

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در زاده‌های F3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر

رباب دغاغله MSc

گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

حسین صبوری PhD*

گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

سین حسینی مقدم PhD

گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

عباسی جرجانی PhD

گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

حسین‌علی فلاحي PhD

مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

چکیده

اهداف: دستاورد مهم تجزیه ژن‌های کمی کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک (QTL)، تسهیل مطالعه توارث صفات مندلی ساده است. هدف این پژوهش، مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در زاده‌های F₃ جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر بود.

مواد و روش‌ها: در پژوهش تجربی حاضر به‌منظور شناسایی QTL، ۱۰۳ خانواده نسل F₃ جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در سه تکرار کشت شد. تعداد بذر جوانه‌زده، طول دوره پرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن دانه و شاخص برداشت ارزیابی شدند. نقشه پیوستگی با نشانگرهای SSR، iPBS، IRAP و ISSR تهیه شد. QTL‌ها با نرم‌افزار QGENE 4.0 شناسایی شدند و تجزیه QTL با مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام شد.

یافته‌ها: QTL‌های شناسایی‌شده با نمره LOD ۲/۰۰۷، ۸/۶٪ واریانس فنوتیپ تعداد بذر جوانه‌زده؛ نمره ۲/۲۲، ۹/۵٪ واریانس فنوتیپ طول دوره پرشدن دانه؛ نمره ۲/۲۴، ۱/۱۶٪ واریانس ارتفاع بوته؛ نمره ۲/۱۹، ۹/۳٪ واریانس صفت طول پدانکل؛ نمره ۲/۰۴، ۸/۷٪ واریانس وزن دانه و نمره ۲/۳۸، ۲/۱۶٪ به‌ترتیب ۱، ۲ و ۳ واریانس شاخص برداشت را توجیه نمودند.

نتیجه‌گیری: برای صفات تعداد بذر جوانه‌زده، یک QTL روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر 38-4-SSR، طول دوره پرشدن دانه، یک QTL روی کروموزوم ۷ در فاصله نشانگری 1-2085-iPBS-6-2076، برای ارتفاع بوته، یک QTL روی کروموزوم ۲ در فاصله نشانگری 3-HVBKASI-2083-iPBS، برای طول پدانکل، یک QTL روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر 4-38-SSR، برای صفت وزن دانه، یک QTL واقع بر کروموزوم ۳ در فاصله نشانگری 7-38-SSR-5 و برای صفت شاخص برداشت، ۳ QTL وجود دارد.

کلیدواژه‌ها: جو، ریزماهواره، QTL

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰۷/۲۵

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۱۱/۱۸

*نویسنده مسئول: hos.sabouri@gmail.com

مقدمه

جو یکی از مهم‌ترین غلات محسوب شده و رتبه چهارم تولید غلات در جهان را به خود اختصاص داده است^[1]. جو از قدیمی‌ترین گیاهان زراعی است که به‌علت سازگاری وسیع اکولوژیک، تحمل شرایط نامساعد محیطی و تطابق با محیط در بسیاری از نقاط جهان کشت می‌شود^[2] و کلیه جوهای زراعی عموماً دیپلوئید هستند و عدد پایه کروموزومی آنها $x=7$ است^[3]. همچنین این گیاه یک مدل مهم برای مطالعات ژنتیکی و فیزیولوژی است، زیرا دیپلوئید با تعداد کروموزوم‌های کم ($2n=2x=14$) و نسبتاً بزرگ (۸-۶ میکرومتر) است و دوره زندگی نسبتاً کوتاهی دارد. همچنین نقشه‌های ژنتیکی کاملاً تشریح‌شده آن براساس مارکرهای

زیست‌فناوری دانشگاه تربیت مدرس

مولکولی، پروتئینی، سیتولوژیک و مورفولوژیک وجود دارد^[4].

امروزه نشانگرهای مولکولی ابزارهای ارزشمندی برای اصلاح صفات کمی در تکمیل روش‌های کلاسیک اصلاح نباتات به شمار می‌رود. در صورتی که بتوان نشانگرهای پیوسته با عوامل ژنتیکی کنترل‌کننده صفات کمی را تشخیص داد، امکان گزینش در نسل‌های در حال تفکیک تسهیل و تسریع می‌شود و کارایی گزینش و پیشرفت ژنتیکی حاصل از گزینش افزایش می‌یابد^[5]. این نشانگرها ممکن است با نواحی ژنومی که فنوتیپ خاصی بروز می‌دهند، پیوسته باشند یا نباشند. نشانگرهای مولکولی نسبت به روش‌های فنوتیپ قدیمی دارای چندین مزیت هستند. این نشانگرها اغلب پایدارند و در همه بافت‌ها صرف نظر از مرحله رشد، تمایز، توسعه یا حالت دفاعی سلول قابل تشخیص هستند. یک نشانگر مولکولی ایده‌آل باید دارای مزیت‌هایی از قبیل چندشکلی بودن داشته باشد، توزیع نسبتاً یکسانی در ژنوم داشته باشد، تفاوت ژنتیکی را به‌طور دقیق نشان دهد، نشانگرهای مستقل و قابل اعتماد تولید کند، ساده، سریع و ارزان باشد، به مقدار کم از نمونه بافت و DNA نیاز داشته باشد، با صفات فنوتیپ خاصی پیوسته باشد و به اطلاعات اولیه از ژنوم ارگانیزم نیاز نداشته باشد. روش‌های مختلف ارزیابی مولکولی به‌واسطه داشتن ویژگی‌های مهم مانند فراوانی در ژنوم، میزان چندشکلی، مکان اختصاصی بودن، تکرارپذیری، تکنیک‌های مورد نیاز و هزینه از همدیگر تفکیک می‌شوند^[6]. با وجود این، عمده‌ترین هدف از کاربرد نشانگرهای مولکولی، گزینش به کمک نشانگر (MAS) است. اصلاح به کمک نشانگر، فرصت مناسبی برای بهبود کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب از حیث صفت مورد نظر فراهم می‌نماید و راهکاری بالقوه برای سرعت‌بخشیدن و گزینش دقیق در اصلاح نباتات مولکولی و بیوتکنولوژی کشاورزی است. لازمه اصلاح به کمک نشانگر، تهیه نقشه‌های پیوستگی نشانگرهای مولکولی برای جمعیت‌های مختلف ژنتیکی است. تهیه نقشه و توالی‌یابی ژنوم گیاهان، کمک بزرگی به درک عمل، تنظیم، بیان و همسانه‌سازی ژن‌ها نیز می‌کند^[7]. تا به امروز QTL‌های شناسایی‌شده را می‌توان به دو نوع اصلی QTL‌های با اثرات بزرگ (M-QTL) و QTL‌های اپیستاتیک (E-QTL) طبقه‌بندی نمود. تمایز دو نوع QTL، وابسته به درک ما از اساس ژنتیکی تفاوت صفات کمی است^[8]. دقت روش مکان‌یابی QTL تحت تاثیر عواملی همانند میزان چندشکلی بین دو والد، اندازه جمعیت، توزیع کاسما در ژنوم و اندازه‌گیری فنوتیپ قرار می‌گیرد^[9].

به‌منظور مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی ارگانیک در جو با استفاده از نشانگر چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) و جمعیت حاصل از تلاقی دو رقم Huaai 11×Huadamai 6 پژوهشی انجام شده است که در آن نقشه پیوستگی ژنتیکی حاوی ۱۸۹۴ نشانگر SNP و ۶۸ نشانگر توالی‌های تکراری ساده (SSR)، ۱۳۷۵/۸ سانتی‌مورگان از نقشه را پوشش داد. در تجزیه و تحلیل محیط با استفاده از مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) در مجموع ۲۲۱ QTL مربوط به ده صفت در پنج سال متوالی (۲۰۰۹-۲۰۱۳) شناسایی شد. QTL‌های شناسایی‌شده در هر سال به‌ترتیب ۴۸، ۴۱، ۴۱ و ۴۱ عدد بود. QTL‌های شناسایی‌شده به‌طور کلی روی کروموزوم‌های 2H، 4H و 7H قرار گرفتند. از میان QTL‌های شناسایی‌شده ۱۸، ۱۶، ۱۵، ۵، ۴، ۱۴، ۵، ۱۱، ۸ و ۱۵ QTL به‌ترتیب برای صفات طول سنبله اصلی، تعداد سنبله در سنبله اصلی، تراکم سنبله، تعداد سنبله در بوته، تعداد سنبله در هر بوته، وزن هزار دانه، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در بوته

Mapping Genes Controlling Morphological Traits in F3 Families Caused by Becher×Kavir Cross in Barley

ARTICLE INFO

Article Type

Original Research

Authors

Daghaghel R.¹ MSc,
Sabouri H.*¹ PhD,
Hosseini Moghaddm H.¹ PhD,
Jorjani E.² PhD,
Fallahi H.A.³ PhD

How to cite this article

Daghaghel R, Sabouri H, Hosseini Moghaddm H, Jorjani E, Fallahi H A. Mapping Genes Controlling Morphological Traits in F3 Families Caused by Becher×Kavir Cross in Barley. Modares Journal of Biotechnology. 2018;9(3):473-482.

¹Plant Production Department, Agriculture Faculty, Gonbad Kavus University, Gonbad Kavus, Iran

²Biology Department, Basic Sciences Faculty, Gonbad Kavus University, Gonbad Kavus, Iran

³Research & Education Center of Agriculture & Natural Resources in Mazandaran, Agricultural Extension & Education Research Organization, Sari, Iran

*Correspondence

Address: End of Basirat Boulevard, Shahid Fallahi Street, Gonbad Kavus, Iran

Phone: +98 (17) 33261769

Fax: +98 (17) 33268882
hos.sabouri@gmail.com

Article History

Received: October 16, 2016

Accepted: February 06, 2017

ePublished: September 22, 2018

ABSTRACT

Aims The important achievement of genetic analysis of Quantitative trait locus (QTLs) is to facilitate the investigation of the inheritance of simple Mendelian traits. The aim of this study was mapping genes controlling morphological traits in F3 Families caused by Becher×Kavir cross in barley.

Materials & Methods In the present experimental research, in order to map QTLs, 103 F3 families caused by Becher×Kavir cross were cultivated in a randomized complete block design with 3 replications during 2014-2015. Number of germinated seeds, during the grain filling period, plant height, peduncle length, seed weight, and harvest index were evaluated. Linkage map was prepared, using SSR, iPBS, IRAP, and ISSR marker. QTLs were identified by QGENE 4.0 software and QTL analysis was performed by composite interval mapping.

Findings The identified QTLs justified with load score of 2.007, 8.6% of variance of phenotype germinated seed number, score of 22.2, 9.5% variance of phenotype grain filling period, score of 2.74, 1.16% of variance of plant height, score of 2.19, 9.3% of the variance of the peduncle length, the score of 2.04, 8.7% of variance of the seed weight, and with the scores of 2.38, 2.38, and 2.16 justified 10.1, 10.1, and 9.2% of the variance of the harvest index, respectively.

Conclusion There are one QTL on chromosome 6 and ISSR38-4 closely marker for number of germinated seeds, one QTL on chromosome 7 in iPBS2076-6-iPBS2085-1 distance of marker for during the grain filling period, one QTL on chromosome 2 in iPBS2083-3-HVBKASI distance of marker for plant height, one QTL on chromosome 6 and ISSR38-4 closely marker for peduncle length, one QTL on chromosome 3 in iPBS2075-5-ISSR38-7 distance of marker for seed weight, and 3 QTLs for harvest index, respectively.

Keywords Barley; Microsatellite; QTL

CITATION LINKS

[1] A simple sequence repeat-based linkage ... [2] Principles of field crop ... [3] Phylogenetic analysis of *Hordeum marinum* ... [4] Mapping quantitative trait loci (QTLs) for seedling ... [5] Marker-assisted selection as strategy for increasing ... [6] Assessing plant genetic diversity by molecular ... [7] Plant comparative genetics ... [8] Mapping: A few key ... [9] Molecular mapping of novel genes controlling *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol accumulation ... [10] QTL underlying some agronomic traits in barley detected by ... [11] Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American ... [12] The search for QTL in barley (*Hordeum vulgare* L.) using a new ... [13] Localising QTLs for leaf rust resistance and agronomic traits ... [14] Genetic mapping of quantitative trait loci controlling of leaf traits related to drought tolerance in the ... [15] Molecular detection of QTL controlling plant height components in a doubled haploid ... [16] QTL analysis for phenologic traits in doubled haploid population of ... [17] Model fitting and model testing in the method of joint mapping ... [18] Precision mapping of quantitative ... [19] Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal ... [20] Overview of QTL mapping software and introduction to Map ... [21] Identification and verification of QTLs for agronomic ... [22] Inheritance and QTL mapping of agronomical traits in ... [23] QTL analysis of morphologic traits in doubled haploid ... [24] A new QTL for plant height in barley (*Hordeum vulgare* L.) showing no negative effects ... [25] Identification and molecular mapping of a dwarfing gene in barley (*Hordeum vulgare* L.) and its correlation with ... [26] QTL analysis of forage quantity and quality-related ... [27] Mapping QTLs for morphological traits in ... [28] Localization of QTLs conferring lodging resistance in ... [29] Mapping QTL controlling yield and yield components in a spring barley ... [30] QTL mapping of yield and yield components in ... [31] Identification of microsatellite markers linked with ... [32] QTL analysis of some phenological and morphological traits in Babax ...

وجود جمعیت ژنتیکی در حال تفرق برای مکان‌یابی نشانگری و صفت کمی مورد نظر، ارزیابی ژنوتیپ افراد جمعیت براساس نقشه پیوستگی نشانگرهای مولکولی، ارزیابی فنوتیپ صفت کمی برای تک‌تک افراد جمعیت، روش‌های آماری و نرم‌افزارهای ویژه به‌منظور تجزیه داده‌های ژنوتیپ و فنوتیپ و پیوستگی بین نشانگر و QTL، ابزارهای ضروری در تجزیه QTL هستند^[17]. دستاورد مهم تجزیه QTL، تسهیل مطالعه توارث صفات مندلی ساده بوده است^[18]. مهم‌ترین اهداف این مطالعه شناسایی QTL‌های صفات مورفولوژیک، تعیین سهم و نحوه اثر QTL‌های شناسایی‌شده در تغییرات فنوتیپ صفت مورد نظر، تعیین وراثت‌پذیری صفات و سهم اثر افزایشی آلل‌های والدینی برای QTL‌های مکان‌یابی‌شده در تعدادی از خانواده‌های جو بود. شناسایی این ژن‌ها برای بهبود هر چه بیشتر عملکرد ضروری به نظر می‌رسد. بنا بر مطالب ذکرشده، هدف پژوهش حاضر، مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در زاده‌های F₃ جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر بود.

مواد و روش‌ها

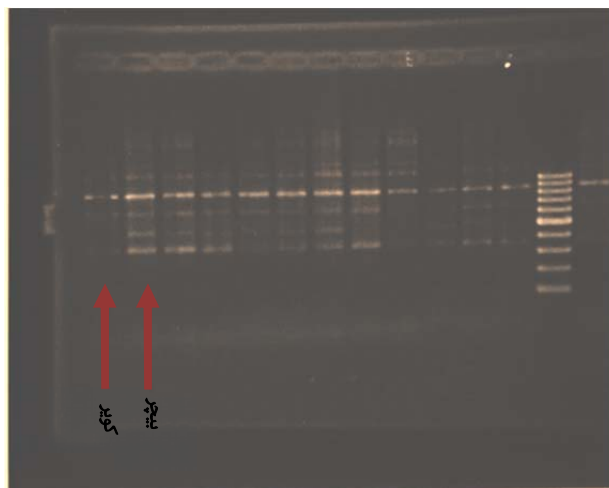
در پژوهش تجربی حاضر برای تهیه DNA از نمونه‌های برگ تازه جو استفاده شد. استخراج DNA ژنومی به روش ستیل‌تری‌متیل‌آمونیم‌برومید (CTAB) تغییر یافته^[19] در آزمایشگاه ژنتیک دانشگاه گنبد کاووس انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراج‌شده با کمک ژل آگارز ۱٪ تعیین شد.

ارزیابی‌های فنوتیپ: آزمایش در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ به مدت یک فصل زراعی 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 انجام شد. بذور ۱۰۳ خانواده نسل F₃ حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر به همراه والدین در قالب بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار و فاصله بین ردیف‌های ۲۰ سانتی‌متری کشت شد. صفات تعداد بذر جوانه‌زده، طول دوره پرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن دانه و شاخص برداشت روی ۲۰ فرد از هر خانواده ارزیابی شد.

تحلیل داده‌ها با نرم‌افزار SPSS 23 از طریق آزمون چولگی و کشیدگی برای بررسی نرمال‌بودن توزیع داده‌های مربوط به صفات مورفولوژیک صورت گرفت. QTL‌ها با استفاده از نرم‌افزار QGENE 4.0 شناسایی شدند. روش آماری تجزیه QTL، مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب بود. با توجه به این که روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب در مقایسه با روش‌های تجزیه تک‌نشانگری و مکان‌یابی فاصله‌ای ساده از کارایی و قدرت آزمون بسیار بالایی برخوردار است، از نتایج حاصل از روش CIM در تجزیه پیوستگی و مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده خصوصیات مورد مطالعه استفاده شد. نقطه‌ای که واجد بالاترین مقدار لود (LOD) بود، به عنوان ناحیه با بیشترین احتمال وجود QTL، شناسایی و از آستانه نمره لود برابر با ۲ برای شناسایی QTL‌ها استفاده شد. سپس جایگاه دقیق QTL‌ها نسبت به نشانگرهای طرفین بر حسب سانتی‌مورگان تعیین شدند. برای تهیه نقشه پیوستگی ابتدا چندشکلی والدین برای نشانگرهای مورد استفاده بررسی شد. در نهایت با حذف نشانگرهای دارای کج‌شکلی تفرق، نشانگرهای انفرادی غیرپیوسته و گروه‌های کوچک فاقد نشانگر SSR، ۷۳ آلل شامل (۷ آلل SSR، ۵۲ آلل نشانگر ترانسپوزون (IPBS)، ۸ آلل چندشکلی در تکثیر بین رتروترانسپوزن‌ها (IRAP) و ۶ آلل نشانگرهای ریزماهوراهی

و وزن دانه در سنبله در پنج سال شناسایی شده است^[10]. در پژوهشی به‌منظور تعیین اثر مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی، ۸ صفت زراعی را در جمعیت حاصل از تلاقی ارقام مورکس در استپتو در محیط بدون آبیاری (تحمل به خشکی) مورد بررسی قرار داده‌اند که فاصله‌های اطمینان QTL‌های مربوط به عملکرد دانه، ارتفاع بوته و خوابیدگی گیاه بر هم منطبق بودند^[11]. در مطالعه دیگری که روی نسل دوم ۹۹ لاین هاپلوئید مضاعف حاصل از تلاقی ارقام Angora×W704/137 انجام گرفته است، از ۱۵۰ نشانگر چندشکلی طول قطعات تکثیرشده (AFLP)، ۱۵ نشانگر جوی میکروساتلایت و ۶ نشانگر مورفولوژیک استفاده و در نهایت ۸۱ QTL برای صفات مطالعه‌شده مشخص شده است. به این ترتیب که برای اکثر صفات (۶۳٪ صفات)، یک QTL معنی‌دار یافت شده، برای ۲۳٪ صفات، QTL یافت نشده و برای ۱۵٪ صفات، دو یا سه QTL معنی‌دار یافت شده است. بیش از ۹۶٪ QTL‌های معنی‌دار تنها در سه کروموزوم جو (3H، 6H، 7H) قرار داشتند. سه QTL روی کروموزوم‌های 3H و 6H برای صفت تعداد پنجه وجود داشت که ۱۶/۳ تا ۳۰/۶٪ تغییرات فنوتیپ را توجیه کرده است و دو QTL روی کروموزوم‌های 6H و 7H یافت شد که در کنترل صفت تعداد دانه در خوشه نقش داشت و حدود ۱۵/۷ تا ۱۷/۶٪ تغییرات فنوتیپ صفت مذکور را توجیه کرده است^[12]. در پژوهشی تجمع انحصاری ژن‌های کنترل‌کننده (QTLs) تعدادی از خصوصیات زراعی نظیر تاریخ سنبله‌دهی، ارتفاع و وزن دانه در ناحیه‌ای از کروموزوم 2H را به علت فرض وجود کلاسترهای چندمکانی در ژنوم جو برای کنترل این صفات عنوان کرده‌اند^[13]. به‌منظور تجزیه QTL برای صفات مورفولوژیک در یک جمعیت هاپلوئید جو، نقشه ژنتیکی ۱۵۸ لاین هاپلوئید مضاعف جو حاصل از تلاقی ارقام Wi2291×Tadmor به وسیله ۵۰ نشانگر SSR و ۹۳ نشانگر AFLP تهیه شده است. نتایج به‌دست‌آمده از همبستگی ژنتیکی بین عملکرد و صفات مورد ارزیابی نشان داده که رشد سریع گیاهچه، ارتفاع کوتاه، خروج بیشتر سنبله از برگ پرچم و تعداد بیشتر دانه در سنبله، سبب افزایش میزان تولید دانه در هر دو منطقه تل‌هادیا و بردا (در شمال کشور سوریه) شده است. برای ارتفاع بوته، تعداد ۸ QTL واقع بر کروموزوم‌های ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ شناسایی شده‌اند^[14]. در تحقیقی برای تشخیص مولکولی QTL‌های اجزای ارتفاع گیاه در جمعیت دابل‌هاپلوئید جو، ۱۲۲ لاین جمعیت DH حاصل از تلاقی بین ارقام Huaai11×Huadama6 ارزیابی شده است. روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب، ۲۰ QTL را شناسایی کرده که روی کروموزوم 6H، 5H، 3H، 2H و 7H نقشه‌یابی شده است. همه QTL‌های ۷ صفت اجزای ارتفاع گیاه، نزدیک ژن *btwd1* روی کروموزوم ۷ پیدا شده است. این QTL، ۲۷/۱۹٪ از ۵۹/۷۳٪ تغییرات فنوتیپ ۷ صفت اجزای گیاه را به خود اختصاص داده است^[15]. در پژوهشی به‌منظور تجزیه QTL برای صفات فنولوژیک، یک جمعیت دابل‌هاپلوئید جو با والدین مقاوم در برابر خشکی (Wi2291×TADMOR) را ارزیابی کرده‌اند. نقشه پیوستگی با استفاده از ۵۰ نشانگر SSR و ۹۳ نشانگر AFLP ساخته شده و برای خصوصیات فنولوژیک، ۲۷ QTL را مشخص کرده‌اند. ۱۶ و ۱۱ QTL به ترتیب در محیط نسبتاً مطلوب و نامطلوب مشخص شد، در حالی که ۴ QTL در هر دو محیط مشاهده کرده‌اند. اگر چه QTL‌ها در تمام ۷ کروموزوم واقع هستند، اما بسیاری از آنها روی کروموزوم‌های ۲ و ۷ مشخص شده‌اند^[16].

(ISSR) که نواریندی کاملاً واضح داشتند و از لحاظ آماری با تفرق مندلی مطابقت داشتند، وارد نقشه شدند که این تعداد نشانگر در ۷ گروه پیوستگی (معادل تعداد کروموزوم‌های جو) قرار گرفتند. نقشه پیوستگی با استفاده از نرم‌افزار 17 Map ManagerQTL [20] تهیه شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز آغازگرها (PCR) به وسیله ترموسایکلر مدل iCycler (BIORAD؛ ایالات متحده) و ۹۶ چاهکی اجرا شد (شکل ۱).



شکل ۱) تصویر یکی از ژل‌های آگارز بارگذاری شده

دوره پُرشدن دانه (۳/۸۴) و بالاترین مقدار مربوط به وزن دانه (۱۱/۴۰) بود. در مقایسه والدین از نظر صفات مورد بررسی، در صفات طول دوره پُرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن دانه و شاخص برداشت، مقدار والد کویر و در صفت تعداد بذر جوانه‌زده، مقدار والد بیچر بیشتر بود (جدول ۲).

تفاوت بین تکرارها برای کلیه صفات معنی‌دار نبود و تجزیه داده‌ها به شکل کاملاً تصادفی انجام شد. صفات تعداد بذر جوانه‌زده ($F=37/61$; $p<0/0001$)، طول دوره پُرشدن دانه ($F=6/74$; $p<0/0001$)، طول پدانکل ($F=2/34$; $p<0/0001$)، وزن دانه ($F=6/14$; $p<0/0001$) و شاخص برداشت ($F=16/02$; $p<0/0001$) معنی‌دار بودند، اما صفت ارتفاع بوته بین خانواده‌ها معنی‌دار نبود ($F=37/61$; $p>0/062$).

در مقایسه خانواده‌های F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر از نظر صفات، بیشترین و کمترین مقدار به ترتیب برای تعداد بذر جوانه‌زده مربوط به بیچر و رقم ۱، طول دوره پُرشدن دانه مربوط به خانواده‌های ۴۴ و ۷۱، ارتفاع بوته مربوط به خانواده ۵۰ و رقم بیچر، وزن دانه مربوط به خانواده‌های ۸۴ و ۱۲، طول پدانکل مربوط به خانواده‌های ۳۳ و ۸۷ و شاخص برداشت مربوط به خانواده‌های ۲۶ و ۳ بود (جدول‌های ۳ و ۴).

جدول ۱) نتایج حاصل از صفات مورفولوژیک اندازه‌گیری شده روی خانواده‌های F3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر

صفات	میانگین آماری	کمینه - بیشینه	واریانس
تعداد بذر جوانه‌زده (تعداد)	۲۳۲/۵۸±۵۹/۱۵	۷۰/۰۰-۳۷۲/۵۰	۳۴۹۹/۵۱
طول دوره پُرشدن دانه (روز)	۳۲/۶۱±۱/۸۷	۲۵/۵۰-۳۶/۶۷	۳/۵۲
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۹۹/۶۰±۳/۹۱	۸۶/۶۷-۱۰۹/۲۳	۱۵/۳۱
طول پدانکل (سانتی‌متر)	۲۴/۶۴±۲/۰۳	۱۷/۹۴-۳۰/۱۲	۴/۱۲
وزن دانه (گرم)	۱/۲۷±۰/۲۰	۰/۷۲-۱/۷۲	۰/۴۳
شاخص برداشت (درصد)	۳۵/۰۶±۵/۱۷	۲۶/۳۴-۴۵/۶۱	۲۶/۷۶

جدول ۲) مقایسه والدین (بیچر*کویر) از نظر صفات مورفولوژیک

صفات	بیچر	کویر
تعداد بذر جوانه‌زده (تعداد)	۳۷۲/۵۰	۲۹۲
طول دوره پُرشدن دانه (روز)	۳۳/۶۶	۳۴/۳۳
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۸۶/۶۶	۱۰۵/۶۶
طول پدانکل (سانتی‌متر)	۲۰/۳۹	۲۵/۶۹
وزن دانه (گرم)	۰/۹۲	۱/۱۲
شاخص برداشت (درصد)	۳۱/۰۵	۳۲/۴۶

از نرم‌افزار SPSS 23 برای محاسبه همبستگی‌ها از طریق آزمون همبستگی پیرسون و تحلیل واریانس یک طرفه و مقایسه میانگین با آزمون توکی از نرم‌افزار SAS 9.2 استفاده شد. روش آماری تجزیه QTL مکان یابی فاصله ای مرکب بود. نام‌گذاری QTL‌ها بدین صورت بود که ابتدا حرف q، سپس علامت اختصاری صفت به صورت حروف بزرگ نوشته شد و به کمک یک خط تیره از شماره کروموزومی که QTL روی آن شناسایی شده بود، جدا شد. در تجزیه QTL برای هر صفت از میانگین هر خانواده استفاده شد.

یافته‌ها

تعداد بذر جوانه‌زده با میانگین ۲۳۲/۵۸±۵۹/۱۵ به دست آمد (جدول ۱). کمترین ضریب تغییرات فنوتیپ مربوط به صفت طول

جدول ۳) مقایسه خانواده‌های F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر*کویر از نظر صفات تعداد بذر جوانه‌زده، طول دوره پُرشدن دانه و ارتفاع بوته

رقم	تعداد بذر جوانه‌زده	طول دوره پُرشدن دانه	ارتفاع بوته	رقم	تعداد بذر جوانه‌زده	طول دوره پُرشدن دانه	ارتفاع بوته	رقم	تعداد بذر جوانه‌زده	طول دوره پُرشدن دانه	ارتفاع بوته
بیچر	۳۷۲/۵۰	۳۳/۶۶	۸۶/۶۶	۳۴	۳۲۵/۰۰	۳۰/۵۰	۱۰۳/۰۰	۶۹	۱۳۷/۵۰	۳۱/۰۰	۹۸/۶۶
کویر	۲۹۲/۰۰	۳۴/۳۳	۱۰۵/۶۶	۳۵	۲۸۰/۰۰	۲۹/۵۰	۱۰۱/۶۶	۷۰	۲۰۷/۵۰	۳۲/۰۰	۹۹/۳۳
۱	۷۰/۰۰	۳۳/۵۰	۹۲/۳۳	۳۶	۲۳۰/۰۰	۳۰/۰۰	۱۰۱/۶۶	۷۱	۲۵۲/۵۰	۲۸/۵۰	۱۰۱/۳۳
۲	۹۷/۵۰	۳۰/۰۰	۹۳/۰۰	۳۷	۲۳۷/۵۰	۳۰/۰۰	۱۰۰/۶۶	۷۲	۲۳۰/۰۰	۳۱/۵۰	۹۸/۳۳
۳	۲۳۰/۰۰	۳۲/۰۰	۹۹/۰۰	۳۸	۲۵۲/۵۰	۳۴/۰۰	۱۰۲/۳۳	۷۳	۱۰۰/۰۰	۳۵/۵۰	۹۹/۶۶
۴	۲۴۷/۵۰	۳۴/۰۰	۱۰۲/۰۰	۳۹	۲۲۰/۰۰	۳۲/۳۳	۹۸/۶۶	۷۴	۲۷۷/۵۰	۳۱/۰۰	۱۰۴/۰۰
۵	۸۰/۰۰	۳۲/۳۳	۹۹/۳۳	۴۰	۲۸۲/۵۰	۳۲/۵۰	۹۸/۳۳	۷۵	۲۰۰/۰۰	۳۵/۳۳	۹۲/۳۳
۶	۱۵۰/۰۰	۲۹/۳۳	۹۵/۰۰	۴۱	۲۳۵/۰۰	۳۳/۰۰	۹۴/۰۰	۷۶	۲۸۲/۵۰	۳۳/۰۰	۱۰۰/۳۳
۷	۱۵۲/۵۰	۳۵/۰۰	۱۰۶/۶۶	۴۲	۲۶۵/۰۰	۳۲/۳۳	۱۰۲/۶۶	۷۷	۳۱۷/۵۰	۳۳/۳۳	۱۰۰/۶۶
۸	۲۷۲/۵۰	۳۰/۵۰	۱۰۰/۳۳	۴۳	۳۰۵/۰۰	۳۰/۵۰	۱۰۴/۳۳	۷۸	۱۲۲/۵۰	۳۴/۰۰	۹۴/۶۶
۹	۲۸۰/۰۰	۳۰/۵۰	۱۰۰/۰۰	۴۴	۲۲۲/۵۰	۳۶/۶۶	۹۴/۳۳	۷۹	۲۳۰/۰۰	۳۵/۶۶	۱۰۰/۶۶
۱۰	۲۳۱/۶۷	۳۲/۰۰	۱۰۵/۶۶	۴۵	۲۳۷/۵۰	۳۵/۰۰	۹۷/۰۰	۸۰	۲۵۷/۵۰	۳۵/۰۰	۱۰۳/۰۰
۱۱	۲۲۵/۰۰	۳۳/۳۳	۹۸/۳۳	۴۶	۲۲۷/۵۰	۳۵/۵۰	۱۰۲/۶۶	۸۱	۲۳۰/۰۰	۳۴/۰۰	۱۰۳/۶۶
۱۲	۲۳۵/۰۰	۳۲/۳۳	۹۸/۰۰	۴۷	۲۹۵/۰۰	۲۹/۰۰	۹۹/۳۳	۸۲	۱۶۷/۵۰	۳۰/۶۶	۱۰۴/۶۶

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در زاده‌های F3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کوبر ۴۷۷

ادامه جدول ۳) مقایسه خانواده‌های F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کوبر از نظر صفات تعداد بذر جوانه‌زده، طول دوره پُرشدن دانه و ارتفاع بوته

رقم	تعداد بذر جوانه‌زده	طول دوره پُرشدن دانه	ارتفاع بوته	رقم	تعداد بذر جوانه‌زده	طول دوره پُرشدن دانه	ارتفاع بوته
۱۳	۲۱۲/۰۰	۳۴/۰۰	۱۰۴/۰۰	۴۸	۳۳۰/۰۰	۳۲/۳۳	۹۱/۳۳
۱۴	۲۴۵/۰۰	۳۳/۶۶	۹۳/۶۶	۴۹	۲۶۷/۵۰	۳۲/۰۰	۱۰۳/۰۰
۱۵	۲۴۵/۰۰	۳۴/۵۰	۱۰۴/۳۳	۵۰	۲۶۲/۵۰	۳۱/۰۰	۱۰۹/۳۳
۱۶	۲۵۲/۵۰	۳۲/۰۰	۱۰۱/۰۰	۵۱	۳۲۵/۰۰	۳۲/۳۳	۹۴/۶۶
۱۷	۲۹۰/۰۰	۳۱/۵۰	۱۰۰/۳۳	۵۲	۲۸۰/۰۰	۳۲/۰۰	۱۰۰/۰۰
۱۸	۱۵۵/۰۰	۳۱/۵۰	۹۶/۳۳	۵۳	۲۱۷/۵۰	۳۱/۰۰	۹۴/۰۰
۱۹	۲۷۰/۰۰	۳۳/۳۳	۹۴/۶۶	۵۴	۲۳۷/۵۰	۳۴/۶۶	۱۰۷/۰۰
۲۰	۲۶۲/۵۰	۳۰/۵۰	۹۹/۰۰	۵۵	۲۵۵/۰۰	۳۰/۳۳	۹۲/۰۰
۲۱	۱۸۷/۵۰	۳۱/۰۰	۱۰۱/۰۰	۵۶	۱۹۲/۵۰	۳۳/۵۰	۹۹/۶۶
۲۲	۲۲۰/۰۰	۳۰/۵۰	۹۹/۰۰	۵۷	۲۸۰/۰۰	۳۲/۰۰	۹۱/۶۶
۲۳	۲۹۷/۵۰	۲۹/۵۰	۹۹/۰۰	۵۸	۱۳۰/۰۰	۳۱/۶۶	۹۶/۰۰
۲۴	۲۸۵/۰۰	۳۰/۰۰	۱۰۳/۰۰	۵۹	۲۶۵/۰۰	۳۱/۶۶	۹۹/۶۶
۲۵	۱۶۷/۵۰	۳۴/۰۰	۹۸/۰۰	۶۰	۱۲۵/۰۰	۳۵/۰۰	۱۰۲/۳۳
۲۶	۲۶۰/۰۰	۳۰/۰۰	۹۸/۳۳	۶۱	۳۰۵/۰۰	۳۵/۰۰	۱۰۱/۰۰
۲۷	۲۴۵/۰۰	۳۱/۵۰	۱۰۲/۳۳	۶۲	۳۵۲/۵۰	۳۳/۶۶	۱۰۱/۳۳
۲۸	۲۵۰/۰۰	۳۳/۶۶	۱۰۰/۶۶	۶۳	۲۷۵/۰۰	۳۲/۶۶	۹۷/۶۶
۲۹	۲۹۵/۰۰	۳۵/۵۰	۱۰۲/۳۳	۶۴	۲۶۵/۰۰	۲۹/۵۰	۹۵/۶۶
۳۰	۱۷۵/۰۰	۳۳/۵۰	۹۷/۶۶	۶۵	۱۳۲/۵۰	۳۳/۳۳	۹۷/۶۶
۳۱	۲۴۰/۰۰	۳۲/۳۳	۹۸/۳۳	۶۶	۲۶۷/۵۰	۳۴/۳۳	۱۰۱/۳۳
۳۲	۲۲۲/۵۰	۳۳/۰۰	۱۰۲/۶۶	۶۷	۲۴۷/۵۰	۳۳/۶۶	۹۴/۰۰
۳۳	۲۵۷/۵۰	۳۳/۰۰	۱۰۳/۰۰	۶۸	۱۹۷/۵۰	۳۴/۶۶	۹۸/۳۳
HSD	۶۵/۸۴	۲۳/۵۳	۹/۰۵	HSD	۶۵/۸۴	۲۳/۵۳	۹/۰۵

جدول ۴) مقایسه خانواده‌های F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کوبر از نظر صفات طول پدانکل، وزن دانه و شاخص برداشت

رقم	طول پدانکل	وزن دانه	شاخص برداشت	رقم	طول پدانکل	وزن دانه	شاخص برداشت
بیچر	۲۰/۳۹	۰/۹۲	۳۱/۰۵	۳۴	۲۲/۱۵	۱/۱۴	۳۶/۰۸
کوبر	۲۵/۶۹	۱/۱۲	۳۲/۴۶	۳۵	۲۵/۲۴	۱/۲۴	۳۶/۱۸
۱	۲۱/۹۸	۱/۲۰	۲۶/۹۶	۳۶	۲۳/۰۳	۱/۰۴	۳۴/۰۴
۲	۲۴/۷۱	۱/۳۳	۳۳/۵۱	۳۷	۲۵/۰۹	۱/۵۶	۲۷/۴۲
۳	۲۴/۰۷	۱/۲۳	۲۶/۳۴	۳۸	۲۳/۹۶	۱/۱۵	۳۱/۶۴
۴	۲۵/۷۷	۱/۲۳	۲۹/۹۹	۳۹	۲۳/۴۲	۱/۰۷	۳۰/۳۳
۵	۲۲/۷۲	۱/۱۴	۲۶/۸۷	۴۰	۲۲/۹۶	۱/۲۸	۲۹/۰۲
۶	۲۳/۰۴	۱/۱۹	۳۵/۴۵	۴۱	۲۴/۷۴	۱/۳۳	۳۲/۹۰
۷	۲۵/۶۳	۱/۵۳	۳۴/۴۴	۴۲	۲۴/۶۰	۱/۱۲	۲۶/۸۴
۸	۲۴/۶۸	۱/۲۱	۳۴/۲۶	۴۳	۲۴/۸۳	۱/۳۵	۴۱/۳۷
۹	۲۴/۵۱	۱/۳۳	۴۰/۱۸	۴۴	۲۳/۸۵	۰/۷۸	۳۵/۰۰
۱۰	۲۰/۷۷	۱/۲۶	۳۳/۰۴	۴۵	۲۳/۵۳	۱/۲۱	۴۳/۵۴
۱۱	۲۴/۶۳	۱/۳۳	۴۳/۱۰	۴۶	۲۳/۸۶	۱/۱۱	۴۲/۶۳
۱۲	۲۳/۳۲	۰/۷۳	۴۰/۷۵	۴۷	۲۲/۹۶	۱/۳۹	۲۰/۲۷
۱۳	۲۵/۱۲	۱/۱۸	۲۷/۵۵	۴۸	۲۴/۲۷	۰/۸۰	۳۹/۱۸
۱۴	۲۴/۳۹	۱/۵۶	۴۳/۷۴	۴۹	۲۵/۱۳	۱/۲۵	۲۸/۴۳
۱۵	۲۷	۱/۵۰	۲۶/۶۳	۵۰	۲۷/۲۱	۱/۰۹	۳۳/۲۴
۱۶	۲۵/۵۲	۱/۲۷	۲۶/۷۴	۵۱	۲۴/۹۸	۱/۰۸	۳۵/۸۲
۱۷	۲۴/۲۸	۱/۳۸	۳۳/۱۲	۵۲	۲۵/۵۸	۱/۰۹	۳۴/۶۴
۱۸	۲۷/۱۶	۱/۰۲	۲۸/۹۴	۵۳	۲۳/۶۵	۱/۵۸	۳۸/۹۷
۱۹	۲۱/۹۷	۰/۸۸	۲۹/۰۴	۵۴	۲۹/۸۳	۱/۶۶	۳۳/۸۰
۲۰	۲۷/۵۰	۱/۳۷	۳۲/۶۱	۵۵	۲۶/۸۴	۱/۴۵	۳۲/۴۱
۲۱	۲۳/۶۱	۱/۰۷	۲۷/۱۸	۵۶	۲۱/۲۲	۱/۱۶	۳۵/۴۴
۲۲	۲۰/۶۴	۱/۲۲	۳۳/۰۶	۵۷	۲۳/۹۱	۱/۳۵	۴۵/۱۸
۲۳	۲۳/۸۲	۱/۴۰	۴۱/۲۲	۵۸	۲۲/۳۰	۱/۱۶	۳۳/۵۵
۲۴	۲۳/۴۱	۱/۶۱	۲۷/۰۹	۵۹	۲۲/۵۶	۱/۱۰	۳۴/۳۲
۲۵	۲۵/۲۶	۱/۲۱	۳۱/۶۳	۶۰	۲۰/۴۲	۱/۰۱	۴۴/۶۴
۲۶	۲۶/۲۳	۱/۷۱	۴۵/۶۱	۶۱	۲۵/۲۱	۱/۴۸	۳۷/۸۴
۲۷	۲۵/۲۵	۱/۵۴	۳۵/۷۲	۶۲	۲۵/۱۱	۱/۴۰	۳۵/۰۴
۲۸	۲۷/۰۵	۱/۴۸	۳۳/۶۵	۶۳	۲۳/۰۷	۱/۱۳	۳۶/۵۶
۲۹	۲۵/۸۷	۱/۱۴	۳۲/۴۳	۶۴	۲۷/۱۷	۱/۳۴	۴۲/۲۴
۳۰	۲۳/۷۸	۱/۵۸	۳۳/۰۸	۶۵	۲۴/۲۲	۱/۳۷	۲۸/۲۵
۳۱	۲۵/۵۱	۱/۲۳	۴۳/۶۳	۶۶	۲۵/۹۰	۱/۳۰	۲۷/۹۶
۳۲	۲۳/۶۹	۱/۱۳	۳۴/۷۸	۶۷	۲۳/۱۱	۱/۱۷	۴۰/۵۰
۳۳	۳۰/۱۲	۱/۶۷	۳۹/۱۲	۶۸	۲۲/۲۶	۱/۲۹	۳۳/۶۰
HSD	۹/۰۵	۰/۵۷	۸/۸۲	HSD	۹/۰۵	۰/۵۷	۸/۸۲

qNS-6 روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر 4-38ISSR مکان‌یابی شد و با نمره لود برابر با ۲/۰۰۷، مقدار ۸/۶٪ واریانس فنوتیپ برای تعداد بذر جوانه‌زده را توجیه نمود (نمودار ۲- الف). اثر افزایشی مثبت ۲۷/۲۷ بود و آل‌های والد بیچر باعث افزایش این صفت شد.

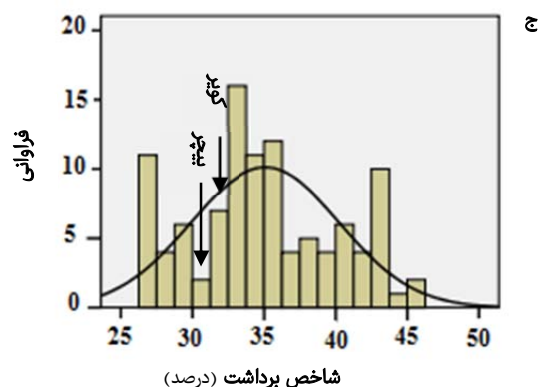
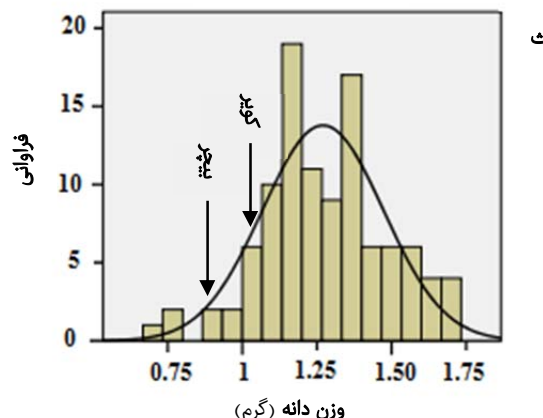
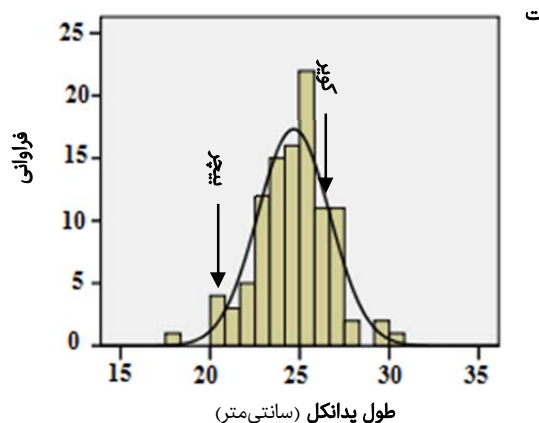
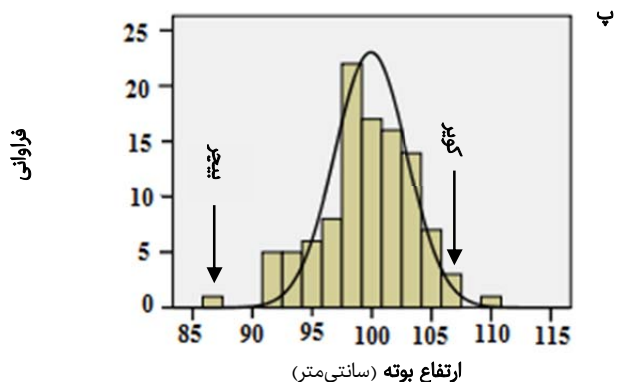
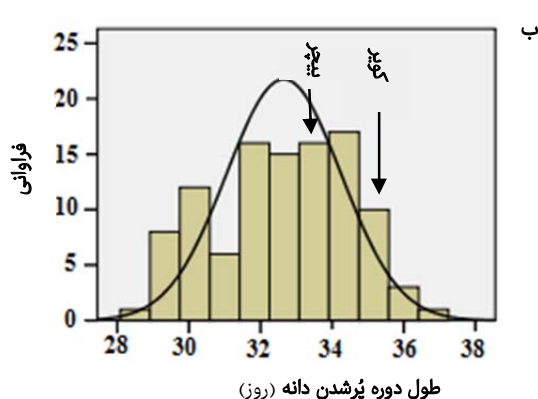
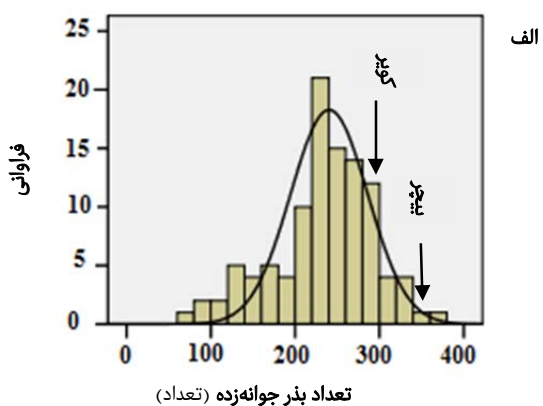
جدول ۵ ضرایب همبستگی صفات مورد بررسی نسل F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کویر

صفات	۱	۲	۳	۴	۵
۱- تعداد بذر جوانه‌زده	۱				
۲- طول دوره پرشدن دانه	-۰/۱۰ ^{ns}	۱			
۳- ارتفاع بوته	-۰/۰۷ ^{ns}	-۰/۰۷ ^{ns}	۱		
۴- طول پدانکل	-۰/۰۸ ^{ns}	-۰/۰۲ ^{ns}	-۰/۳۰ ^{**}	۱	
۵- وزن دانه	-۰/۰۸ ^{ns}	-۰/۱۲ ^{ns}	-۰/۱۴ ^{ns}	-۰/۴۰ ^{**}	۱
۶- شاخص برداشت	-۰/۰۵ ^{ns}	-۰/۰۴ ^{ns}	-۰/۱۵ ^{ns}	-۰/۰۶ ^{ns}	-۰/۰۵ ^{ns}

^{ns} و ^{**} به ترتیب نشان‌دهنده $P < 0.01$ و عدم معنی‌داری است

بیشترین همبستگی بین صفات طول پدانکل و وزن دانه ($r = -0.40$ ؛ $P < 0.01$) و کمترین همبستگی مربوط به صفات شاخص برداشت و طول پدانکل بود ($r = -0.06$ ؛ $P > 0.05$). همبستگی بین طول پدانکل و ارتفاع بوته معنی‌دار بود ($r = 0.30$ ؛ $P < 0.01$)، ولی ضریب همبستگی بین اکثر صفات معنی‌دار نبود (جدول ۵). توزیع فنوتیپ صفات مورد بررسی به صورت پیوسته بود (نمودار ۱). نقشه ژنتیکی حاصل، ۶۴۰ سانتی‌مورگان از ژنوم را پوشش داد و فاصله بین دو نشانگر مجاور روی نقشه به طور متوسط ۹/۶۹ سانتی‌مورگان برآورد شد (شکل ۲). از آنجایی که نقشه ژنتیکی به دست آمده از یک تلاقی با والدین متفاوت با سایر نقشه‌ها بود، تغییر در فاصله بین نشانگرها منطقی به نظر می‌رسید.

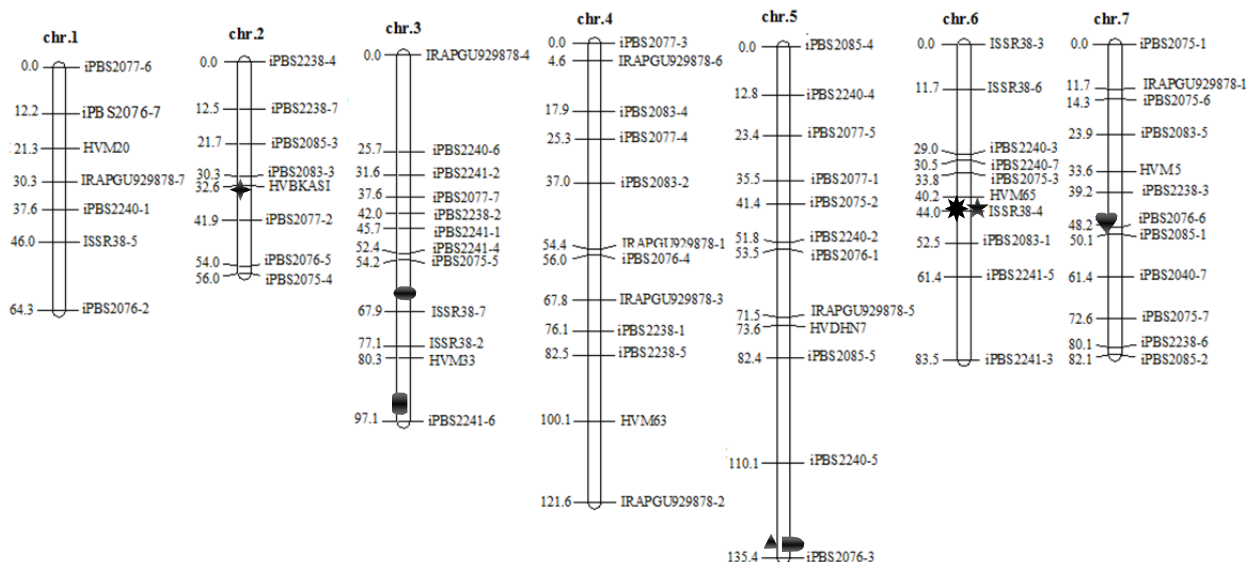
نتایج تجزیه QTL در مورد صفات مورفولوژیک منجر به شناسایی مجموعاً ۸ QTL شد (جدول ۶؛ شکل ۲). برای تعداد بذر جوانه‌زده، یک QTL روی کروموزوم ۶ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی شده



نمودار ۱ توزیع فنوتیپ صفات زراعی (الف) تعداد بذر جوانه‌زده، (ب) طول پرشدن دانه، (پ) ارتفاع بوته، (ت) طول پدانکل، (ث) وزن دانه و (ج) شاخص برداشت در خانواده‌های نسل F3 حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کویر

صفت	QTL	نشانه‌های مجاور ^۱	کروموزوم	LOD ^۲	موقعیت ^۳ (سانتی‌مورگان)	فاصله QTL از نشانگر (سانتی‌مورگان)	اثر افزایشی ^۴	ضریب تبیین	جهت آلل ^۵
تعداد بذر جوانه‌زده	qNSG-6	ISSR38-4	۶	۲/۰۰۷	۴۴	۰	۲۷/۲۷	۸/۶	BCH
طول دوره پر شدن دانه	qGFP-7	iPBS2076-6- iPBS2085-1	۷	۲/۲۲	۵۰	۰/۱	-۱/۳۱	۹/۵	BCH
ارتفاع بوته	qPH-2	iPBS2083-3- HVBKASI	۲	۲/۷۴	۳۲	۰/۶	۱/۵۹	۱/۱۶	KAV
طول پدانکل	qPL-6	ISSR38-4	۶	۲/۱۹	۴۴	۰	-۹/۱۴	۹/۳	BCH
وزن دانه	qGWS-3	iPBS2075-5- ISSR38-7	۳	۲/۰۴	۶۶	۱/۹	۱/۷۸	۸/۷	KAV
شاخص برداشت	qHI-5	iPBS2240-5- iPBS2076-3	۵	۲/۳۸	۱۱۴	۴/۱	-۴/۹۰	۱۰/۱	BCH
شاخص برداشت	qHI-5	iPBS2240-5- iPBS2076-3	۵	۲/۳۸	۱۱۲	۲/۱	-۴/۴۲	۱۰/۱	BCH
شاخص برداشت	qHI-3	HVM33- iPBS2241-6	۳	۲/۱۶	۹۶	۱/۱	-۳/۴۸	۹/۲	BCH

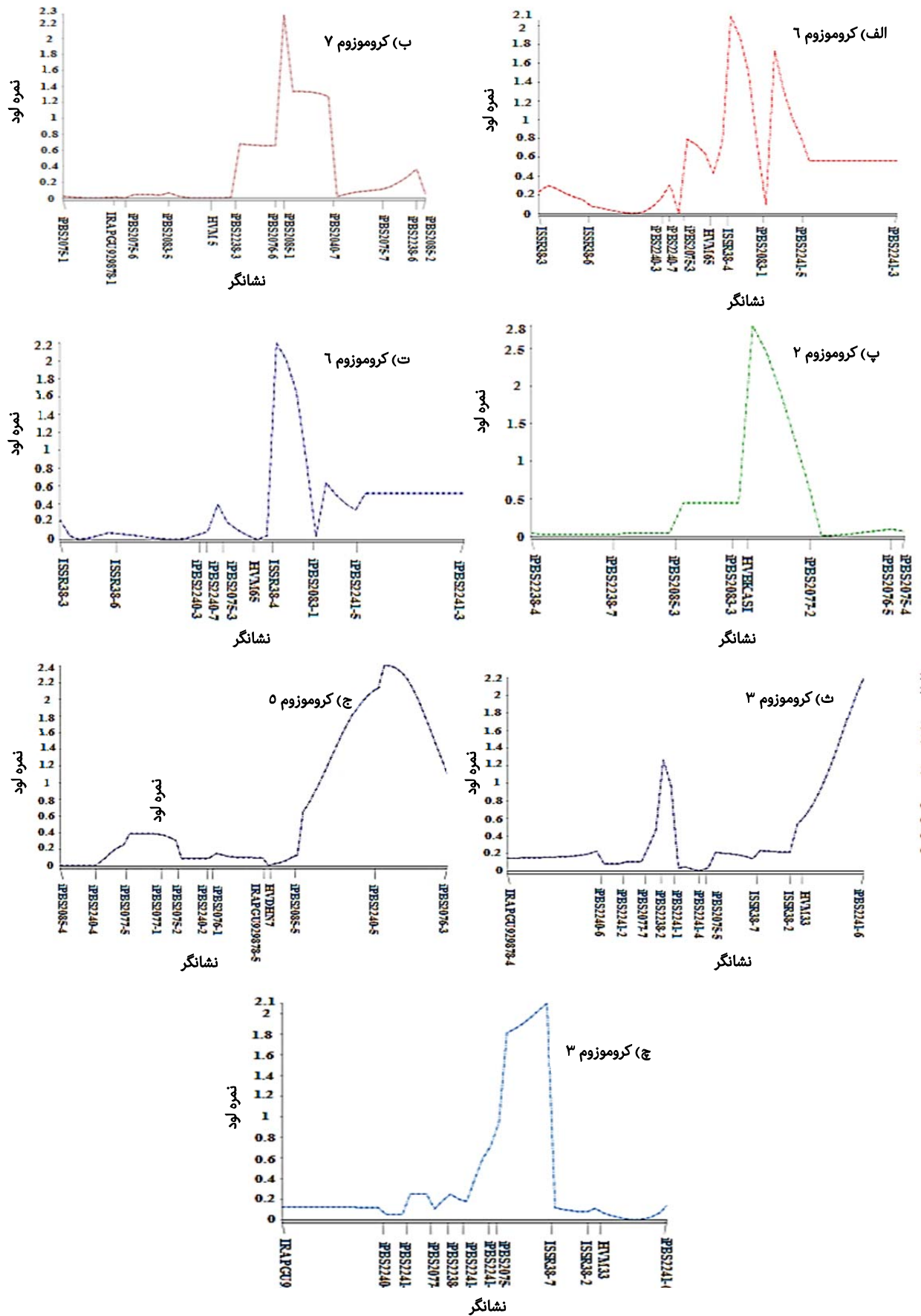
۱- نشانگری که زیر آن خط کشیده شده است، نزدیک‌ترین نشانگر به مکان ژنی از لحاظ موقعیت بود. ۲- احتمال وجود QTL بر عدم وجود QTL، ۳- فاصله نقطه اوج منحنی QTL از نشانگر سمت چپ نقشه پیوستگی، ۴- اثر افزایشی آلل‌های به‌ارث‌رسیده از والدین در کنترل هر صفت، ۵- برای تعیین جهت آلل با توجه به علامت اثر افزایشی عمل می‌کنیم؛ اگر مثبت باشد والد دارای میانگین بزرگ‌تر و اگر منفی باشد والد دارای میانگین کوچک‌تر جهت آلل را تعیین خواهد کرد



شکل ۲) مکان کروموزومی QTL‌های شناسایی‌شده برای صفات زراعی در نسل F3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کویر؛ ★ نشان‌دهنده تعداد بذر جوانه‌زده، ♥ نشان‌دهنده طول پر شدن دانه، ♦ نشان‌دهنده ارتفاع بوته، ★ نشان‌دهنده طول پدانکل، ● نشان‌دهنده وزن دانه، ▲ نشان‌دهنده شاخص برداشت

بیچر باعث کاهش صفت شد (نمودار ۲- ت).
برای صفت وزن دانه یک QTL روی کروموزوم ۳ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی‌شده qkws-3 روی کروموزوم ۳ در فاصله نشانگری IPBS2075-5-ISSR38-7 مکان‌یابی شد و با نمره لود برابر با ۲/۰۴، مقدار ۸/۷٪ واریانس فنوتیپ برای وزن دانه را توجیه نمود. اثر افزایشی، ۱/۷۸ بود و آلل‌های والد کویر باعث افزایش این صفت شد (نمودار ۲- ت).
برای صفت شاخص برداشت، ۳ QTL به‌ترتیب روی کروموزوم‌های ۵، ۵ و ۳ شناسایی شد. QTL‌های مکان‌یابی‌شده qHI-5 و qHI-3 به‌ترتیب در فاصله نشانگری iPBS2240-5- iPBS2076-3 و HVM33-iPBS2241-6 مکان‌یابی شدند. مقدار نمره لود به‌ترتیب ۲/۳۸، ۲/۳۸ و ۲/۱۶ شد که به‌ترتیب ۱۰/۱، ۱۰/۱ و ۹/۲٪ واریانس فنوتیپ را توجیه نمودند. اثر افزایشی، به‌ترتیب -۴/۹۰، -۴/۴۲ و -۳/۴۸- مشاهده و آلل‌های والد بیچر باعث کاهش صفت در محل هر سه QTL شدند (نمودار ۲- ج و چ).

برای طول دوره پر شدن دانه، یک QTL روی کروموزوم ۷ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی‌شده qGFP-7 روی کروموزوم ۷ در فاصله نشانگری iPBS2076-6-iPBS2085-1 مکان‌یابی شد و با نمره لود برابر با ۲/۲۲، ۹/۵٪ واریانس فنوتیپ برای طول دوره پر شدن دانه را توجیه نمود. اثر افزایشی، -۱/۳۱ بود و آلل‌های والد بیچر باعث کاهش این صفت شد (نمودار ۲- ب).
برای صفت ارتفاع بوته، یک QTL روی کروموزوم ۲ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی‌شده qPH-2 روی کروموزوم ۲ در فاصله نشانگری iPBS2083-3-HVBKASI مکان‌یابی شد و با نمره لود برابر با ۲/۷۴، ۱/۱۶٪ واریانس فنوتیپ برای ارتفاع بوته را توجیه نمود (نمودار ۲- پ). اثر افزایشی، ۱/۵۹ بود که آلل‌های والد کویر باعث افزایش صفت مورد نظر شد.
برای صفت طول پدانکل، یک QTL روی کروموزوم ۶ شناسایی شد. QTL مکان‌یابی‌شده qPL-6 روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر ISSR38-4 مکان‌یابی شد و با نمره لود برابر با ۲/۱۹، مقدار ۹/۳٪ واریانس فنوتیپ را توجیه نمود. اثر افزایشی ۹/۱۴- و آلل‌های والد



نمودار ۲) مقادیر LOD صفات مورفولوژیک شامل: الف) تعداد بذر جوانه زده، ب) طول دوره پرشدن دانه، پ) ارتفاع بوته، ت) طول پدانکل، ث) وزن دانه و ج، چ) شاخص برداشت، در نسل F_3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کویر به دست آمده از نرم افزار OGENE 4.0؛ مقادیر LOD بالاتر از خط آستانه ($LOD=2$) نشان دهنده معنی داری وجود QTL در فاصله دو نشانگر برای هر صفت است

شناسایی کرده‌اند و ۳ QTL در نسل F₃ و ۲ QTL در نسل F₄ شناسایی شده است. مهدی‌نژاد و همکاران^[32]، ۴ QTL برای شاخص برداشت در گندم واقع بر کروموزوم‌های 2D، 3B و 7A شناسایی کرده‌اند. QTL برای صفت تعداد بذر جوانه‌زده توسط پژوهشگران دیگر تاکنون پیدا نشده است. همچنین مقایسه نقشه ژنتیکی ارایه‌شده در این مطالعه با نقشه‌های قبلی نشان داد که در تمام گروه‌های پیوستگی این مطالعه، فاصله بین نشانگرها متفاوت با نتایج سایر نقشه‌های موجود بود^[13, 24]. از محدودیت‌های مطالعه حاضر، کمبود امکانات و نبود فضای علمی مناسب برای مطالعه بیشتر از محدودیت‌های این مطالعه بود.

پیشنهاد می‌شود که این طرح در تنش‌های مختلف و مراحل مختلف رشدی در مطالعات آتی بررسی شود. از جمعیت‌های بزرگ‌تر در بررسی‌های بعدی با توجه به اهمیت اندازه جمعیت در مکان‌یابی QTL‌ها استفاده شود. اندازه‌گیری صفات کمی بیشتر برای مکان‌یابی بیشتر صورت گیرد. از تعداد نشانگرهای ریزماهوره بیشتر به‌منظور اشباع نقشه پیوستگی حاضر و مکان‌یابی دقیق QTL‌ها استفاده شود. برای مکان‌یابی دقیق‌تر QTL‌ها از جمعیت‌های متفاوت جو (حاصل از تلاقی ارقام دیگر) نیز استفاده شود تا از ترکیب نتایج حاصل بتوان تحلیل بهتری از اساس ژنتیکی ارایه نمود.

نتیجه‌گیری

روی صفات مورفولوژیک در زاده‌های F3 جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کوپر، ۸ QTL شناسایی می‌شود. برای صفات تعداد بذر جوانه‌زده، یک QTL روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر ISSR38-4، طول دوره پُرشدن دانه، یک QTL روی کروموزوم ۷ در فاصله نشانگری 1-iPBS2085-6-2-iPBS2076، ارتفاع بوته، یک QTL روی کروموزوم ۲ در فاصله نشانگری 3-iPBS2083-HVBKASI، طول پدانکل، یک QTL روی کروموزوم ۶ و پیوسته به نشانگر ISSR38-4، برای صفت وزن دانه، یک QTL واقع بر کروموزوم ۳ در فاصله نشانگری 7-ISSR38-5-iPBS2075 و برای صفت شاخص برداشت، ۳ QTL وجود دارد.

تشکر و قدردانی: از دانشکده کشاورزی و مرکز تحقیقات شهرستان گنبد کاووس به‌دلیل فراهم‌نمودن امکانات لازم برای انجام پژوهش تشکر و قدردانی می‌شود.

تأییدیه اخلاقی: موردی از سوی نویسندگان گزارش نشده است.

تعارض منافع: هیچ گونه تعارض منافی بین نویسندگان مقاله وجود نداشته است.

سهم نویسندگان: ریاب دغاغله (نویسنده اول)، نگارنده مقدمه/پژوهشگر اصلی/نگارنده بحث (۳۰٪)؛ حسین صبوری (نویسنده دوم)، نگارنده مقدمه/روش‌شناس/تحلیلگر آماری/نگارنده بحث (۳۰٪)؛ حسین حسینی‌مقدم (نویسنده سوم)، نگارنده مقدمه/پژوهشگر کمکی (۲۰٪)؛ عیسی جرجانی (نویسنده چهارم)، پژوهشگر کمکی (۱۰٪)؛ حسین‌علی فلاحی (نویسنده پنجم)، پژوهشگر کمکی (۱۰٪)

منابع مالی: از طریق کمک‌هزینه پایان‌نامه توسط دانشگاه گنبد کاووس تأمین شده است.

منابع

1- Ramsay L, Macaulay M, Degli Ivanisovich S, Mac Lean

پژوهش حاضر با هدف مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در زاده‌های F₃ جو حاصل از تلاقی ارقام بیچر×کوپر انجام شد. برای صفات تعداد بذر جوانه‌زده، طول دوره پُرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن دانه و شاخص برداشت در پژوهش‌های مختلف، مکان‌های متعددی به‌عنوان جایگاه‌های مهم در کنترل این صفات معرفی شده‌اند. محمدی و همکاران^[16] در مطالعه‌ای برای صفت طول دوره پُرشدن دانه، ۶ QTL واقع بر کروموزوم‌های ۱، ۳، ۵ و ۷ در دو منطقه تله‌ادیا و بردا شناسایی کرده‌اند. در این پژوهش نیز یک QTL برای این صفت روی کروموزوم ۷ شناسایی شد که با نتایج محمدی و همکاران^[16] همخوانی داشت. اشمال‌نباک و همکاران^[21] برای ارتفاع بوته، ۸ QTL روی همه کروموزوم‌ها به‌جز 6H مکان‌یابی نموده‌اند. تجزیه QTL روی صفات زراعی در جو در مطالعه رحیمی و همکاران^[22] نشان داده است که صفت ارتفاع بوته به‌وسیله ۴ QTL روی کروموزوم ۳ کنترل می‌شود. محمدی و باثوم^[23]، ۸ QTL برای صفت ارتفاع بوته واقع بر کروموزوم‌های ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ در دو منطقه تله‌ادیا و بردا را شناسایی کرده‌اند. وانگ و همکاران^[24]، ۳ QTL را برای صفت ارتفاع بوته روی کروموزوم ۱، ۲ و ۷ شناسایی کرده‌اند. کیچر و همکاران^[13]، ۲ QTL را برای ارتفاع بوته روی کروموزوم ۲ و ۳ شناسایی نموده‌اند. وانگ و همکاران^[25]، ۵ QTL برای صفت ارتفاع بوته را شناسایی کرده‌اند. در مطالعه سیاه‌سر و همکاران^[26]، ۳ QTL برای صفت ارتفاع بوته واقع بر کروموزوم‌های ۲، ۳ و ۷ شناسایی شده است. محمدی و همکاران^[27] به‌منظور نقشه‌یابی QTL‌های صفات مورفولوژیک گندم، ۳ QTL روی کروموزوم‌های 2B، 4B و 4D برای صفت ارتفاع بوته شناسایی کرده‌اند. در پژوهش حاضر، یک QTL برای صفت ارتفاع بوته واقع بر کروموزوم ۲ شناسایی شد که با QTL‌های شناسایی‌شده برای ارتفاع بوته روی کروموزوم ۲ توسط وانگ و همکاران^[24]، سیاه‌سر و همکاران^[26] و کیچر و همکاران^[13] همخوانی داشت، ولی با نتایج رحیمی و همکاران^[22]، محمدی و باثوم^[23] و وانگ و همکاران^[25] مطابقت نداشت. محمدی و باثوم^[23]، ۷ QTL را برای طول پدانکل روی کروموزوم‌های ۲، ۳، ۴، ۶ و ۷ در دو منطقه تله‌ادیا و بردا شناسایی کرده‌اند. احمدی/وج‌تپه و همکاران^[28]، ۲ QTL (QPedg4H و QPedg4H) را برای طول پدانکل جو روی کروموزوم 4H و گروه لینکژای ناشناخته L2 شناسایی کرده‌اند. محمدی و همکاران^[27] به‌منظور نقشه‌یابی QTL‌های صفات مورفولوژیک گندم، ۳ QTL برای صفت طول پدانکل شناسایی کرده‌اند. نتایج این پژوهش با نتایج محمدی و باثوم^[23] همخوانی داشت، ولی با نتایج احمدی/وج‌تپه و همکاران^[28] همخوانی نداشت. بزانت و همکاران^[29] در مجموع ۱۱ QTL را برای وزن دانه جو در طی دو سال و ۱۴ QTL برای وزن دانه طی سه سال روی تمام کروموزوم‌ها شناسایی کرده‌اند. شاهین‌نیا و همکاران^[30] برای وزن دانه جو، یک QTL بزرگ‌اثر روی بازوی بلند کروموزوم 2H در فاصله نشانگرهای vrs1 و MWG503 با توجیه ۳۴٪ تغییرات فنوتیپ صفت مشاهده کرده‌اند، در حالی که در پژوهش حاضر یک QTL روی کروموزوم ۳ شناسایی شد که با نتایج بزانت و همکاران^[29] همخوانی داشت، ولی با نتایج شاهین‌نیا و همکاران^[30] مطابقت نداشت.

گل‌آبادی و همکاران^[31] در مطالعه دو نسل F₃ و F₄ گندم، ۵ QTL برای صفت شاخص برداشت روی کروموزوم‌های 2B و 5B

- 18- Zeng ZB. Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics*. 1994;136(4):1457-68.
- 19- Saghai-Maroofof MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1984;81(24):8014-8.
- 20- Manly KF, Olson JM. Overview of QTL mapping software and introduction to Map Manager QT. *Mamm Genome*. 1999;10(4):327-34.
- 21- Schmalenbach I, Léon J, Pillen K. Identification and verification of QTLs for agronomic traits using wild barley introgression lines. *Theor Appl Genet*. 2009;118(3):483-97.
- 22- Rahimi M, Ebrahimpour F, Eshghi R. Inheritance and QTL mapping of agronomical traits in barley. *J Crop Biotechnol*. 2013;2(3):35-48. [Persian]
- 23- Mohammadi M, Baum M. QTL analysis of morphologic traits in doubled haploid population of barley. *J Water Soil Sci*. 2008;12(45):111-20. [Persian]
- 24- Wang J, Yang J, Jia Q, Zhu J, Shang Y, Hua W, et al. A new QTL for plant height in barley (*Hordeum vulgare* L.) showing no negative effects on grain yield. *PLoS One*. 2014;9(2):e90144.
- 25- Wang J, Yang J, Mc Neil DL, Zhou M. Identification and molecular mapping of a dwarfing gene in barley (*Hordeum vulgare* L.) and its correlation with other agronomic traits. *Euphytica*. 2010;175(3):331-42.
- 26- Siah SAR BA, Taleei AR, Peyghambari SA, Naghavi MR, Rezaee AM, Kohkan Sh. QTL analysis of forage quantity and quality-related traits of barley. *J Crop Prod Process*. 2009;13(47):195-207. [Persian]
- 27- Mohammadi V, Ghanadha MR, Zali AA, Yazdi Samadi B, Byrne P. Mapping QTLs for morphological traits in wheat. *Iran J Agric Sci*. 2005;36(1):145-57. [Persian]
- 28- Ahmadi Ochtafeh H, Soltanloo H, Ramezanpour SS, Naghavi MR, Kalate Arabi M, Nik Khah HR, et al. Localization of QTLs conferring lodging resistance in barley recombinant inbred lines. *Mod Genet J*. 2016;11(2):237-44. [Persian]
- 29- Bezant J, Laurie D, Pratchett N, Chojecki J, Kearsey M. Mapping QTL controlling yield and yield components in a spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross using marker regression. *Mol Breed*. 1997;3(1):29-38.
- 30- Shahin Niya F, Rezaee AM, Seyed Tabatabaee BE, Mohammadi SA. QTL mapping of yield and yield components in barley lines. *Seed Plant Improv J*. 2014;30-1(1):85-101. [Persian]
- 31- Golabadi M, Arzani A, Mirmohammadi Maibody SAM, Sayed Tabatabaee BE, Mohammadi SA. Identification of microsatellite markers linked with yield components under drought stress at terminal growth stages in durum wheat. *Euphytica*. 2011;177(2):207-21.
- 32- Mahdinejad N, Omid M, Jalal Kamali MR, Naghavi MR, Fakheri BA. QTL analysis of some phenological and morphological traits in Babax and Seri M82 recombinant inbred line population of wheat during salinity stress. *Mod Genet J*. 2014;9(2):207-18. [Persian]
- K, Cardle L, Fuller J, et al. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*. 2000;156(4):1997-2005.
- 2- Martin JH, Leonard Deceased WH, Stamp DL, Waldren RP. Principles of field crop production. 4th Edition. New York: Collier Macmillan; 2005.
- 3- Komatsuda T, Salomon B, Bryngelsson T, Von Bothmer R. Phylogenetic analysis of *Hordeum marinum* Huds. based on nucleotide sequences linked to the *vrs1* locus. *Plant Syst Evol*. 2001;227(3-4):137-44.
- 4- Zhang ZH, Yu SB, Yu T, Huang Z, Zhu YG. Mapping quantitative trait loci (QTLs) for seedling vigor using recombinant inbred lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Field Crop Res*. 2005;91(2-3):161-70.
- 5- Knapp SJ. Marker-assisted selection as strategy for increasing the probability of selecting superior genotypes. *Crop Sci*. 1998;38(5):1164-74.
- 6- Mondini L, Noorani A, Pagnotta MA. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Divers*. 2009;1(1):19-35.
- 7- Gale MD, Devos KM. Plant comparative genetics after 10 years. *Science*. 1998;282(5389):656-9.
- 8- Angaji SA. QTL Mapping: A few key points. *Int J Appl Res Nat Prod*. 2009;2(2):1-3.
- 9- Somers DJ, Fedak G, Savard M. Molecular mapping of novel genes controlling Fusarium head blight resistance and deoxynivalenol accumulation in spring wheat. *Genome*. 2003;46(4):555-64.
- 10- Wang J, Sun G, Ren X, Li C, Liu L, Wang Q, et al. QTL underlying some agronomic traits in barley detected by SNP markers. *BMC Genet*. 2016;17:103.
- 11- Hayes PM, Lui BH, Knapp SJ, Chen F, Jones B, Blake T, et al. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germ plasm. *Theor Appl Genet*. 1993;87(3):392-401.
- 12- Buck-Sorlin GH. The search for QTL in barley (*Hordeum vulgare* L.) using a new mapping population. *Cell Mol Biol Lett*. 2002;7(2A):523-35.
- 13- Kicherer S, Backes G, Walther U, Jahoor A. Localising QTLs for leaf rust resistance and agronomic traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet*. 2000;100(6):881-8.
- 14- Mohammadi M, Shekarli S, Naghavi MR. Genetic mapping of quantitative trait loci controlling of leaf traits related to drought tolerance in the doubled haploid barley population. *Sci J Agric*. 2007;30(3):37-48. [Persian]
- 15- Ren XF, Sun DF, Dong WB, Sun GL, Li CD. Molecular detection of QTL controlling plant height components in a doubled haploid barley population. *Genet Mol Res*. 2014;13(2):3089-99.
- 16- Mohammadi M, Taleei A, Zeinali H, Naghavi MR, Ceccarelli S, Grando S, et al. QTL analysis for phenologic traits in doubled haploid population of barley. *Int J Agric Biol*. 2005;7(5):820-3.
- 17- Wu WR, Li WM. Model fitting and model testing in the method of joint mapping of quantitative trait loci. *Theor Appl Genet*. 1996;92(3-4):477-82.