	F <sub>3</sub>	طول دانه Grain length
2.53	4	<u>iPBS2238-5</u> -HVM63	qGD-4	F <sub>4</sub>	قطر دانه Grain diameter
2.79	1	<u>IRAPGU929878-7</u> -iPBS2240-1	qGD-1	F <sub>3</sub>	قطر دانه Grain diameter
2.55	2	iPBS2076-5	qGD-2	F <sub>3</sub>	قطر دانه Grain diameter
2.59	5	<u>iPBS2077-1</u> -iPBS2075-2	qGD-5	F <sub>3</sub>	قطر دانه Grain diameter

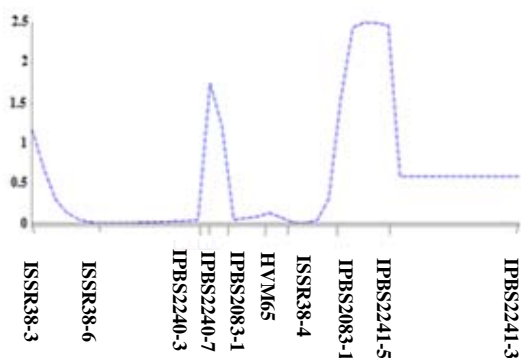
جهت آلل <sup>۴</sup> Direction allele	ضریب تیین (R <sup>۲</sup> )	اثر افزایشی Add effect	فاصله QTL از نشانگر (سانتی مورگان) Distance (cM)	موقعیت <sup>۳</sup> (سانتی مورگان) Position (cM)	صفت Trait
KAV	15	93.11	3.5	56	طول دانه Grain length
BCH	9.4	-1.87	1.7	32	طول دانه Grain length
BCH	9.3	-1.72	0	54	طول دانه Grain length
BCH	10.4	-2.07	0.5	36	طول دانه Grain length
KAV	10.7	-20.78	7.5	90	قطر دانه Grain diameter
KAV	11.7	-2.08	1.7	32	قطر دانه Grain diameter
KAV	10.8	-1.84	0	54	قطر دانه Grain diameter
KAV	11	-2.11	0.5	36	قطر دانه Grain diameter

۱- نشانگری که زیر آن خط کشیده شده نزدیک ترین نشانگر به مکان ژنی از لحاظ موقعیت است ۲- احتمال وجود QTL بر عدم وجود QTL ۳- ۱- نشانگری که زیر آن خط کشیده شده نزدیک ترین نشانگر به مکان ژنی از لحاظ موقعیت است ۲- احتمال وجود QTL بر عدم وجود QTL ۳- فاصله نقطه اوج منحنی QTL از نشانگر سمت چپ نقشه پیوستگی ۴- برای اثر افزایشی مثبت والد دارای میانگین بزرگتر و برای اثر افزایشی منفی والد دارای میانگین کم جهت آلل را تعیین نمود.

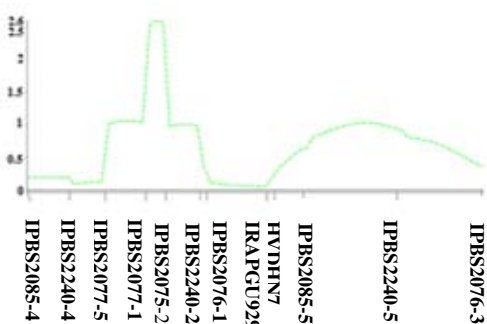
1. The marker was underlined that nearest marker locus in position 2. Logarith of add. 3. Distance the peak curve QTL the left side of marker linkage map 4. To effect positive increase parent with an average larger and for additive effects of negative parents who average less in that direction is the direction of alleles to determine.



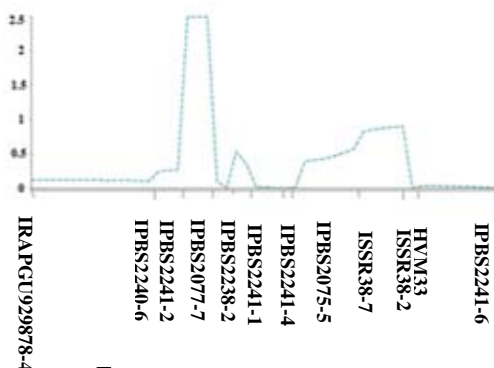
طول سنبله (کروموزوم ۶) F<sub>4</sub>



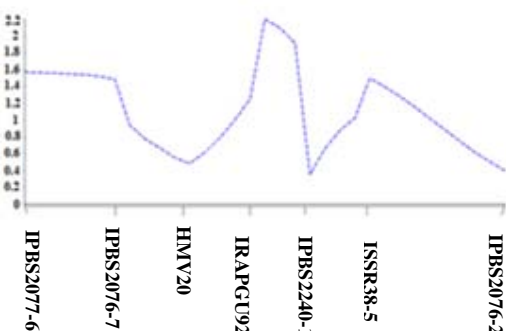
وزن سنبله (کروموزوم ۶) F<sub>4</sub>



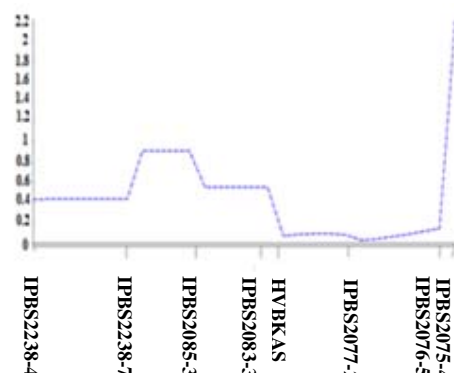
طول ریشک (کروموزوم ۵) F<sub>4</sub>



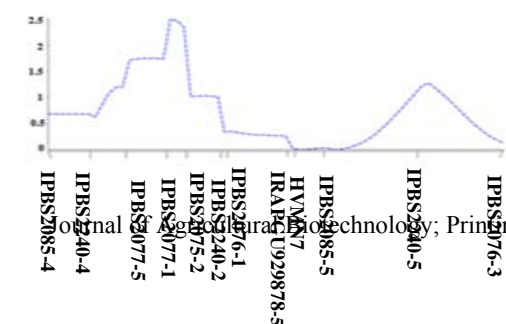
طول ریشک (کروموزوم ۳) F<sub>3</sub>

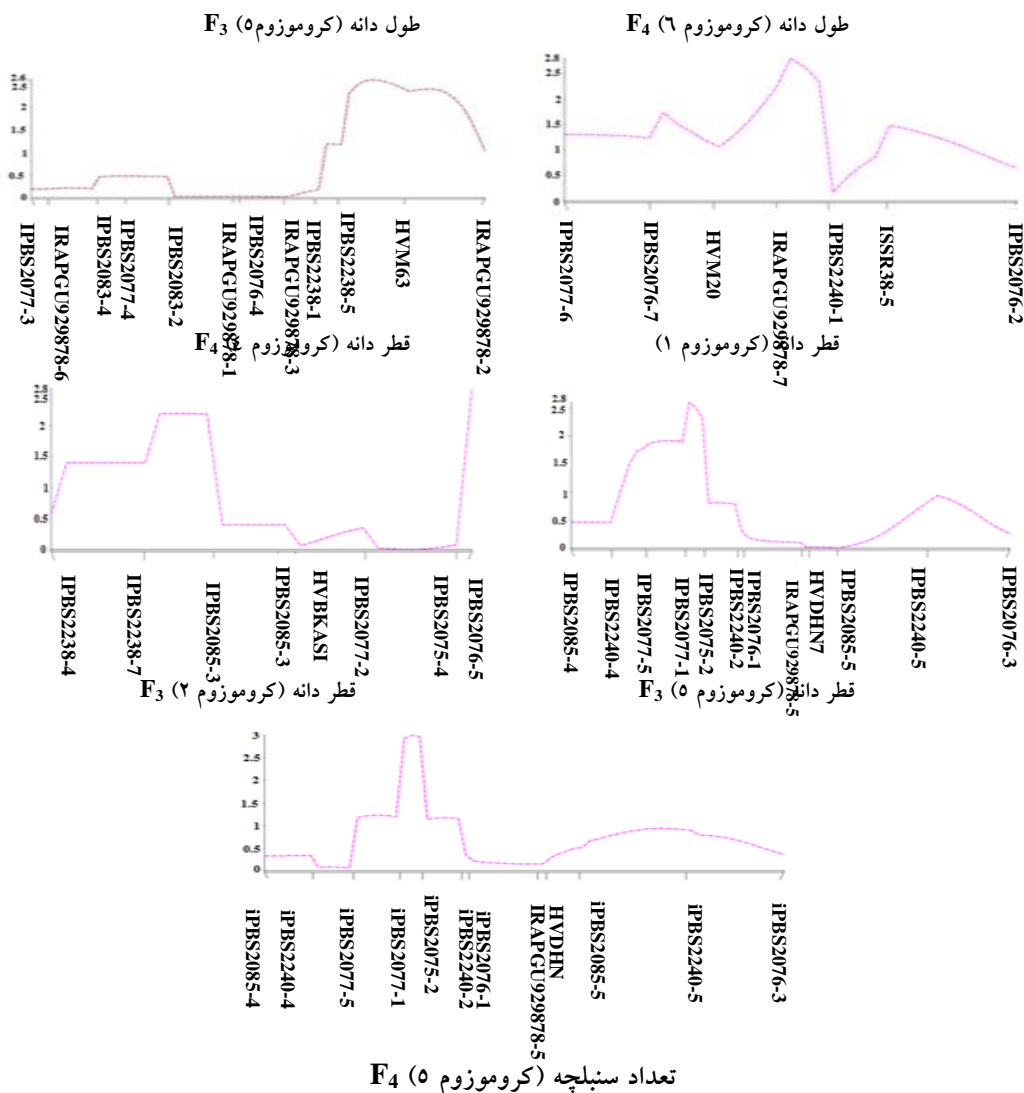


طول دانه (کروموزوم ۲) F<sub>3</sub>



طول دانه (کروموزوم ۲) F<sub>3</sub>





شکل ۳- نمایش گرافیکی QTL های شناسایی شده و مقادیر LOD برای صفات مورد مطالعه.

Figure 3- The graphical display of the identified QTL, LOD values for the studied traits.

### منابع

- Ahmadi Ochtapeh H, Soltanloo H, Ramezanpour SS, Naghavi MR, KalateArabi M, Nikkhah HR, Yoosefi Rad S (2016). Localization of QTLs conferring lodging resistance in barley recombinant inbred lines. *Modern Genetics Journal* 2: 237-244.
- Backes G, Graner A, Foroughi-Wehr B, Fischbeck G, Wenzel G, Jahoor A (1995). Localization of quantitative trait loci (QTL) for agronomic important characters by the use of a RFLP map in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 90: 294-302.

- Baghizadeh A, Taleei AR, Naghavi MR (2007). QTL analysis for some agronomic traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). International Journal of Agricultural and Biological Engineering 9: 4-372.
- Collard BCY, Mackill DJ (2008). Markerassisted selection: An approach for precision plant breeding in the twenty first century. Philosophical Transactions of the Royal Society. Biological Sciences 363: 557-572.
- FAO. 2013. FAOSTAT. www.fao.org.com.
- Golabadi M, Arzani A, Mirmohammadi Maibody SAM, Sayed Tabatabaei BE, Mohammadi SA (2011). Identification of microsatellite markers linked with yield components under drought stress at terminal growth stages in durum wheat. Euphytica 177: 207-221.
- Golabadi M, Arzani A, Mirmohammadi Maibody SAM, Sayed Tabatabaei BE, Mohammadi SA (2010). Identification of microsatellite markers linked with yield components under drought stress at terminal growth stages in durum wheat. Journal of Crop Sciences 13: 729-712.
- Gonzalez A, Morgan I, Ayerbe L (1999). Barley yield in water-stress conditions the influence of precocity, osmotic adjustment and stomatal conductance. Field Crops Research 62: 23-34.
- Kalladan R, Worch S, Rolletschek H, Harshavardhan TV, Kuntze L, Seiler C, Sreenivasulu N, Roder MS (2013). Identification of quantitative trait loci contributing to yield and seed quality parameters under terminal drought in barley advanced backcross lines. Molecular Breeding. 32: 71-90.
- Kleinhofs A, Kilian A, Saghai Maroof MA, Biyashev RM, Hayes P, Chen FQ, Lspitan N, Fenwick A, Blake TK, Kanazin V, Ananiev E, Dahleen L, Kurdna D, Bollinger J, Knapp SJ, Liu B, Sorrells M, Heun M, Franckowiak JD, Hoffman D, Skadsen R, Steffenson BJ (1993). A molecular, isozymes, and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare* L.) genome. Theoretical and Applied Genetics 86: 705-712.
- Manly KF, and Olson JM (1999). Overview of QTL mapping software and introduction to Map Manager QTL. Mammalian Genome 10: 327-334.
- Mondini L, Noorani A, Pagnotta MA (2009). Assessing plant genetic diversity by molecular tools. Diversity 1: 19-35.
- Rafalski DJA, Vogel JM, Morgante M, Powell W, Andre S, Tingey SV (1996). Generating and using DNA markers in plant. p. 75-134. In B. Birren and E. Lai (ed.) Nonmammalian genomic analysis: A practical guide. Chapman and Hall, New York.
- Rahimi M, Ibrahim SF, Ashghi R (2011). Determine the inheritance of genes controlling agronomic traits in barley and location. Journal Crops Biotechnology 3: 48-35.
- Ren XF, Sun DF, Dong WB, Sun GL, Li CD (2014). Molecular detection of QTL controlling plant height components in a doubled haploid barley population. Genetics and Molecular Research 2: 3089-3099.
- Sabouri H, Dadras AR, Sabouri A, Katouzi m (2015) Molecular-genetic analysis of rice grain dimension in recombinant inbred lines of cross of Anbarbu × Sepidroud. Journal of agriculture Biotechnology 7(2): 67-86.
- Sabouri H, Mohammadinejad Gh, Sabouri A, Navvabpouri S (2013). Molecular analysis of rice vegetative growth traits. Journal of agriculture Biotechnology 5(3):67-86.

- Sabouri h, Sabouri A, Khatami neghd (2011). Localization of QTL of some drought tolerance related traits in rice. *Journal of Crop Production and Processing* 4: 11pp.
- Saghaie-Marroof MA, Sliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984). Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 81: 8014-8018.
- Schnaithmann F, Pillen K (2013). Detection of exotic QTLs controlling nitrogen stress tolerance among wild barley introgression lines. *Euphytica* 189: 1–22.
- Voorrips RE (2002). MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *The Journal of Heredity* 93: 77-78.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, Van de lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kupier M, Zabeau M (1995). AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acid Research* 23: 4407-4414.
- Wang J, Sun G, Ren X, Li C, Liu L, Wang Q, Du B, Sun D (2016). QTL underlying some agronomic trait in barley detected by SNP markers. *BMC Genetics* 103: 1-13.
- Wang J, Yang J, McNeil DL, Zho M (2010). Identification and molecular mapping of a dwarfing gene in barley (*Hordeum vulgare* L.) and its correlation with other agronomic traits. *Euphytica* 175: 331-342.
- Wang J, Yang J, Jia Q, Zhu J, Shang Y, Hua W, Zho M (2014). A New QTL for Plant Height in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *PLoS ONE* 2: e90144.
- Zeng ZB, (1994). Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics* 136: 1457- 1468.
- Zhang ZH, Yu SB, Yu T (2005). Mapping quantitative trait loci (QTLs) for seedling Vigor using recombinant inbred lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Field Crop Research* 91: 161-170.
- Zhou H, Liu S, Liu Y, Liu, You J, Dong M, Ma J, Chen G, Wei Y, Liu C, Zheng Y (2016). Mapping and validation of major quantitative trait loci for kernel in wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *Spontaneum*). *BMC Genetics* 130:1-9.

## Mapping of spike and grain using F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families in Becher × Kavir cross in barley

Daghagheloh R.<sup>1</sup>, Sabouri H. <sup>\*2</sup>, Hosseini Moghaddm H.<sup>3</sup>, Jorjani E.<sup>4</sup>, Fallahi H.A.<sup>5</sup>

1-Agricultural biotechnology MSc student, Gonbad kavus University

2-Associate professor of plant production department, Gonbad kavus University

3-Assistance professor of plant production department, Gonbd kavus University

4-Assistance professor of Biology department, Gonbd kavus University

5-Assistance professor of agronomic and horticultural research department, Research and Education Center of Agriculture and Natural Resources in Mazandaran, Agricultural Extension and Education Research Organization, Sari, Iran

### Abstract

Barley is one of the world's grain is the most important corps after maize, wheat and rice. In order to spike and grain mapping in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families in Becher × Kavir cultivars cross in barley population of 103 families with parents in a randomized complete block design with three replications 2014-2016 during two growing seasons. Assessment transgressive segregation was observed that the existence of different allele combinations in their parents. Linkage map were prepared using SSR, iPBS, IRAP and ISSR marker that it covered 640 cM of barley genome. The distance between two markers 9.69 cM were estimated. Composite interval mapping identified fifteen QTLs in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families. QTLs for awn length, grain diameter and grain length was located in both F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> families. For grain length and number of spikelets in the F<sub>4</sub> families was identified the major effect QTL by R<sup>2</sup> 12.2 and 15, with the percentage LOD 3.62 and 2.9 in 3.5 and 2.5 cM distance markers. Length grain and grain diameter were linked and co-location iPBS2076-5 markers in the F<sub>3</sub> generation. co-location QTLs For awn length, number of spikelets, grain length and grain diameter identified. QTL identification characteristics of the controller can be effective in improving performance. It is expected to be followed by validation in various places and populations identified QTL in this study programs used in marker-assisted selection and accurate positioning.

**Key words:** *Barley, Mapping, Generation, Spike, QTL*

\* Corresponding Author Hossein Sabouri Tel:09111438917

Email: hos.sabouri@gmail.com

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500