دانشگاه گنبد کاووس
نشریه "تحقیقات کاربردی اکوفیزیولوژی گیاهی"
دوره دهم، شماره ۱۸، بهار و تابستان ۱۴۰۴
http://arpe.gonbad.ac.ir

شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با تحمل خشکی و بهبود نقشه ژنتیکی در جمعیت جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر در مرحله زایشی

مجتبی صادقی[۱]، لیلا آهنگر[۲*]، حسین صبوری[۳]

[۱]دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس
[۲]دانشیار گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس
[۳]استاد گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۵/۱۳ ؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۱۷

چکیده

مقدمه: غلات به عنوان ستون اصلی امنیت غذایی، جایگاه ویژه‌ای در کشاورزی جهان دارند و جو (*Hordeum vulgare*) به دلیل سازگاری اکولوژیکی بالا و تنوع ژنتیکی مطلوب، پس از گندم، دومین محصول استراتژیک در ایران محسوب می‌شود. با این حال، تنش‌های محیطی به‌ویژه خشکی در مرحله زایشی، از مهم‌ترین عوامل محدودکننده عملکرد و کیفیت این محصول به شمار می‌روند. شناسایی کنترل ژنتیکی صفات مربوط به تحمل خشکی و تعیین جایگاه ژن‌های مسئول، گامی اساسی برای ارتقای پایداری عملکرد در شرایط تنش است. در این راستا، بهره‌گیری از مکان‌یابی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) و نشانگرهای مولکولی، ابزاری قدرتمند برای غلبه بر پیچیدگی توارث صفات پلی‌ژنی فراهم می‌آورد. هدف از این پژوهش، شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با تحمل خشکی در مرحله زایشی و بهبود نقشه ژنتیکی موجود با استفاده از جمعیت تلاقی‌یافته بادیا × کویر است تا از این طریق، با تعیین جایگاه‌های ژنی مؤثر و ارزیابی آثار فنوتیپی آن‌ها، زمینه لازم برای اجرای موفقیت‌آمیز برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر(MAS) و توسعه ارقام متحمل به خشکی فراهم گردد.

مواد و روش‌ها: به منظور مکان‌یابی QTLهای مرتبط با صفات مرتبط با تحمل به خشکی، آزمایشی با ۱۰۳ خانواده F3 جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر در مرحله زایشی، در شهرستان کردکوی با ارتفاع ۱ متر از سطح دریا در قالب طرح کاملا تصادفی در ۲ تکرار انجام شد. بدین ترتیب که خانواده‌های مورد نظر در شرایط نرمال (بدون تنش) و تنش خشکی (۰/۷ درصد ظرفیت زراعی) در مراحل زایشی مورد بررسی قرار گرفتند. از هر رقم در هر تکرارسه بوته به صورت تصادفی انتخاب و صفات ارتفاع گیاه، طول ساقه، طول سنبله، طول پدانکل، طول ریشک، طول برگ پرچم، طول میانگره، قطر پدانکل، قطر دانه، قطر ریشک، قطر ساقه، وزن کل گیاه، وزن ساقه، وزن سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن پدانکل، وزن ریشک، وزن برگها، وزن برگ پرچم، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، تعداد گره، تعداد برگ، عرض برگ پرچم، تعداد کل پنجه ها، تعداد پنجه بارور، عملکرد اندازه‌گیری شد. همچنین برای تجزیه ژنتیکی نمونه برگ از گیاهان

*نویسنده مسئول: l.ahangar63@gmail.com

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

تهیه و استخراج DNA به روش CTAB انجام شد. برای تهیه نقشه ژنتیکی از ۲۹ نشانگر SSR و ۱۰ نشانگر ISSR استفاده گردید. به منظور شناسایی QTLهای کنترل کننده صفات مورد مطالعه از روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب و نرم‌افزار Qgene استفاده شد.

نتایج: در پژوهش حاضر در گیاه جو تعداد ۳۶ QTL برای ۲۰ صفت در شرایط نرمال ردیابی شدند. که ۲ QTL برای ارتفاع بوته، یک QTL برای طول ساقه، ۲ QTL برای طول پدانکل، ۲ QTL برای قطر ساقه، ۲ QTL برای وزن کل بوته، ۲ QTL برای کل پنجه ها و ۲ QTL برای عملکرد بوته بود. همچنین تعداد ۲۵ QTL برای ۱۵ صفت در شرایط تنش خشکی ردیابی شدند که یک QTL برای صفت ارتفاع بوته، یک QTL برای صفت طول ساقه، دو QTL برای صفت طول سنبله، دو QTL برای صفت طول پدانکل، یک QTL برای صفت طول ریشک، یک QTL برای صفت طول میانگره اول، یک QTL برای صفت قطر پدانکل، یک QTL برای صفت قطر دانه، یک QTL برای صفت قطر ساقه، یک QTL برای صفت وزن کل گیاه، یک QTL برای صفت وزن برگها، یک QTL برای صفت تعداد گره، یک QTL برای صفت تعداد برگ، یک QTL برای صفت کل پنجه ها، یک QTL برای صفت عملکرد بوته بود.

نتیجه‌گیری کلی: نتایج این پژوهش نشان دهنده وجود تعداد ۳۶ QTL برای ۲۰ صفت مورد مطالعه بود که بیانگر کنترل چندژنی صفات مورد بررسی است. علاوه بر این، مطالعات نشان داد کهQTL های شناسایی‌شده می‌توانند به‌عنوان ابزارهای مؤثر در انتخاب به کمک نشانگر و اصلاح ارقام متحمل به خشکی در جو مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: تنش غیرزیستی، جو، نشانگر مولکولی، نقشه پیوستگی

مقدمه

غلات به عنوان اصلی‌ترین منبع کالری و پروتئین برای جمعیت رو به رشد جهان، نقشی حیاتی در امنیت غذایی و پایداری اقتصادی ایفا می‌کنند. در میان این محصولات، جو (*Hordeum vulgare*) به دلیل تنوع ژنتیکی بالا، سازگاری اکولوژیکی گسترده در طیف وسیعی از اقلیم‌ها و کاربردهای چندجانبه از جمله مصارف خوراکی، علوفه‌ای و دارویی، از اهمیت استراتژیک برخوردار است (Dai and Zhang, 2016). در ایران نیز، با توجه به بافت اقلیمی خشک و نیمه‌خشک، جو پس از گندم، دومین محصول زراعی مهم محسوب می‌شود که نقش کلیدی در اقتصاد کشاورزی کشور دارد (Sharifi and Mohammadi, 2022).

با این وجود، تغییرات اقلیمی و افزایش شدت تنش‌های محیطی، به‌ویژه تنش خشکی، یکی از جدی‌ترین تهدیدها برای تولید پایدار این محصول است (Patade *et al*., 2011). خشکی می‌تواند از طریق اختلال در فرآیندهای فیزیولوژیک و متابولیک، منجر به کاهش شدید نرخ فتوسنتز، اختلال در جذب آب و در نهایت کاهش چشمگیر عملکرد شود (Gua *et al*., 2009). از میان مراحل مختلف چرخه رشد گیاه، مرحله زایشی (Reproductive stage) حساس‌ترین بازه زمانی نسبت به کمبود آب است، زیرا تنش در این مرحله مستقیماً با کاهش تعداد دانه، کاهش وزن دانه‌ها و در نتیجه افت شدید عملکرد نهایی پیوند می‌خورد (George *et al*., 2025).

بهبود عملکرد در شرایط تنش، مستلزم درک دقیق مکانیسم‌های ژنتیکی کنترل‌کننده صفات تحمل به خشکی است. از آنجایی که صفات مرتبط با تحمل به تنش‌های غیرزیستی معمولاً دارای توارث کمی و پلی‌ژنی هستند، شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) از طریق نقشه‌برداری ژنتیکی، گامی حیاتی در اصلاح نباتات محسوب می‌شود (Baidyussen *et al*., 2024). استفاده از نشانگرهای مولکولی در کنار ارزیابی‌های فنوتیپی دقیق، امکان مکان‌یابی نواحی ژنومی مرتبط با صفات مطلوب را فراهم آورده و با کاهش اثرات محیطی، دقت برآورد ژنتیکی را افزایش می‌دهد (Seyed *et al*., 2024). این رویکرد، زیربنای اصلی برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر (Marker-Assisted Selection - MAS) را تشکیل می‌دهد که می‌تواند سرعت و دقت فرآیند به‌نژادی را به‌طور قابل توجهی ارتقا بخشد (Baidyussen *et al*., 2024).

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

مطالعات پیشین نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی در جو و شناسایی گسترده مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این پاسخ‌ها است. به عنوان مثال، مورسی و همکاران (Moursi *et al*., 2020) با بررسی ۶۰ لاین جو در مراحل جوانه‌زنی و گیاهچه‌ای تحت تنش خشکی، موفق به شناسایی ۷۱ QTL در هر ۷ کروموزوم شدند که بخش قابل توجهی از آن‌ها (۳۳ مورد) با صفات مربوط به طول ریشه مرتبط بود. همچنین، این مطالعه نشان داد که برخی نشانگرها دارای اثرات پلیوتروپیک گسترده بر صفات مختلف هستند. در زمینه مکان‌یابی ژنتیکی در جمعیت‌های مشابه، تقی‌زاده و همکاران (Taghizadeh *et al*., 2019) با استفاده از نسل سوم تلاقی «بادیا × کویر» در مرحله جوانه‌زنی، ۲۷ QTL مرتبط با تحمل خشکی را ردیابی کردند که میزان واریانس تبیین‌شده توسط آن‌ها بین ۳۷/۳ تا ۸/۶ درصد متغیر بود. علاوه بر تنش خشکی، مطالعات بر روی تنش‌های دیگر نظیر شوری نیز نتایج مشابهی را در شناسایی‌QTL های مرحله گیاهچه‌ای نشان داده‌اند؛ چنان‌که احمدی اوج‌تپه و همکاران (Ahmadi-Ochtapeh *et al*., 2015) با استفاده از نشانگرهای AFLP و SSR در تلاقی‌Arigashar × Igri ، موفق به شناسایی ۲۶ QTL شدند که ۱۷ مورد از آن‌ها بر تحمل به شوری (در غلظت‌های ۲۵۰ و ۳۵۰ میلی‌مولار) در کروموزوم‌های ۲، ۳، ۴، ۶ و ۷ اثر داشتند. یافته‌های آن‌ها نشان داد که کروموزوم‌های ۲، ۴ و ۶ نقش کلیدی در تحمل به شوری ایفا می‌کنند و برخی‌QTLها، مانند Hc4QTwg بر روی کروموزوم ۴، دارای اثرات گسترده بر صفات رشدی مانند طول ساقه و کولئوپتیل هستند. علاوه بر این، خلیلی و محمدیان (Khalili and Mohammadian, 2016) با بررسی ۷۲ لاین دابل هاپلوئید در جو، موفق به ردیابی ۴۷ QTL مرتبط با پاسخ به تنش شوری شدند. یافته‌های آن‌ها نشان داد که صفات مربوط به جوانه زنی، از جمله ضریب سرعت جوانه زنی، تحت تأثیر شدید این تنش قرار دارند و برخی از این مکان‌های ژنی، بخش قابل توجهی از واریانس فنوتیپی صفات را در شرایط مختلف شوری تبیین می‌کنند.

علیرغم مطالعات انجام شده، شناخت کامل نقشه‌ای از ژن‌های مرتبط با تحمل خشکی در جمعیت‌های خاص جو همچنان یک چالش است. از این رو، پژوهش حاضر با هدف شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با ویژگی‌های تحمل خشکی در مرحله زایشی و بهبود نقشه‌های ژنتیکی موجود، طراحی شده است. در این راستا، از جمعیت حاصل از تلاقی «بادیا × کویر» استفاده شد تا با بررسی اثرات ژنتیکی و شناسایی QTLهای مؤثر بر صفات مرتبط با خشکی، بستری علمی برای شناسایی ژن‌های هدف و فراهم‌سازی زمینه جهت استفاده در برنامه‌های اصلاحی برای توسعه ارقام مقاوم در شرایط تنش فراهم گردد.

مواد و روش‌ها

به منظور اعمال تنش خشکی در شرایط گلخانه، تعداد ۱۰۳ لاین از خانواده نسل F3 حاصل از تلاقی دو رقم جو زراعی بادیا × کویر، مورد مطالعه قرار گرفتند. عملکرد بالاتر و حساس به ورس و تنش از صفات برتر والد بادیا و عملکرد پایین تر و تحمل به ورس و تنش از صفات برتر والد کویر بشمار می رود. پژوهش حاضر در در شهرستان کردکوی با اختلاف ۱ متر ارتفاع از سطح دریا اجرا شد. میزان ۵ کیلو خاک لومی-رسی-سیلتی (Si-C-L) با مشخصات جدول ۱، در هر گلدان ریخته و سپس در هر گلدان ۶ بذر جوانه دار شده کاشته شد.

جدول ۱- مشخصات فیزیکی و شیمیایی خاک مورد مطالعه

Table 1- Chemical and physical properties of the studied soil

ماسه Sand (%)	سیلت Silt (%)	رس Clay (%)	پتاسیم K (ppm)	فسفر P (ppm)	ازت N (%)	مواد خنثی TNV (%)	کربن آلی Organic matter (%)	EC (ds/m)	PH
۸	۶۲	۳۰	۳۶۲	۱۱/۵	۰/۸۰	۹/۳	۹۲	۱/۲۳	۷/۴

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

تا انتهای مرحله رویشی میزان رطوبت ۰/۷ ظرفیت زراعی (۲۰ درصد رطوبت وزنی) برای تمامی لاین ها ثابت نگه داشته شد. سپس برای اعمال تنش خشکی در مرحله زایشی (شروع مرحله آبستنی)، آبیاری با فاصله یک هفته انجام شد. میزان رطوبت وزنی بعد از انتهای هر هفته حدود ۸ درصد رطوبت وزنی برآورد شد. با محاسبه میزان کاهش رطوبت در گلدان، کمبودآب تا رسیدن به میزان مطلوب و نرمال (۲۰ درصد رطوبت وزنی) جبران شد. در انتهای برداشت جو از گلدان ها نمونه خاک تهیه شد و رطوبت وزنی آن محاسبه شد که برابر با ۴ درصد بود.

سپس طبقه بندی بوته ها از نظر تحمل به خشکی جهت مقایسه ژنوتیپ ها بر اساس روش (Loresto and Chang., 1981) انجام گرفت و اسکوردهی ژنوتیپ ها هر چهار روز یک بار تا انتهای فصل رشد صورت گرفت. کد صفر، بسیار متحمل (بدون نشانه های سوختگی)، کد ۱ ، متحمل (خشک شدن جزئی نوک برگها)، کد ۳، نسبتا متحمل (گسترش یافتن خشکی نوک برگها به اندازه یک چهارم در سه برگ گیاه)، کد ۵، نسبتا حساس (خشک شدن نصف برگهای جوان و تمام برگهای پایین)، کد ۷، حساس (گسترش یافتن خشکی برگها به اندازه سه چهارم برگ) کد ۹، بسیار حساس (گسترش یافتن خشکی به تمام برگها)، دسته بندی شدند. در شرایط نرمال در آزمایش مذکور خاک همیشه در حالت ظرفیت مزرعه نگهداری شدند. آبیاری گلدان ها به طور یکنواخت انجام گرفت. برای یادداشت برداری ها از هر رقم در هر تکرارسه بوته به صورت تصادفی انتخاب و صفات ارتفاع گیاه، طول سنبله، طول پدانکل، طول برگ پرچم، تعداد گره، قطر دانه و تعداد برگ اندازه گیری شد. سپس داده ها در قالب طرح کامل تصادفی مورد ارزیابی قرار گرفتند.

ارزیابی ژنتیکی: از برگ‌های سالم هر ژنوتیپ بعد از رسیدن به مرحله ۳ برگی نمونه گیری انجام شد. سپس استخراج DNA ژنومی، به کمک روشCTAB (Saghi-Maroof et al., 1990) انجام شد. برای PCR دناتوراسیون در۹۴درجه سلسیوس به مدت ۵ دقیقه و به دنبال آن ۳۰سیکل دناتوراسیون در۹۴درجه سلسیوس به مدت ۱ دقیقه، اتصال در ۵۵ درجه سلسیوس برای ۱ دقیقه، بسط در۷۲درجه سلسیوس به مدت۱۵دقیقه، تکثیر نهایی در۷۲درجه سلسیوس به مدت ۵ دقیقه انجام شد. واکنش زنجیرهای پلیمراز توسط ترموسایکلر (iCyclerBIORAD, USA) انجام شد. برای تجزیهQTL از نقشه پیوستگی موجود جمعیت متشمل بر ۱۰ نشانگر ISSR و ۲۹ نشانگر SSR استفاده شد. اطلاعات مربوط به نشانگرها در جدول ۲ و ۳ آورده شده است. برای تهیه نقشه ژنتیکی از نرم افزار MapManager QTX17 استفاده شد. در نهایت برای پیدا کردن QTLها از QGEN استفاده شد. برای یافتن رابطه بین داده های فنوتیپی و ژنوتیپی و انجام تجزیه QTL، از روش مکان یابی فاصله ای مرکب استفاده شد.

جدول ۲- نشانگرهای ISSR چند شکل مورد استفاده در تهیه نقشه پیوستگی جمعیت F3 جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

Table 2- Polymorphic ISSR markers used for constructing a linkage map of an F3 barley population derived from the Badiya × Kavir.

marker	Tm	Sequence	Polymorphic
ISSR131	50-55	GAGAGAGAGAGAGAGAA	6
ISSR16	50-55۵	CTCTCTCTCTCTCTCTG	8
ISSR20	54-59	CTCTCTCTCTCTCTCT	4
ISSR22	50-55	CTCTCTCTCTCTCTCTT	7
ISSR29	54-59	TCTCTCTCTCTCTCTCA	7
ISSR30	59-64	GAGGAGAGAGAGAGAG	7
ISSR31	50-55	GAGAGAGAGAGAGAGA	5
ISSR38	52-57	GGAAGGAAGGAAGGAAGGAAT	7
ISSR47	55-60	CTCCTCCTCCTCCTCCTCG	8
ISSR48	50-55	ACACACACACACACACACACTA	6

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

جدول ۳- نشانگرهای SSR چند شکل مورد استفاده در تهیه نقشه پیوستگی جمعیت F3 جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

Table 3- Polymorphic SSR markers used for constructing a linkage map of an F3 barley population derived from the Badiya × Kavir.

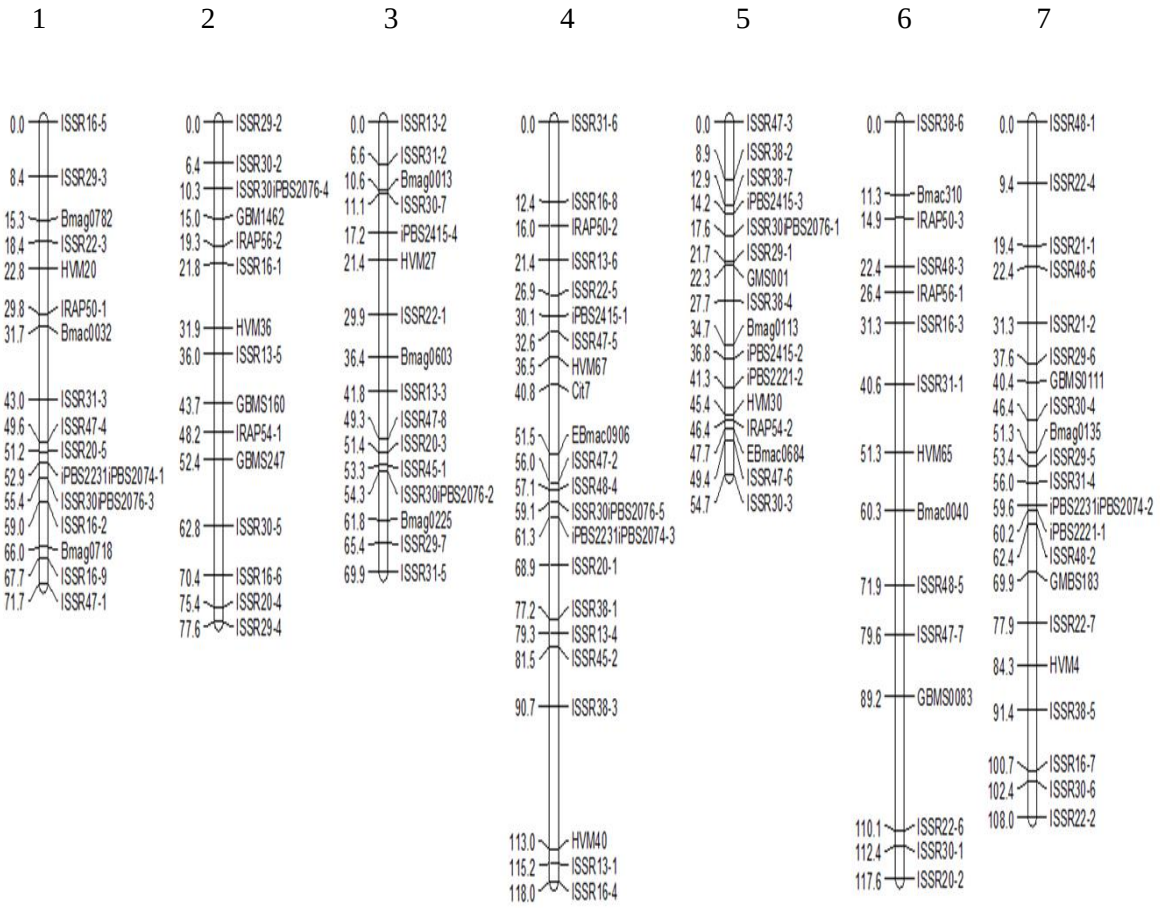
marker	Choromosome	Sequence	Polymorphic
HVM20	1	CTCCACGAATCTCTGCACAA/CACCGCCTCCTCTTTCAC	poly
HVM36	2	TCCAGCCGAACAATTTCTTG/AGTACTCCCACACCACGTCC	poly
HVM27	3	GGTCGGTTCCCGGTAGTG/TCCTGATCCAGAGCCACC	poly
HVM67	4	GTCGGGCTCCATTGCTCT/CCGGTACCCAGTGACGAC	poly
HVM30	5	AGTGGGGAATGAGAGAATGG/TGCTTGTGGGGCATCACAC	poly
HVM65	6	AGACATCCAAAAAATGAACCA/TGGTAACTTGTCCCCCAAAG	poly
HVM4	7	AGAGCAACTACCAGTCCAATGGCA/GTCGAAGGAGAAGCGGCCCTGGTA	poly
HVM49	7	CTCTATAGGCACGAAAAATTCC/TTGCACATATCTCTCTGTCACA	poly
HVM33	3	ATATTAAAAAAGGTGGAAAGCC/CACGCCCTCTCCCTAGAT	mono
HVBKASI	2	ATTGGCGTGACCGATATTTATGTTCA/CAAAACTGCAGCTAAGCAGGGGAACA	mono
HVM68	4	AGGACCGGATGTTCATAACG/CAAATCTTCCAGCGAGGCT	mono
HVDHN7	5	TTAGGGCTATGGTTCAGATGTT/ACGTTGTTCTTCGCTGCTG	mono
HVM5	7	AACGACGTCGCCACACAC/AGGAACGAAGGGAGTATTAAGCAG	mono
HVM60	3	CAATGATGCGGTGAACTTTG/CCTCGGATCTATGGGTCCTT	mono
HVM70	1	CCGCCGATGACCTTCTC/ACCCACACGACCTATGGCAC	mono
HVM74	6	AGGAAGTCATTGCGTGAG/TGATCAAGAATGATAACATGG	mono
HVLEU	5	TTGGAAGTGTACAGCAATGGAG/TGAAAGGCCCCACAAGATAG	mono
HVM51	7	TCTAAATTACCTTCCCAGCCA/AAAGCAGACATGTAGGAGGTCA	mono
HVM43	1	GGATTTTCTCAAGAACACTT/GCGTGAGTGCATAACATT	mono
HVM31	6	CGGTTTCTGGTTGCTTGG/CGAAGGTCTCAGGCTTCATG	mono
HVM9	3	CTTCGACACCATCTCCCAG/ACCAAAATCGCATCGAACAT	mono
HVDHN9	5	CATGGACAAGATCAAGGAGAAG/CCCATTATTTATCTGTAGGAACGC	mono
HVM6	5	CATGAATGAATGATTGGTTTTG/CGCATCCGTATGTATGAGTAA	mono
HVM13	6	AGTAGCTATGTGTTTGGATCGC/CATCAAGGGCATCCTCATG	mono
HVM7	7	ATGTAGCGGAAAAAATACCATCAT/CCTAGCTAGTTCGTGAGCTACCTC	mono
HVM63	1	CGCGCAAGCATGAATACTC/ACTCACAAGTGGCGCGTAC	mono
HVM64	1	GATGTGAAGGCTGCCCTG/ACACGCCCTATTACCCAGTG	mono
HVM14	6	CGATCAAGGACATTTGGGTAAT/AACTCTTCGGGTTCAACCAATA	mono
HVM54	2	AACCCAGTAACACCGTCCTG/AGTTCCCTGACCCGATGTC	mono

نتایج و بحث

نشانگرها به ۷ گروه پیوستگی متعلق به ۷ کروموزوم جو با طول نقشه بر اساس تابع کوزامبی (Kosambi., 1943) برابر ۶۹۸ سانتی مورگان و فاصله در بین دو نشانگر مجاور برابر با ۱۰/۲۶ سانتی‌مورگان منتسب گردید (شکل ۱). کروموزوم شماره ۴ با بالاترین تعداد نشانگر (۲۲) با طول کروموزومی ۱۱۸ سانتی مورگان ترسیم شد. کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۵، ۶ و ۷ نیز به

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

ترتیب دارای ۱۶، ۱۵، ۱۶، ۱۶، ۱۵ و ۲۱ نشانگر منتسب شدند که به ترتیب دارای طول های ۷۱/۷، ۶/ ۷۷، ۶۹/۹، ۵۴/۷، ۱۱۷/۶و ۱۰۸/۰ سانتی مورگان بودند.



شکل ۱- نقشه پیوستگی ۲۹ نشانگر SSR و ۱۰ نشانگر ISSR در جمعیت F3 جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر (اسامی نشانگرها در سمت راست، گروه های پیوستگی و فاصله ژنتیکی بین نشانگرها بر اساس تابع کوزامبی (۱۹۴۴) در سمت چپ آنها نشان داده شده است. اعداد بالای گروه ها شماره گروه های پیوستگی هستند که معادل کروموزوم های جو می باشند)

Figure 1- Linkage map of 29 SSR and 10 ISSR markers in an F3 barley population derived from the Badia × Kavir cross (Marker names are shown on the right, while linkage groups and genetic distances between markers—calculated using the Kosambi (1944)—are indicated on the left. The numbers above the groups denote the linkage group numbers, which correspond to barley chromosomes)

مکان‌یابی QTLهای کنترل کننده صفات مورد بررسی در شرایط نرمال: تعداد ۳۶ QTL برای ۲۰ صفت در شرایط نرمال ردیابی شدند که ۲ QTL برای ارتفاع بوته، یک QTL برای طول ساقه، ۲ QTL برای طول پدانکل، یک QTL برای طول ریشک، یک QTL برای طول برگ پرچم، یک QTL برای طول اولین میانگره، ۳ QTL برای قطر پدانکل، ۳ QTL برای قطر دانه، ۲ QTL برای قطر ساقه، ۲ QTL برای وزن کل بوته، ۲ QTL برای وزن ساقه، ۲ QTL برای وزن سنبله، ۲

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

QTL برای وزن دانه در سنبله، ۳ QTL برای وزن برگها، ۲ QTL برای تعداد دانه در سنبله، یک QTL برای تعدا گره، یک QTL برای تعداد برگ، یک QTL برای عرض برگ پرچم، ۲ QTL برای کل پنجه ها و ۲ QTL برای عملکرد بوته (جدول ۴).

برای صفت ارتفاع بوته، دو QTL (qHELN-5وqHELN-6) که به ترتیب روی کرموزوم های ۵ و ۶ قرار داشتند، شناسایی شدند که به ترتیب در موقعیت‌های ۲۶/۶۹ و ۱۳/۱۰۵ سانتی مورگان و LOD= ۳/۰۵ و LOD= ۲/۵۴ در فاصله نشانگرهای ISSR38-4 و Bmac310-Bmag0113وIRAP50-3 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۹۶/۹۲۶ و ۹۹/۸۴ سانتی متر بود که به ترتیب ۱۸/۴۳ و ۱۹/۵۶ درصد از تغییرات ارتفاع بوته را در شرایط نرمال توجیه کردند. هو و همکاران (Hu et al., 2012) در پژوهشی سه QTL برای صفت ارتفاع بوته شناسایی نمودند که بر روی کروموزوم 5A و 6A قرار داشتند که با نتایج این پژوهش مبنی بر وجود نواحی ژنومی مؤثر بر کنترل این صفت در این کروموزوم‌ها همخوانی داشت. همچنین این محققین همپوشانی QTL ارتفاع بوته باQTL های صفات مرتبط با سنبله را گزارش کردند که برای پشتیبانی از نقش نواحی ژنومی در کنترل ارتفاع بوته میتواند بسیار مناسب باشد.

برای صفت طول ساقه یک QTL (qSHLN-5) بر روی کروموزوم شماره ۵ شناسایی گردید که در موقعیت ۲۹,۶۹ سانتی مورگان و درLOD= ۳,۸۶۴ و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4وBmag0113 قرار داشت. اثر افزایشی این QTL برابر با ۷۵,۶۰۹۳ سانتی متر بوده و این QTL توانست ۲۷/۴۳ درصد از تغییرات طول ساقه را در شرایط نرمال توجیه کند. دو پژوهش در صفت طول ساقه مورد ارزیابی قرار گرفته که هر دو با نتیجه این پژوهش همخوانی ندارند. خلیلی و همکاران (Khalili and Mohammadian, 2016) برای صفت طول ساقه سه QTL بر روی کروموزوم های 4B، 4B و 2D شناسایی نمودند و فاخری و بابکی (Fakheri and Khalegh Babaki, 2014) بر روی گندم نان یک QTL بر روی کروموزوم 7A شناسایی نمودند که ۱۸/۴۱ درصد از واریانس فنوتیپی ای صفات را توجیه کردند.

برای صفت طول پدانکل ۲ QTL (qPDLN-1 و qPDLN-6) بر روی کروموزوم های ۱ و ۶ که به ترتیب در موقعیت های ۷۱,۶۵ و ۱۳,۱۰۵ سانتی مورگان و LOD=2.6932 و LOD=۳,۵۵۰۲ شناسایی شد که در فاصله بین نشانگرهای ISSR47-1و ISSR47-1 - Bmac310و RAP50-3 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۱۴,۸۹۰۲- و ۲۴,۰۷۸۵ سانتی متر بوده و این QTL ها توانستند به ترتیب ۱۱/۰۱ و۲۸/۷۹ درصد از تغییرات طول پدانکل را در شرایط نرمال توجیه کنند. برای صفت طول ریشک یک QTL (qAWLN-5) در موقعیت ۲۹,۶۹ سانتی مورگان و LOD=2.5667 و در فاصله نشانگرهایISSR38-4 وBmag0113 و بر روی کروموزوم شماره ۵ شناسایی شد. اثر افزایشی این QTL ۱۴,۸۹۳۱ سانتی‌متر بوده و این QTL توانست ۱۹/۶۰ درصد از تغییرات طول ریشک را در شرایط نرمال توجیه کند. مطالعات قبلی نشان داده‌اند که طول ریشک صفتی کمی و تحت کنترل چندین ناحیه ژنومی است وQTL های مرتبط با آن در کروموزوم‌های مختلف جو، از جمله H۱، H۳، ۶ Hو H۷، شناسایی شده‌اند.(Wang et al., 2010; Liller *et al*., 2017)

برای صفت طول برگ پرچم یک QTL (qFLLN-5) در فاصله نشانگرهای ISSR38-4وISSR38-4 بر روی کروموزوم شماره ۵ در موقعیت ۲۷,۶۹ سانتی مورگان و LOD=2.6296 شناسایی شد. اثر افزایشی این QTL ۷,۹۰۴۲ سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۳/۰۱ درصد از تغییرات طول برگ پرچم را در شرایط نرمال توجیه کند. رحیمی و همکاران (Rahimi *et al*., 2013) برای صفت طول برگ پرچم یکQTL بزرگ اثر شناسایی نمودند که ۳۴ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را توجیه نمودند.

برای صفت طول میانگره اول یک QTL (qINON-5) بر روی کروموزوم شماره ۵ در موقعیت ۲۶,۷۹۵سانتی مورگان و LOD=2.7159 و در فاصله نشانگرهای GMS001وISSR38-4 قرار داشت. اثر افزایشی این QTL ۶,۶۸۴۳ سانتی متر

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

بوده و این QTL توانست ۱۷/۶۵ درصد از تغییرات طول میانگره اول را در شرایط نرمال توجیه کند. برای صفت قطر پدانکل ۳ QTL (qTPDN-1 و qTPDN-6 و qTPDN-7) بر روی کروموزوم های ۱ و ۶ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۶۶,۸۳۵ و ۱۳,۱۰۵ و ۳۹,۴۴۳ سانتی مورگان و LOD= 3.1905 و LOD=4.1476 و LOD=3.3097 در فاصله بین نشانگرهای Bmag0718 و ISSR16-9 - Bmac310و IRAP50-3 - ISSR29-6 و GBMS0111 قرار داشتند. اثر افزایشی این سه QTL به ترتیب ۰,۲۶۸۵- و ۰,۳۷۶۷ و ۰,۲۳۰۲ میلیمتر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۳/۳۱ و ۲۶/۲۱ و ۹/۷۹ درصد از تغییرات قطر پدانکل را در شرایط نرمال توجیه کردند. در پژوهش ناصری و همکاران (Naseri et al., 2023) روی ۱۱۸ لاین نوترکیب (RIL) حاصل از تلاقی Zardak × Iran-249 در سه محیط دیم در مجموع ۳۳ QTL برای صفات برگ پرچم و پدانکل شناسایی شد. برای صفات طول و قطر پدانکل، QTLهای مشترک و پایدار در حداقل دو محیط روی کروموزوم‌های A۱، B.۱۱، B.۱ ۲و A ۵ شناسایی شد.

برای صفت قطر دانه، سه QTL (qTGRN-1a و qTGRN-1b و qTGRN-6) بر روی کروموزوم های ۱ و۱و ۶ که به ترتیب در موقعیت های ۲۸,۹۳۱۲، ۶۵,۹۷ و ۷,۵۲۶۷ سانتی مورگان و LOD= 3.0996 ، LOD=3.2605 و LOD=7.5934 شناسایی شد. این QTLها در فاصله بین نشانگرهایHVM20 ، IRAP50-1 - Bmag0718، Bmag0718 - ISSR38-6و Bmac310 قرار داشتند. اثر افزایشی این سه QTL به ترتیب ۰,۱۹۹۲- و ۰,۱۳۷۳- و ۰,۲۸۰۳ میلیمتر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۵/۶۶ و ۷/۴۴ و ۳۱/۰۰ درصد از تغییرات قطر دانه را در شرایط نرمال توجیه کردند. در پژوهشی با استفاده از جمعیت لاین های اینبرد نوترکیب برنج حاصل از تلاقی ارقام Pusa 1121 × Pusa 1342، برای طول دانه سهQTL ، برای عرض دانه دو QTL و برای نسبت طول به عرض نیز دو QTL شناسایی شد. همچنین نواحی از کروموزوم ۷ به عنوان بهترین مکان کنترل کننده طول، عرض و شکل دانه شناسایی شد (Amarawathi *et al.*, 2008).

برای صفت قطر ساقه حدود دو QTL (qTSHN-5 و qTSHN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت‌های ۲۸,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.0863 و LOD=3.0963 شناسایی شد که در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4، Bmag0113 - HVM4و HVM4 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۳۷۴۷ و ۰,۳۸۰۵ میلی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۵/۹۰ و ۱۶/۴۰ درصد از تغییرات قطر ساقه را در شرایط نرمال توجیه کردند.

برای صفت وزن کل گیاه، دو QTL (qPLWN-5 و qPLWN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ به ترتیب در موقعیت های ۲۹,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.2958 و LOD=3.7751 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4 و HVM4 - Bmag0113 و HVM4 شناسایی شد. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۵۸۰۴ و ۰,۴۴۰۶ گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۱/۳۶ و ۱۲/۳۱ درصد از تغییرات وزن کل گیاه را در شرایط نرمال توجیه کردند.

برای صفت وزن ساقه، دو QTL (qWSHN-5 و qWSHN-7) شناسایی شدند که بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4و Bmag0113 و HVM4و HVM4 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۲۴۵۱ و ۰,۱۸۷ گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۷/۷۰و ۱۰/۳۱ درصد از تغییرات وزن ساقه را در شرایط نرمال توجیه کردند. برای صفت وزن سنبله نیز دو QTL (qSPWN-5 و qSPWN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۲۹,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.4997 و LOD=3.3614 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4و Bmag0113 - HVM4و HVM4 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۲۰۷۶ و ۰,۱۴۳۳گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۲/۷۹ و ۱۰/۸۶ درصد از تغییرات وزن سنبله را در شرایط نرمال توجیه کردند.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

برای صفت وزن دانه در سنبله نیز دو QTL (qWGSN-5 و qWGSN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۲۹,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.7205 و LOD=4.1348 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4و Bmag0113 - HVM4و HVM4 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۱۷۸۵ و ۰,۱۳۳۴گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۳/۳۵ و ۱۳/۰۴ درصد از تغییرات وزن دانه در سنبله را در شرایط نرمال توجیه کردند. کاویانی چراتی و همکاران (kaviani charati et al., 2019) در پژوهشی یک QTL بر روی کروموزوم شماره ۳ برای صفت وزن سنبله در جو شناسایی نمودند. این QTL (qSW-3) در فاصله نشانگری iPBS2221-7 و iPBS2274- با LOD=2/3 توانست حدود ۱۰ درصد از واریانس فنوتیپی برای این صفت را توجیه نماید.

برای صفت وزن برگها، سه QTL (qTLAN-2a وqTLAN-2b و qTLAN-7) بر روی کروموزوم های ۲ و۲و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۵۲,۳۹ و ۶۲,۸۱ و ۳۷,۶۱ سانتی مورگان و LOD= 4.738 ، LOD=3.2281 و LOD=3.4231 در فاصله بین نشانگرهای GBMS247، GBMS247 - ISSR30-5، ISSR30-5 - ISSR29-6و ISSR29-6 شناسایی شد. اثر افزایشی این سه QTL به ترتیب ۰,۱۰۱۲ و ۰,۱۱۴۸- و ۰,۰۸۵ گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۳/۹۹ و ۱۷/۹۹ و ۹/۸۶ درصد از تغییرات وزن برگها را در شرایط نرمال توجیه کردند. مختوم و همکاران (Makhtoum *et al.*, 2022) برای صفت وزن برگ، تعداد هفت QTL بر روی کروموزوم‌های ۲، ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ شناسایی نمودند. در میان آن‌ها، یک QTL روی کروموزوم ۲ حدود ۲/۱۱ درصد و یک QTL بزرگ اثر روی کروموزوم ۴ حدود ۸/۲۰ درصد از واریانس فنوتیپی وزن برگ را توجیه کردند.

برای صفت تعداد دانه در سنبله، دو QTL (qGNSN-5 و qGNSN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۳۰,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.9325 و LOD=5.0306 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4و Bmag0113 - HVM4 و HVM4 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۶,۲۷۶۲ و ۴,۸۱۲۵ عدد بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۵/۸۲ و ۱۵/۱۸ درصد از تغییرات تعداد دانه در سنبله را در شرایط نرمال توجیه کردند. نتایج حاصل با مطالعات پیشین در زمینه کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله همخوانی دارد. در یک مطالعه ژنتیکی در جو، ۲۰ QTLمرتبط با تعداد دانه در سنبله در سراسر ژنوم شناسایی شد و اینQTL ها به‌صورت انفرادی بین ۷۴/۱ تا ۵۰/۷۹ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه کردند. همچنین دو QTL پایدار روی کروموزوم ۲ Hدر بیش از یک محیط شناسایی شدند که بیانگر اهمیت این ناحیه ژنومی در کنترل تعداد دانه در سنبله است (Ren *et al.*, 2016) این نتایج نشان می‌دهد که تعداد دانه در سنبله یک صفت کمی با کنترل ژنتیکی پیچیده است وQTL های متعددی در کنترل تغییرات آن نقش دارند.

برای صفت تعداد گره، یک QTL (qNNON-1) بر روی کروموزوم شماره ۱ در موقعیت ۷۱,۶۵ سانتی مورگان و LOD=3.0142 و در فاصله نشانگرهای ISSR47-1و ISSR47-1 قرار داشت. اثر افزایشی این QTL ۰,۴۱۵۱- عدد بوده و این QTL توانست ۱۳/۹۰ درصد از تغییرات تعداد گره را در شرایط نرمال توجیه کند. برای صفت تعداد برگ یک QTL (qNLAN-1) بر روی کروموزوم شماره ۱ در موقعیت ۷۱,۶۵سانتی مورگان و LOD=3.4161 و در فاصله نشانگرهای ISSR47-1و ISSR47-1 قرار داشت. اثر افزایشی این QTL ۰,۴۱۱۵- عدد بوده و این QTL توانست ۱۵/۸۰ درصد از تغییرات تعداد برگ را در شرایط نرمال توجیه کند.

برای صفت عرض برگ پرچم یک QTL (qTFLN-7) بر روی کروموزوم شماره ۷ در موقعیت ۶۰,۲۳ سانتی مورگان و LOD=2.9759 و در فاصله نشانگرهای iPBS2221-1وiPBS2221-1 قرار داشت. اثر افزایشی این QTL ۰,۴۹۵۵ عدد بوده و این QTL توانست ۱۴/۳۱ درصد از تغییرات عرض برگ را در شرایط نرمال توجیه کند. رحیمی و همکاران (Rahimi

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

(*et al*., 2013) دو مکان ژنی qFW-2 و qFW-7 را برای این صفت بر روی کروموزوم‌های ۲ و ۷ شناسایی کردند. همچنین زو و همکاران (Xu *et al*., 2008) نیز دو QTL مرتبط با عرض برگ پرچم را روی کروموزوم ۵ Hگزارش کردند. این نتایج نشان می‌دهد که عرض برگ پرچم یک صفت کمی بوده و تحت کنترل چندین ناحیه ژنومی قرار دارد و مشاهده QTL در کروموزوم ۷ در پژوهش حاضر با بخشی از گزارش‌های پیشین همخوانی دارد.

برای صفت کل پنجه ها، نیز تعداد دو QTL (qTTHN-5 و qTTHN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۲۸,۶۹ و ۶۷,۰۵۲۵ سانتی مورگان و LOD=5.0499 و LOD=3.3715 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4 و Bmag0113 - ISSR48-2 و GMBS183 شناسایی شد. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۲۹۸۱ و ۰,۲۹۲ عدد بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۲/۶۳ و ۲۱/۷۱ درصد از تغییرات کل پنجه ها را در شرایط نرمال توجیه کردند.

برای صفت عملکرد بوته، دو QTL (qYIDN-5 و qYIDN-7) بر روی کروموزوم های ۵ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های ۲۹,۶۹ و ۸۴,۲۶ سانتی مورگان و LOD=4.8468 و LOD=4.0143 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-4و Bmag0113 - HVM4و HVM4 شناسایی شد. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۵۰۴۳ و ۰,۳۲۰۷ گرم بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۹/۰۵ و ۱۱/۷۵ درصد از تغییرات عملکرد بوته را در شرایط نرمال توجیه کردند.

مکان یابی QTLهای کنترل کننده صفات مورد بررسی در شرایط تنش خشکی: تعداد ۲۵ QTL برای ۱۵ صفت در شرایط تنش خشکی ردیابی شدند که یک QTL برای صفت ارتفاع بوته (HELD)، یک QTL برای صفت طول ساقه (SHLD)، دو QTL برای صفت طول سنبله (SPLD)، دو QTL برای صفت طول پدانکل (PDLD)، یک QTL برای صفت طول ریشک (AWLD)، یک QTL برای صفت طول میانگره اول (INOD)، یک QTL برای صفت قطر پدانکل (TPDD)، یک QTL برای صفت قطر دانه (TGRD)، یک QTL برای صفت قطر ساقه (TSHD)، یک QTL برای صفت وزن کل گیاه (PLWD)، یک QTL برای صفت وزن برگها (TLAD)، یک QTL برای صفت تعداد گره (NNOD)، یک QTL برای صفت تعداد برگ (NLAD)، یک QTL برای صفت کل پنجه ها (TTID)، یک QTL برای صفت عملکرد بوته (YIDD) (جدول ۵).

برای صفت ارتفاع بوته، یک QTL (qHELD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۶,۴۵ سانتی مورگان و LOD=2.8836 و در فاصله نشانگرهای HVM67وHVM67 قرار داشت. اثر افزایشی ۴۸,۳۶۱۴- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۲/۲۸درصد از تغییرات ارتفاع گیاه را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. برای صفت طول ساقه یک QTL (qSHLD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۷,۳۲۴ سانتی مورگان و LOD=2.6561 و در فاصله نشانگرهای HVM67وCit7 قرار داشت. اثر افزایشی ۳۶,۴۰۲۶- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۵/۵۳درصد از تغییرات طول ساقه را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. سید و همکاران (Sayed et al., 2024) در پژوهشی بر روی یک جمعیت RIL جو، ۷۶ QTL برای صفات زراعی و مورفوفیزیولوژیک در محیط‌های خشک و نیمه‌خشک طی سه سال شناسایی نمودند. برای ارتفاع بوته QTLهایی روی H۱، H۵، H ۶ و H ۷گزارش شدند و LOD آنها حدود ۲,۶ تا ۶,۱ بود. به طوری که QTL واقع بر روی کروموزوم H ۱ با مقدار LOD برابر ۱/۴، حدود ۹/۱ درصد از واریانس فنوتیپی ارتفاع بوته را توجیه نمود.

برای صفت طول پدانکل، دو QTL (qSPLd-1 و qSPLd-6) بر روی کروموزوم های ۱ و ۶ که به ترتیب در موقعیت های ۶۵,۹۷ و ۴,۷۰۴۲ سانتی مورگان و LOD=3.6266 و LOD=3.5953 و در فاصله بین نشانگرهای Bmag0718 و Bmag0718 - ISSR38-6 و Bmac310 شناسایی شد. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۸,۹۱۴۴ و ۱۳,۲۰۷۸- سانتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۱/۰۶ و ۲۴/۲۸ درصد از تغییرات طول سنبله را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

جدول ۴- QTLهای مورد مطالعه در جمعیتF3 حاصل از تلاقی بادیا×کویر در مرحله زایشی و در شرایط نرمال

Table 4- QTLs studied in the F3 population derived from the Badia × Kavir cross at the reproductive stage under normal conditions

صفت Trait	QTL	نشانگرهای مجاور Flanking markers	کروموزوم Chromosome	LOD	موقعیت Position (cM)	اثرات افزایشی Additive effect	ضریب تبیین Coefficient of determination (%)	جهت اللی Allele direction
ارتفاع بوته Plant height	qHELN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.0535	29.69	96.926	18.436	Badia
	qHELN-6	Bmac310 and IRAP50-3	6	2.5433	13.105	99.8478	19.5643	Badia
طول ساقه Stem length	qSHLN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.864	29.69	75.6093	27.4356	Kavir
طول پدنکل Peduncle length	qPDLN-1	ISSR47-1 and ISSR47-1	1	2.6932	71.65	-14.8902	11.0131	Kavir
	qPDLN-6	Bmac310 and RAP50-3	6	3.5502	13.105	24.0785	28.7985	Badia
طول ریشک Awn length	qAWLN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	2.5667	29.69	14.8931	19.6009	Kavir
طول برگ پرچم Flag leaf length	qFLLN-5	ISSR38-4 and ISSR38-4	5	2.6296	27.69	7.9042	13.0151	Badia
طول میانگره First internode length	qINON-5	GMS001 and ISSR38-4	5	2.7159	26.795	6.6843	17.6547	Badia
قطر پدانکل Peduncle diameter	qTPDN-1	Bmag0718 and ISSR16-9	1	3.1905	66.835	-0.2685	13.3163	Kavir
	qTPDN-6	Bmac310 and IRAP50-3	6	4.1476	13.105	0.3767	26.2184	Badia
	qTPDN-7	ISSR29-6 and GBMS0111	7	3.3097	39.4433	0.2302	9.7932	Badia
قطر دانه Grain diameter	qTGRN-1a	HVM20 and IRAP50-1	1	3.0996	28.9312	-0.1992	15.661	Kavir
	qTGRN-1b	Bmag0718 and Bmag0718	1	3.2605	65.97	-0.1373	7.4443	Kavir
	qTGRN-6	ISSR38-6 and Bmac310	6	7.5934	7.5267	0.2803	31.0053	Badia
قطر ساقه Stem diameter	qTSHN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.0863	28.69	0.3747	15.9089	Badia
	qTSHN-7	HVM4 and HVM4	7	3.0963	84.26	0.3805	16.4058	Badia
وزن کل گیاه Total plant weight	qPLWN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.2958	29.69	0.5804	21.3617	Badia
	qPLWN-7	HVM4 and HVM4	7	3.7751	84.26	0.4406	12.3132	Badia
	qWSHN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	2.56	29.69	0.2451	17.7068	Badia

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

صفت Trait	QTL	نشانگرهای مجاور Flanking markers	کروموزوم Chromosome	LOD	موقعیت Position (cM)	اثرات افزایشی Additive effect	ضریب تبیین Coefficient of determination (%)	جهت اللی Allele direction
وزن ساقه Stem weight	qWSHN-7	HVM4 and HVM4	7	2.9684	84.26	0.187	10.3149	Badia
وزن سنبله Spike weight	qSPWN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.4997	29.69	0.2076	22.7954	Badia
	qSPWN-7	HVM4 and HVM4	7	3.3614	84.26	0.1433	10.863	Badia
وزن دانه در سنبله Grain weight per spike	qWGSN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.7205	29.69	0.1785	23.3523	Badia
	qWGSN-7	HVM4 and HVM4	7	4.1348	84.26	0.1334	13.0414	Badia
وزن برگ Leaf weight	qTLAN-2a	GBMS247 and GBMS247	2	4.738	52.39	0.1012	13.9954	Badia
	qTLAN-2b	ISSR30-5 and ISSR30-5	2	3.2281	62.81	-0.1148	17.9956	Kavir
	qTLAN-7	ISSR29-6 and ISSR29-6	7	3.4231	37.61	0.085	9.8624	Badia
تعداد دانه در سنبله Number of grains per spike	qGNSN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	3.9325	30.69	6.2762	25.8273	Badia
	qGNSN-7	HVM4 and HVM4	7	5.0306	84.26	4.8125	15.1855	Badia
تعداد گره Number of nodes	qNNON-1	ISSR47-1 and ISSR47-1	1	3.0142	71.65	-0.4151	13.9058	Kavir
تعداد برگ Number of leaves	qNLAN-1	ISSR47-1 and ISSR47-1	1	3.4161	71.65	-0.4115	15.804	Kavir
عرض برگ Flag leaf width	qTFLN-7	iPBS2221-1 and iPBS2221-1	7	2.9759	60.23	0.4955	14.312	Badia
تعداد پنجه Total tiller number	qTTHN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	5.0499	28.69	0.2981	22.6303	Badia
	qTTHN-7	ISSR48-2 and GMBS183	7	3.3715	67.0525	0.292	21.7198	Badia
عملکرد Grain yield per plant	qYIDN-5	ISSR38-4 and Bmag0113	5	4.8468	29.69	0.5043	29.0562	Badia
	qYIDN-7	HVM4 and HVM4	7	4.0143	84.26	0.3207	11.7501	Badia

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

برای صفت طول ریشک یک QTL (qAWLD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۶,۴۵سانتی مورگان و LOD=2.5059 و در فاصله نشانگرهای HVM67و HVM67 قرار داشت. اثر افزایشی ۶,۸۷۰۹- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۰/۷۶درصد از تغییرات طول ریشک را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. سامری و همکاران (Sameri *et al*., 2006) در مکان یابی صفات زراعی جمعیت اینبرد جو، سه QTL برای صفت طول ریشک شناسایی نمودند که یکی از آنها بر روی کروموزوم 3H با ۷۶ درصد از واریانس فنوتیپی صفت مربوطه را توجیه نمود. وانگ و همکاران (Wang *et al*., 2010) در ۹۲ لاین دابل هاپلوئید جو یک QTL برای صفت طول ریشک در کروموزوم شماره 3H که ۷۰ تا ۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی صفت مورد بحث را کنترل می کرد را شناسایی نمودند.

برای صفت طول میانگره اول یک QTL (qINOD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۷,۳۲۴ سانتی مورگان و LOD=2.611 و در فاصله نشانگرهای HVM67 و Cit7 قرار داشت. اثر افزایشی ۴,۰۱۹۳- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۵/۲۹ درصد از تغییرات طول میانگره اول را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. امانی داز و همکاران (Amani Daz et al., 2019)، در پژوهشی دو QTL برای صفت طول ساقه، یکQTL برای صفت تعداد ریشه، سهQTL برای صفت عرض برگ، یکQTL برای صفت وزن ساقه، سهQTL برای صفت سطح برگ، یک برای صفت QTLتراکم روزنه قبل تنش و یکQTL برای تراکم روزنه بعد تنش خشکی شناسایی نمودند.

برای صفت قطر پدانکل یک QTL(qTPDD-3) بر روی کروموزوم شماره ۳ در موقعیت ۵۳,۲۶ سانتی مورگان و LOD=3.9171 و در فاصله نشانگرهای ISSR45-1 و ISSR45-1 قرار داشت. اثر افزایشی ۰,۱۷۵۶- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۲۰/۰۷درصد از تغییرات قطر پدانکل را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. مختوم و همکاران (Makhtoum *et al*., 2022) در پژوهشی در گیاه جو بیشترین QTLها در شرایط نرمال را بر روی کروموزوم‌های ۱، ۵ و ۶ شناسایی نمودند. در حالیکه در شرایط تنش خشکی، چهار QTL اصلی را برای صفات قطر سنبله، وزن ریشک و وزن برگ پرچم (شامل qPPT-7، qAWW-7، qFLW-4a و qFLW-5) شناسایی نمودند. مختوم و همکاران (Makhtoum *et al*., 2022) در پژوهشی در جو، سه ناحیه اصلی QTL برای صفات مورفولوژی پدانکل روی کروموزوم‌های 2Hو ۳ Hشناسایی کردند. یکی از این نواحی روی 3Hاثر معنی‌داری بر ضخامت بافت‌های پدانکل و سطح مقطع آن داشت.

برای صفت قطر دانه، نیز سه QTL (qTGRD-2a و qTGRD-2b و qTGRD-4) بر روی کروموزوم های ۲ و ۲ و ۴ که به ترتیب در موقعیت های ۳۹,۸۴۵ و ۴۸,۱۹و ۳۶,۴۵ سانتی مورگان و LOD= 3.2852 و LOD=2.7773 و LOD=2.9192 در فاصله بین نشانگرهای ISSR13-5و GBMS160 - IRAP54-1 و IRAP54-1 و HVM67 و HVM67 شناسایی شد. اثر افزایشی این سه QTL به ترتیب ۰,۱۹۷- و ۰,۱۰۶۲و ۰,۱۰۶۹- سانتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۸/۸۲ و ۸/۳۷ و ۸/۴۸ درصد از تغییرات قطر دانه را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند. در یک مطالعه جامع روی اندازه و وزن دانه جو، QTLهای متعددی برای صفات مرتبط با اندازه دانه گزارش شد؛ برای مثال qGl2-1 (LOD=9.36–59.59) و qGl3-2 (LOD=5.54–10.08) برای طول دانه و qTgw3-2 (LOD=3.22–5.45) برای وزن هزار دانه شناسایی شدند. این‌QTL ها با qTGRD-2a، qTGRD-2b و qTGRD-4 شما متفاوت‌اند و بیشتر نشان‌دهنده وجود کنترل ژنتیکی گسترده برای اندازه و وزن دانه هستند (Wang et al., 2019).

برای صفت قطر ساقه، سه QTL (qTSHD-1 و qTSHD-2 وqTSHD-3) بر روی کروموزوم های ۱ و۲و ۳ که به ترتیب در موقعیت های ۶۵/۹۷ و ۴۳/۷۱و ۵۳/۲۶ سانتی مورگان و LOD= 3.206 و LOD=3.213 و LOD=2.715 در فاصله بین نشانگرهای Bmag0718 و Bmag0718 - GBMS160و GBMS160 و ISSR45-1و ISSR45-1 قرار

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

داشتند. اثر افزایشی این سه QTL به ترتیب ۰/۱۸۴ و ۰/۱۸۳- و ۰/۱۹۳- سانتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۰/۶۹ و ۱۰/۵۷ و ۱۱/۷۳ درصد از تغییرات قطر ساقه را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند.

برای صفت وزن کل گیاه یک QTL(qPLWD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۷,۳۲۴ سانتی مورگان و LOD=2.7375 و در فاصله نشانگرهای HVM67 و Cit7 قرار داشت. اثر افزایشی ۰,۲۹۰۵- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۵,۹۶۰۵ درصد از تغییرات وزن کل گیاه را در شرایط تنش خشکی توجیه کند.

برای صفت وزن برگها، دو QTL (qTLAD-1 و qTLAD-6) بر روی کروموزوم های ۱و ۶ که به ترتیب در موقعیت های ۶۵,۹۷ و ۵,۶۴۵ سانتی مورگان و LOD=2.7287 و LOD=4.507 و در فاصله بین نشانگرهای Bmag0718و Bmag0718 – و ISSR38-6و Bmac310 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۰۴ و ۰,۰۶۹۴- ساتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۸,۶۲ و ۲۵,۸۸ درصد از تغییرات وزن برگها را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند. در مطالعه مختوم و همکاران (Makhtoum *et al*., 2022)، هفت QTL شامل qLWS-2، qLWS-3، qLWS-4a، qLWS-4b، qLWS-5، qLWS-6وqLWS-7 برای صفت وزن برگ شناسایی شد. در میان آن‌ها، qLWS-4a و qLWS-4b به‌ترتیب دارای مقادیر LOD برابر با 5/21 و ۶۲/۳ بودند که بیانگر اثرات ژنتیکی قابل‌توجه این نواحی در کنترل وزن برگ است.

برای صفت تعداد گره، دو QTL (qNLAD-2 و qNLAD-4) بر روی کروموزوم های ۲ و ۴ که به ترتیب در موقعیت های ۴۸,۱۹ و ۳۷,۳۲۴ سانتی مورگان و LOD=3.1859 و LOD=5.016 و در فاصله بین نشانگرهای IRAP54-1 و IRAP54-1 – و HVM67 و Cit7 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۳۳۶۱ و ۰,۴۸۳۹- ساتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۱,۴۶ و ۲۳/۷۶ درصد از تغییرات تعداد گره را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند.

برای صفت تعداد برگ نیز دو QTL (qNLAD-2 و qNLAD-4) بر روی کروموزوم های ۲ و ۴ که به ترتیب در موقعیت های ۴۸,۱۹ و ۳۷,۳۲۴ سانتی مورگان و LOD=3.1607 و LOD=5.1957 و در فاصله بین نشانگرهای IRAP54-1 و IRAP54-1 – و HVM67 و Cit7 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۳۱۳۶ و ۰,۴۶۲۳- ساتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۱۱,۲۷ و ۲۴/۵۰ درصد از تغییرات تعداد برگ را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند.

برای صفت کل پنجه ها ۲ QTL (qTTID-6 و qTTID-7) بر روی کروموزوم های ۶ و ۷ که به ترتیب در موقعیت های۵/۶۴ و ۴۸/۳۳ سانتی مورگان و LOD=3.7723 و LOD=2.6951 و در فاصله بین نشانگرهای ISSR38-6، Bmac310 – ، ISSR30-4 و Bmag0135 قرار داشتند. اثر افزایشی این دو QTL به ترتیب ۰,۱۶۱۶- و ۰,۱۳۹- سانتی متر بوده و این QTL ها به ترتیب ۲۰/۸۸ و ۱۵/۴۴ درصد از تغییرات کل پنجه ها را در شرایط تنش خشکی توجیه کردند.

برای صفت عملکرد بوته یک QTL(qYIDD-4) بر روی کروموزوم شماره ۴ در موقعیت ۳۷/۳۳ سانتی مورگان و LOD=2.555 و در فاصله نشانگرهای HVM67 و Cit7 قرار داشت. اثر افزایشی ۰,۱۴۰- سانتی متر بوده و این QTL توانست ۱۵/۰۰ درصد از تغییرات عملکرد را در شرایط تنش خشکی توجیه کند. صبوری و همکاران (Sabouri *et al*., 2022) طی بررسی صفات مورفو-فنولوژیک در دو جمعیت RIL گندم ایرانی در مجموع، ۲۱ و ۱۳ جایگاه QTL به ترتیب برای ۱۱ و ۱۳ صفت در سال‌های ۲۰۲۰ و ۲۰۲۱ شناسایی شدند. در سال ۲۰۲۰، جایگاه‌های qGL-3D و qHI-1A به ترتیب برای صفات طول دانه و شاخص برداشت بر روی کروموزوم‌های D۳ و A۱ شناسایی شدند که هر یک بیش از ۲۰ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌کردند.

.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

جدول ۵- QTLهای مورد مطالعه در جمعیت F3 حاصل از تلاقی بادیا×کویر در مرحله زایشی و در شرایط خشکی

Table 5- QTLs studied in the F3 population derived from the Badia × Kavir cross at the reproductive stage under drought conditions

صفت Trait	QTL	نشانگرهای مجاور Flanking markers	کروموزوم Chromosome	LOD	موقعیت Position (cM)	اثرات افزایشی Additive effect	ضریب تبیین Coefficient of determination (%)	جهت اللی Allele direction
ارتفاع بونه Plant height	qHELD-4	HVM67 and HVM67	4	2.8836	36.45	-48.3614	12.2873	Kavir
طول ساقه Stem length	qSHLD-4	HVM67 and Cit7	4	2.6561	37.324	-36.4026	15.5353	Kavir
طول سنبله Spike length	qSPLd-1	Bmag0718 and Bmag0718	1	3.6266	65.97	8.9144	11.0615	Badia
	qSPLd-6	ISSR38-6 and Bmac310	6	3.5953	4.7042	-13.2078	24.2824	Badia
طول پدانکل Peduncle length	qPDLD-3	ISSR45-1 and ISSR45-1	3	3.4920	53.26	-11.1207	14.6774	Kavir
	qPDLD-6	ISSR38-6 and Bmac310	6	3.5093	4.7042	-12.6991	19.1396	Kavir
طول ریشک Awn length	qAWLD-4	HVM67 and HVM67	4	2.5059	36.45	-6.8709	10.7697	Badia
طول میانگره First internode length	qINOD-4	HVM67 and Cit7	4	2.6110	37.324	-4.0193	15.2985	Kavir
قطر پدانکل Peduncle diameter	qTPDD-3	ISSR45-1 and ISSR45-1	3	3.9171	53.26	-0.1756	20.0711	Kavir
قطر دانه Grain diameter	qTGRD-2a	ISSR13-5 and GBMS160	2	3.2852	39.845	-0.1970	28.8236	Kavir
	qTGRD-2b	IRAP54-1 and IRAP54-1	2	2.7773	48.19	0.1062	8.3732	Badia
	qTGRD-4	HVM67 and HVM67	4	2.9192	36.45	-0.1069	8.4810	Kavir
قطر ساقه	qTSHD-1	Bmag0718 and Bmag0718	1	3.2061	65.97	0.1845	10.6919	Badia

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

صفت Trait	QTL	نشانگرهای مجاور Flanking markers	کروموزوم Chromosome	LOD	موقعیت Position (cM)	اثرات افزایشی Additive effect	ضریب تبیین Coefficient of determination (%)	جهت اللی Allele direction
Stem diameter	qTSHD-2	GBMS160 and GBMS160	2	3.2138	43.71	-0.1835	10.5750	Kavir
	qTSHD-3	ISSR45-1 and ISSR45-1	3	2.7156	53.26	-0.1934	11.7396	Kavir
وزن کل گیاه Total plant weight	qPLWD-4	HVM67 and Cit7	4	2.7375	37.324	-0.2905	15.9605	Badia
وزن برگ Leaf weight	qTLAD-1	Bmag0718 and Bmag0718	1	2.7287	65.97	0.0400	8.6225	Badia
	qTLAD-6	ISSR38-6 and Bmac310	6	4.5070	5.645	-0.0694	25.8807	Kavir
تعداد گره Number of nodes	qNNOD-2	IRAP54-1 and IRAP54-1	2	3.1859	48.19	0.3361	11.4678	Badia
	qNNOD-4	HVM67 and Cit7	4	5.0160	37.324	-0.4839	23.7631	Kavir
تعداد برگ Number of leaves	qNLAD-2	IRAP54-1 and IRAP54-1	2	3.1607	48.19	0.3136	11.2742	Badia
	qNLAD-4	HVM67 and Cit7	4	5.1957	37.324	-0.4623	24.5074	Kavir
تعداد پنجه Total tillers	qTTID-6	ISSR38-6 and Bmac310	6	3.7733	5.645	-0.1616	20.8845	Kavir
	qTTID-7	ISSR30-4 and Bmag0135	7	2.6951	48.338	-0.1390	15.4451	Kavir
عملکرد Plant yield	qYIDD-4	HVM67 and Cit7	4	2.5550	37.324	-0.1406	15.0036	Kavir

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

در سال ۲۰۲۱ نیز جایگاه‌های qNT-5B، qNTS-2D و qSL-1D به ترتیب بر روی کروموزوم‌های B۵، D۲ و D۱ با مقادیر LOD برابر با ۴،۰۵، ۴،۱۳ و ۳،۸۹ شناسایی گردیدند. نرجسی و همکاران (Narjesi *et al*., 2015) در جمعیتی شامل ۱۷۹ لاین خالص نوترکیب حاصل از تلاقی Attila/Kauz × Karchia، ۲۹ QTL تکرارپذیر را برای ۱۰ صفت در شرایط نرمال و تنش شوری شناسایی کردند. پنج QTL تکرارپذیر برای عملکرد دانه (GY) بر روی کروموزوم‌های 2B، D۵، B ۶و A ۷شناسایی شد. در شرایط تنش شوری، QTLهای عملکرد دانه روی کروموزوم‌های 5Dو B ۶ به‌ترتیب 12/4و ۵/۱۰ درصد از واریانس فنوتیپی عملکرد دانه را توجیه کردند. همچنین، QTLهای عملکرد دانه روی کروموزوم‌های B ۲و B ۶باQTL های کنترل‌کننده تعداد دانه و وزن دانه در سنبله هم‌مکان بودند که بیانگر نقش نواحی ژنومی مشترک در کنترل عملکرد و اجزای آن تحت شرایط تنش است.

داناگوند و همکاران (Dhanagond *et al*., 2019) با مقایسه شرایط تنش خشکی و آبیاری مطلوب و با در نظر گرفتن مراحل مختلف رشد، QTLهای مرتبط با زیست‌توده و تعداد پنجه را بهQTL های پایدار، سازگار با خشکی و سازگار با مرحله بازیابی طبقه‌بندی کردند. نتایج نشان داد که اثر فنولوژی بر تشکیل زیست‌توده در شرایط خشکی افزایش می‌یابد و نواحی ژنومی مرتبط با ژن‌های Dhn4، Dhn7، Dhn8، Dhn9 و آکواپورین‌هایی مانند HvPIP1;5، HvPIP2;7و HvTIP2;1در سازگاری به خشکی نقش دارند. همچنین، ناحیه HvPPD-H1به‌عنوان یکی از مهم‌ترین نواحی QTL در مرحله بازیابی برای زیست‌توده و ناحیه HvDIMبه‌عنوان یک QTL مهم پایدار برای زیست‌توده دیرهنگام شناسایی شد. در مورد تعداد پنجه نیز مهم‌ترین QTL پایدار در ناحیه 6HSو در مجاورت ژن 1-FEHقرار داشت. این یافته‌ها نشان می‌دهد کهQTL های وابسته به مرحله رشد و تحمل خشکی می‌توانند با تغییر معماری بوته و تجمع زیست‌توده، در پایداری تعداد پنجه و در نهایت عملکرد دانه تحت شرایط تنش خشکی نقش داشته باشند.

نتیجه گیری کلی

بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش و شناساییQTL های دارای اثر افزایشی مثبت و منفی، می‌توان استنباط کرد که آلل‌های مطلوب کنترل‌کننده صفات مورد مطالعه از هر دو والد به نتاج منتقل شده‌اند. ازاین‌رو، والدین مورد استفاده در این مطالعه می‌توانند به‌عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند در برنامه‌های اصلاحی جو، به‌ویژه در راستای بهبود صفات مرتبط با رشد، اجزای عملکرد و تحمل به تنش خشکی، مورد توجه قرار گیرند. همچنین، برخی ازQTL های شناسایی‌شده با توجه به سهم بالاتر در تبیین تغییرات فنوتیپی صفات، در گروهQTL های بزرگ‌اثر قرار گرفتند. این جایگاه‌ها می‌توانند از اهمیت ویژه‌ای در برنامه‌های اصلاحی برخوردار باشند و نشانگرهای پیوسته با آن‌ها می‌توانند در انتخاب به کمک نشانگر (MAS) برای گزینش افراد برتر و توسعه لاین‌های مطلوب و متحمل به تنش خشکی مورد استفاده قرار گیرند. در شرایط نرمال رشد، در مجموع QTL 36برای ۲۰ صفت شناسایی شد. این QTL ها شامل ۲ QTL برای ارتفاع بوته، ۱ QTL برای طول ساقه، ۲ QTLبرای طول پدانکل، ۱ QTL برای طول ریشک، ۱ QTL برای طول برگ پرچم، ۱ QTL برای طول اولین میانگره، ۳ QTLبرای قطر پدانکل، ۳ QTL برای قطر دانه، ۲ QTL برای قطر ساقه، ۲ QTL برای وزن کل بوته، ۲ QTL برای وزن ساقه، ۲ QTL برای وزن سنبله، ۲ QTL برای وزن دانه در سنبله، ۳ QTL برای وزن برگ‌ها، ۲ QTL برای تعداد دانه در سنبله، ۱ QTL برای تعداد گره، ۱ QTL برای تعداد برگ، ۱ QTL برای عرض برگ پرچم، ۲ QTL برای تعداد کل پنجه‌ها و ۲ QTL برای عملکرد بوته بود.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

در شرایط تنش خشکی نیز در مجموع 25 QTL برای ۱۵ صفت شناسایی شد که شامل ۱ QTL برای ارتفاع بوته (HELD)، ۱ QTL برای طول ساقه(SHLD)، ۲ QTL برای طول سنبله(SPLD)، ۲ QTL برای طول پدانکل(PDLD)، ۱ QTL برای طول ریشک(AWLD)، ۱ QTL برای طول اولین میانگره(INOD)، ۱ QTL برای قطر پدانکل(TPDD)، ۱ QTL برای قطر دانه(TGRD)، ۱ QTL برای قطر ساقه(TSHD)، ۱ QTL برای وزن کل بوته(PLWD)، ۱ QTL برای وزن برگ‌ها (TLAD)، ۱ QTL برای تعداد گره(NNOD)، ۱ QTL برای تعداد برگ(NLAD)، ۱ QTL برای تعداد کل پنجه‌ها (TTID) و ۱ QTL برای عملکرد بوته (YIDD) بود. در مجموع، شناسایی‌QTL های متعدد در هر دو شرایط نرمال و تنش خشکی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل‌توجه برای صفات مورد مطالعه و پیچیدگی ژنتیکی کنترل این صفات در جو است. حضورQTL های مشترک یا پایدار در شرایط مختلف می‌تواند بیانگر نقش مهم این نواحی ژنومی در کنترل پایدار صفات باشد، در حالی‌کهQTL هایی که تنها تحت شرایط تنش خشکی شناسایی شدند، می‌توانند با پاسخ اختصاصی گیاه به کمبود آب و سازوکارهای سازگاری به تنش مرتبط باشند. بنابراین، بررسی هم‌زمانQTL ها در شرایط نرمال و تنش، امکان تفکیک نواحی ژنومی عمومی از نواحی مرتبط با پاسخ به تنش را فراهم می‌کند و اطلاعات ارزشمندی برای شناخت اساس ژنتیکی تحمل خشکی در جو در اختیار قرار می‌دهد. از سوی دیگر، شناسایی‌QTL های مرتبط با صفات مختلف، به‌ویژه صفات مؤثر بر عملکرد و اجزای آن، می‌تواند زمینه مناسبی برای بهره‌گیری از روش‌های انتخاب به کمک نشانگر فراهم سازد. استفاده هم‌زمان از نشانگرهای مرتبط باQTL های مؤثر و صفات فنوتیپی مطلوب می‌تواند دقت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را افزایش داده و روند انتقال آلل‌های مطلوب به نسل‌های اصلاحی را تسریع کند. در نهایت، نتایج این پژوهش می‌تواند به‌عنوان مبنایی برای مطالعات تکمیلی با هدف اعتبارسنجی‌QTL های شناسایی‌شده در جمعیت‌ها و محیط‌های مستقل و همچنین شناسایی ژن‌های کاندید مرتبط با تحمل خشکی در جو مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

Ahmadi-Ochtapeh, H., Soltanloo, H., Ramezanpour, S.S., Naghavi, M.R., Nikkhah, H.R., Yoosefi Rad, S. 2015. QTL mapping for salt tolerance in barley at seedling growth stage. Biologia Plantarum, 59(2): 283-290.

Amani Daz, P., Hosseini Moghaddam, H., Sabouri, H., Gholamalipour Alamdari, E., Hosseini, S.M., Sanchouli, S. 2019. Mapping of QTLs related to morphophysiological traits in rice seedling (*Oryza sativa* L.) under drought condition. Journal of Crop Science and Biotechnology, 9: 21-35.

Amarawathi, Y., Singh, R., Singh, A.K., Singh, V.P., Mohapatra, T., Sharma, T.R., Singh, N.K. 2008. Mapping of quantitative trait loci for basmati quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). Molecular Breeding, 21: 49-65.

Baidyussen, A., Khassanova, G., Utebayev, M., Jatayev, S., Kushanova, R., Khalbayeva, Sh., Amangeldiyeva, A., Yerzhebayeva, R., Bulatova, K., Schramm, C., Anderson, P., Jenkins, L.D., Soole, K.L., Shavrukov, Y. 2024. Assessment of molecular markers and marker-assisted selection for drought tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Integrative Agriculture, 23(1): 20-38.

Dai, F., Zhang, G. 2016. Domestication and improvement of cultivated barley. In: Exploration, Identification and Utilization of Barley Germplasm. 1-26.

Dhanagond, S., Liu, G., Zhao, Y., Chen, D., Grieco, M., Reif, J., Kilian, B., Graner, A., Neumann, K. 2019. Non-invasive phenotyping reveals genomic regions involved in pre-anthesis drought tolerance and recovery in spring barley. Frontiers in Plant Science, 10: 1307.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

Fakheri, B., Khalegh Babaki, A. 2014. Mapping of genomic areas controlling the physiological and morphological traits associated with germination of bread wheat in normal condition and osmotic stress. Iranian Journal of Crop Science, 45(1): 119-133.

George, A., Murali, R., Jolly, G.E., Jincy, M. 2025. Drought stress on barley crop: A review. Agricultural Reviews, 46(6): 858-867.

Guo, P., Baum, M., Grando, S., Ceccarelli, S., Bai, G., Li, R., Valkoun, J. 2009. Differentially expressed genes between drought-tolerant and drought-sensitive barley genotypes in response to drought stress during the reproductive stage. Journal of Experimental Botany, 60: 3531-3544.

Hu, W.J., Li, D.S., Yi, X., Zhang, C.M., Zhang, Y. 2022. Molecular mapping and validation of quantitative trait loci for spike-related traits and plant height in wheat. Acta Agronomica Sinica, 48(6): 1346-1356.

Kaviani Charati, A., Sabouri, H., Fallahi, H.A., Jorjani, E. 2019. QTL mapping of agronomical traits in barley. Breeding of Agronomic and Horticultural Crops, 4: 227-237.

Khalili, M., Mohammadian, R. 2016. Identifying QTLs associated with salinity tolerance in early stages of barley germination. Crop Biotechnology, 13: 41-55.

Kosambi, D.D. 1943. The estimation of map distances from recombination values. Annals of Eugenics, 12(1): 172-175.

Liller, C.B., Walla, A., Boer, M.P., Hedley, P., Macaulay, M., Effgen, S., von Korff, M., van Esse, G.W., Koornneef, M. 2017. Fine mapping of a major QTL for awn length in barley using a multiparent mapping population. Theoretical and Applied Genetics, 130(2): 269-281.

Loresto, G.C., Chang, T.T. 1981. Decimal scoring system for drought reactions and recovery ability in screening nurseries of rice. International Rice Research Newsletter, 6(2): 9-10.

Makhtoum, S., Sabouri, H., Gholizadeh, A., Ahangar, L., Katouzi, M. 2022. QTLs controlling physiological and morphological traits of barley (*Hordeum vulgare* L.) seedlings under salinity, drought, and normal conditions. BioTech, 11(3): 26.

Makhtoum, S., Sabouri, H., Gholizadeh, A., Ahangar, L., Katouzi, M., Mastinu, A. 2022. Mapping of QTLs controlling barley agronomic traits (*Hordeum vulgare* L.) under normal conditions and drought and salinity stress at reproductive stage. Plant Gene, 31: 100375.

Moursi, Y., Thabet, S., Amro, A., Dawood, M. 2020. Detailed genetic analysis for identifying QTLs associated with drought tolerance at seed germination and seedling stages in barley. Plants, 9(11): 10-24.

Narjesi, V., Mardi, M., Afzali, E., Hervan, M., Azadi, A., Bihamta, M., Naghavi, M.R., Ebrahimi, M., Abbas, Z., Zali, A. 2015. Analysis of quantitative trait loci (QTL) for grain yield and agronomic traits in wheat (Triticum aestivum L.) under normal and salt-stress conditions. Plant Molecular Biology Reporter, 33.

Naseri, R., Cheghamirza, K., Zarei, L., Mohammadi, R., Beheshti Aleagha, A. 2023. Localization genes controlling traits related to flag-leaf and peduncle in durum wheat. Cereal Biotechnology and Biochemistry, 1: 42-63.

Patade, V.Y., Maya, K., Zakwan, A. 2011. Seed priming mediated germination improvement and tolerance to subsequent exposure to cold and salt stress in capsicum. Research Journal of Seed Science, 4: 125-136.

Rahimi, M., Abrahimpour, F., Eshghi, R. 2013. Inheritance and QTL mapping of agronomic traits in barley. Crop Biotechnology, 2: 35-48.

Ren, X., Jiang, H., Yan, W., Chen, Y., Zhou, Y., Dai, S., Huang, W., Lei, Y., Yan, S., Zhang, X., Jiang, Y. 2016. QTL underlying some agronomic traits in barley detected by SNP markers. BMC Genetics, 17: 107.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]

Sabouri, H., Alegh, S.M., Sahranavard, N., Sanchouli, S. 2022. SSR linkage maps and identification of QTL controlling morpho-phenological traits in two Iranian wheat RIL populations. BioTech, 11: 32.

Saghai-Maroof, M.A., Zhang, Q., Allard, R.W. 1990. Genetic diversity and ecogeographical differentiation among ribosomal DNA alleles in wild and cultivated barley. Proceedings of the National Academy of Sciences, 87(21): 8486-8490.

Sameri, M., Takeda, K., Komatsuda, T. 2006. Quantitative trait loci controlling agronomic traits in recombinant inbred lines from a cross of Oriental- and Occidental-type barley cultivars. Breeding Science, 56(3): 243-252.

Sayed, M.A., Al-Yassin, A., Ceccarelli, S., Grando, S., Stotz, U., Fitt, B.D.L., Baum, M. 2024. Mapping of quantitative trait loci for agronomic and morpho-physiological traits under drought environments in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). Plant Breeding, 143(5): 608-628.

Sharifi, S., Mohammadi Ghaleni, M. 2022. Impact of drought on rainfed wheat and barley yields across different climates in Iran. Irrigation and Drainage, 16(5): 1010-1025.

Taghizadeh, M., Sabouri, H., Hosseini Moghaddam, H., Fallahi, H.A., Katouzi, M. 2018. Mapping QTLs associated with barley seed germination traits under normal and drought stress conditions. Iranian Journal of Seed Science and Technology, 8: 227-232.

Wang, G., Schmalenbach, I., von Korff, M., Léon, J., Kilian, B., Rode, J., Pillen, K. 2010. Association of barley photoperiod and vernalization genes with QTLs for flowering time and agronomic traits in a BC_2 DH population and a set of wild barley introgression lines. Theoretical and Applied Genetics, 120: 1559-1574.

Wang, J., Yang, J., McNeil, D., Zhou, 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, Q., Sun, G., Ren, X., Du, B., Cheng, Y., Wang, Y., Li, C., Sun, D. 2019. Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. Frontiers in Plant Science, 10: 469.

Xue, D.W., Chen, M.C., Zhou, M.X., Chen, S., Mao, Y., Zhang, G.P. 2008. QTL analysis of flag leaf in barley (*Hordeum vulgare* L.) for morphological traits and chlorophyll content. Journal of Zhejiang University Science B, 9(11): 938-944.

[Downloaded from arpe.gonbad.ac.ir on 2026-09-14]