



## Genetic structure of agronomical traits in barley lines (*Hordeum vulgare* L.) caused Badia and Komino crosses

Naimeh Vahedi<sup>1</sup>, Hossein Sabouri<sup>1</sup>, Fakhtak Taliei<sup>1</sup>, Mehdi Asri<sup>2</sup>, Zahra Pezeshkian<sup>3</sup> & Hojjat Ghorbani Vaghei<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran.

<sup>2</sup> Department of Physics, Faculty of Basic Sciences, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran.

<sup>3</sup> Inland Aquaculture Research Institute, Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Iran.

✉ Corresponding author. E-mail: [hossein.sabouri@gonbad.ac.ir](mailto:hossein.sabouri@gonbad.ac.ir)

### ABSTRACT

**Introduction:** Barley (*Hordeum vulgare* L.) ranks as the fifth most important crop globally in terms of cultivated area, following wheat, maize, rice, and soybean. This diploid plant with seven chromosomes serves as a vital resource for animal feed, human consumption, and the malting industry. Despite previous studies, limited information exists regarding the genetic diversity of Iranian barley cultivars. The main objective of this research was to map genes affecting key agronomic traits in 99 homozygous recombinant inbred lines (RILs) of the F<sub>9</sub> generation derived from a cross between two local cultivars, Badia and Comino, to provide a foundation for marker-assisted breeding in barley improvement programs.

**Materials and methods:** This research was conducted during the 2022-2023 cropping season at the research farm of Gonbad Kavous University (Golestan Province, Iran). The plant materials consisted of 99 recombinant inbred lines (RILs) from the F<sub>9</sub> generation derived from a cross between two local cultivars, Badia and Comino. The experiment was carried out using an alpha-lattice design with three replications. Thirteen agronomic traits were measured, including plant height (PH), total number of spikes per plant (TNS), total weight of spikes per plant (TWS), single spike weight (SPW), spike length (SL), awn length (AL), awn weight (AW), total weight of awns (TWA), grain number per spike (GNS), grain length (GL), grain width (GW), grain weight per spike (GSW), and grain yield (YLD). For linkage map construction, 155 SSR markers, 20 ISSR markers, 7 IRAP markers, 30 CAAT markers, 26 SCoT markers, 90 RAPD markers, 73 IJS markers, and 90 iPBS markers were utilized. The linkage map was constructed using Map Manager QTX17 software with the Kosambi mapping function and a LOD threshold of 2.5. QTL mapping was performed using QTL.gCIMapping.GUI v2.0 software with the Composite Interval Mapping (CIM) method and a LOD threshold of 2.5.

**Results:** Analysis of variance for the measured traits revealed significant differences among the lines for all traits. Strong positive correlations were observed between plant height and total weight of spikes per plant (0.714), single spike weight (0.712), spike length (0.793), grain weight per spike (0.711), grain number per spike (0.806), and grain yield (0.697). The linkage map spanned a total length of 999.2 cM, distributed across seven barley chromosomes ranging from 163.2 to 191.3 cM. The inter-marker distance ranged from 1.84 to 2.85 cM. A total of 10 significant QTLs were identified on chromosomes 3, 4, 6, and 7. Among these regions, *qTNS-4* with a LOD of 2.66 and R<sup>2</sup> = 8.86% exhibited a negative additive effect originating from the Badia parent. Additionally, *qGNS-6* showed positive additive effects with a LOD of 3.63 and R<sup>2</sup> = 21.58%. The *qGL-3* region was identified with a LOD of 4.40 and R<sup>2</sup> = 25.04%, displaying a negative effect derived from the Comino parent. The QTLs *qTWS-3* with a LOD of 3.74 and R<sup>2</sup> = 28.28%, and *qYIELD-3* with a LOD of 3.68 and R<sup>2</sup> = 28.05%, both exhibited positive additive effects from the Comino parent and explained more than 28% of the phenotypic variation. Furthermore, *qPH-4* with a LOD of 3.47 and R<sup>2</sup> = 21.76%, and *qAL-6* with a LOD of 2.74 and R<sup>2</sup> = 21.55% demonstrated positive additive effects.

**Conclusion:** The present study identified significant genomic loci for important agronomic traits in barley. The markers EBmacc0009, D10-A, IIS25-A, HVM27, ET15-32-B, CAAT7-A, and MGB371, which are associated with these important QTLs, possess high potential for application in future barley breeding programs. Additionally, the superior Lines 80, 95, and 96 were introduced as promising germplasm resources for developing high-yielding barley cultivars. These findings provide a preliminary and efficient genetic framework for improving yield components in barley through targeted breeding approaches.

**Keywords:** Marker-assisted selection, Barley (*Hordeum vulgare* L.), Agronomic traits, QTL mapping.

**Article Type:** Research Article

**Article history:** Received: 23 May 2025, Revised: 17 Jul 2025, Accepted: 02 Sep 2025, Published online: 25 Sep 2025

**Cite this article:** Vahedi, N., Sabouri, H., Taliei, F., Asri, M., Pezeshkian, Z. & Ghorbani Vaghei, H. (2025). Genetic structure of agronomical traits in barley lines (*Hordeum vulgare* L.) caused Badia and Komino crosses. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 4(3), 295-316. DOI: [10.22126/cbb.2026.13498.1131](https://doi.org/10.22126/cbb.2026.13498.1131)





# بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات



شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳

بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

Homepage: <https://cbb.razi.ac.ir>

## ساختار ژنتیکی صفات زراعی لاین‌های جو (*Hordeum vulgare L.*) حاصل از تلاقی بادیا و کومینو

نعیمه واحدی<sup>۱</sup>، حسین صبوری<sup>۱</sup>، فاختک طلیعی<sup>۱</sup>، مهدی عصری<sup>۲</sup>، زهرا پزشکیان<sup>۳</sup>، حجت قربانی واقعی<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup>، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران.

<sup>۲</sup> گروه فیزیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران.

<sup>۳</sup> پژوهشکده آبروی پروری آبهای داخلی، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات و ترویج کشاورزی، ایران.

نویسنده مسئول: رایانامه: [hossein.sabouri@gonbad.ac.ir](mailto:hossein.sabouri@gonbad.ac.ir)

### چکیده

**مقدمه:** جو (*Hordeum vulgare L.*) از نظر سطح زیر کشت، پس از گندم، ذرت، برنج و سویا، به‌عنوان پنجمین محصول مهم در جهان شناخته می‌شود. این گیاه دیپلوئید با هفت کروموزوم، منبع مهمی برای تغذیه دام، مصرف انسانی و صنعت مالت‌سازی به‌شمار می‌رود. علی‌رغم مطالعات پیشین، اطلاعات محدودی در خصوص تنوع ژنتیکی ارقام ایرانی جو وجود دارد. هدف اصلی این تحقیق، نقشه‌یابی ژن‌های مؤثر بر صفات زراعی کلیدی در ۹۹ لاین نوترکیب هموزیگوت نسل F<sub>۲</sub> حاصل از تلاقی دو رقم بومی بادیا و کومینو بود تا زمینه‌ای برای اصلاح مبتنی بر نشانگر در برنامه‌های به‌زادای جو فراهم گردد.

**مواد و روش‌ها:** این تحقیق در فصل زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه گنبد کاووس (استان گلستان، ایران) انجام شد. مواد گیاهی شامل ۹۹ لاین درون زاد نوترکیب (RIL) از نسل F<sub>۲</sub> حاصل از تلاقی دو رقم بومی بادیا و کومینو بودند. آزمایش در قالب طرح آلفا لاتیس با سه تکرار اجرا شد. سیزده صفت زراعی شامل ارتفاع بوته (PH)، تعداد سنبله در بوته (TNS)، وزن سنبله در بوته (TWS)، وزن یک سنبله (SPW)، طول سنبله (SL)، طول ریشک (AL)، وزن ریشک (AW)، وزن کل ریشک‌ها (TWA)، تعداد دانه در سنبله (GNS)، طول دانه (GL)، عرض دانه (GW)، وزن دانه در یک سنبله (GSW) و عملکرد دانه (YLD) اندازه‌گیری شدند. برای ترسیم نقشه پیوستگی، از ۱۵۵ نشانگر SSR، ۲۰ نشانگر ISSR، ۷ نشانگر IRAP، ۳۰ نشانگر CAAT، ۲۶ نشانگر SCoT، ۹۰ نشانگر RAPD، ۷۳ نشانگر IJS و ۹۰ نشانگر iPBS استفاده شد. نقشه پیوستگی با استفاده از نرم‌افزار Map Manager QTX17، تابع کرآمی و آستانه LOD برابر ۲/۵ ترسیم گردید. مکان‌یابی QTLها با استفاده از نرم‌افزار QTL، gCIMapping، GUI v2.0 با روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) و آستانه LOD برابر ۲/۵ انجام گرفت.

**مواد و روش‌ها:** تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات نشان داد بین لاین‌ها از نظر همه صفات، تفاوت معنی‌داری وجود دارد. همبستگی‌های مثبت قوی بین ارتفاع بوته و وزن سنبله در بوته (۰/۷۱۴)، وزن یک سنبله (۰/۷۱۲)، طول سنبله (۰/۷۹۳)، وزن دانه در یک سنبله (۰/۷۱۱)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۰۶) و عملکرد دانه (۰/۶۹۷) مشاهده شد. نقشه پیوستگی به طول ۹۹۹/۲ سانتی‌مورگان تشکیل شد که در هفت کروموزوم جو بین ۱۶۳/۲ تا ۱۹۱/۳ سانتی‌مورگان متغیر بود. فاصله بین نشانگرها نیز در محدوده ۲/۸۵ تا ۱۱/۸۴ سانتی‌مورگان بود. در مجموع ۱۰ جایگاه ژنی (QTL) معنی‌دار بر روی کروموزوم‌های ۳، ۴، ۶ و ۷ شناسایی شد. از میان این نواحی، QTLqTNS-4 با LOD برابر با ۲/۶۶ و R<sup>2</sup> = ۸۶٪ دارای اثر افزایشی منفی منشأ گرفته از والد بادیا بود. همچنین QTL qGNS-6 دارای اثرات افزایشی مثبت با LOD برابر با ۳/۶۳ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۵۸٪ ناحیه qGL-3 با LOD برابر با ۴/۴۰ و R<sup>2</sup> = ۲۵/۰۴٪ دارای اثر منفی ناشی از والد کومینو شناسایی شد. QTL های qTWS-3 با LOD برابر با ۳/۷۴ و R<sup>2</sup> = ۲۸/۲۸٪ و qYIELD-3 با LOD برابر با ۳/۶۸ و R<sup>2</sup> = ۲۸/۰۵٪ نیز هر دو دارای اثرات منفی مثبت از والد کومینو بوده و بیش از ۲۸ درصد از تغییرپذیری فنوتیپی را تبیین نمودند. علاوه بر این، QTL های qPH-4 با LOD برابر با ۳/۴۷ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۷۶٪ و qAL-6 با LOD برابر با ۲/۷۴ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۵۵٪ اثرات افزایشی مثبت نشان دادند.

**یافته‌ها:** تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات نشان داد بین لاین‌ها از نظر همه صفات، تفاوت معنی‌داری وجود دارد. همبستگی‌های مثبت قوی بین ارتفاع بوته و وزن سنبله در بوته (۰/۷۱۴)، وزن یک سنبله (۰/۷۱۲)، طول سنبله (۰/۷۹۳)، وزن دانه در یک سنبله (۰/۷۱۱)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۰۶) و عملکرد دانه (۰/۶۹۷) مشاهده شد. نقشه پیوستگی به طول ۹۹۹/۲ سانتی‌مورگان تشکیل شد که در هفت کروموزوم جو بین ۱۶۳/۲ تا ۱۹۱/۳ سانتی‌مورگان متغیر بود. فاصله بین نشانگرها نیز در محدوده ۲/۸۵ تا ۱۱/۸۴ سانتی‌مورگان بود. در مجموع ۱۰ جایگاه ژنی (QTL) معنی‌دار بر روی کروموزوم‌های ۳، ۴، ۶ و ۷ شناسایی شد. از میان این نواحی، QTLqTNS-4 با LOD برابر با ۲/۶۶ درصد و R<sup>2</sup> = ۸۶٪ دارای اثر افزایشی منفی منشأ گرفته از والد بادیا بود. همچنین QTL qGNS-6 دارای اثرات افزایشی مثبت با LOD برابر با ۳/۶۳ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۵۸٪ ناحیه qGL-3 با LOD برابر با ۴/۴۰ و R<sup>2</sup> = ۲۵/۰۴٪ دارای اثر منفی ناشی از والد کومینو شناسایی شد. QTL های qTWS-3 با LOD برابر با ۳/۷۴ و R<sup>2</sup> = ۲۸/۲۸٪ و qYIELD-3 با LOD برابر با ۳/۶۸ و R<sup>2</sup> = ۲۸/۰۵٪ نیز هر دو دارای اثرات منفی مثبت از والد کومینو بوده و بیش از ۲۸ درصد از تغییرپذیری فنوتیپی را تبیین نمودند. علاوه بر این، QTL های qPH-4 با LOD برابر با ۳/۴۷ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۷۶٪ و qAL-6 با LOD برابر با ۲/۷۴ و R<sup>2</sup> = ۲۱/۵۵٪ اثرات افزایشی مثبت نشان دادند.

**نتیجه‌گیری:** مطالعه حاضر، مکان‌های ژنی معنی‌داری را برای صفات زراعی مهم در گیاه جو شناسایی کرده است. نشانگرهای HVM27، IJS25-A، D10-A، EBmacc0009، MGB371 و CAAT7-A، ET15-32-B با این QTL های مهم در ارتباط هستند، پتانسیل بالایی برای بکارگیری در برنامه‌های اصلاحی آینده جو دارند. همچنین لاین‌های برتر ۸۰، ۹۵ و ۹۶ به‌عنوان منابع ژرم پلاسمی امیدوارکننده برای توسعه ارقام پرمحصول جو معرفی گردید. این یافته‌ها یک چارچوب ژنتیکی اولیه و کارآمد را برای ارتقای اجزای عملکردی در جو از طریق اصلاحات هدفمند فراهم می‌آورد.

**واژه‌های کلیدی:** انتخاب به کمک نشانگر، جو (*Hordeum vulgar L.*)، صفات زراعی، مکان‌یابی QTL.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

نوع مقاله: دریافت: ۱۴۰۴/۳/۰۲، اصلاح: ۱۴۰۴/۴/۲۶، پذیرش: ۱۴۰۴/۶/۱۱، انتشار آنلاین: ۱۴۰۴/۷/۰۳

استناد: واحدی، ن.، صبوری، ح.، طلیعی، ف.، عصری، م.، پزشکیان، ز. و قربانی واقعی، ح. (۱۴۰۴). ساختار ژنتیکی صفات زراعی لاین‌های جو (*Hordeum vulgare L.*) حاصل از تلاقی

بادیا و کومینو. *بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات*، ۳(۲)، ۱۵۳-۱۶۹. DOI: [10.22126/cbb.2026.13498.1131](https://doi.org/10.22126/cbb.2026.13498.1131)



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

## مقدمه

(Bohar *et al.*, 2020; Saradadevi *et al.*, 2021).

این نشانگرها به‌عنوان پرچم‌های ژنتیکی عمل می‌کنند که به ردیابی وراثت صفات در بین جمعیت‌ها کمک می‌کنند. فرایند مکان‌یابی QTL به‌طور معمول شامل ایجاد جمعیت‌های نوترکیب، مانند لاین‌های خالص نوترکیب (RILs<sup>2</sup>)، از والدینی با صفات متضاد است و پس از آن، تجزیه و تحلیل جداسازی صفات فنوتیپی و نشانگرهای مولکولی انجام می‌شود (Kosová *et al.*, 2019). هنگامی که QTL‌ها شناسایی می‌شوند، می‌توانند اثرات مثبت و منفی داشته باشند، که نشان می‌دهد نشانگرهای مفید می‌توانند از والدین مختلف به ارث برسند. این ویژگی، آن‌ها را به ابزارهای ارزشمندی برای برنامه‌های اصلاح نژاد تبدیل می‌کند (Makhtoum *et al.*, 2022).

وانگ و همکاران (۲۰۱۷) در مطالعه خود ۱۲۲ لاین دابل هاپلوئید حاصل از تلاقی بین دو رقم جو Huaai 11 و Huadamai 6 را در دانشگاه کشاورزی هوژونگ چین مورد بررسی قرار دادند (Wang *et al.*, 2017). در این مطالعه، ۲۱ صفت در یک جمعیت هاپلوئید مضاعف جو که در شرایط هیدروپونیک که حاوی محلول مغذی اصلاح شده هوگلند رشد کرده بودند، بررسی و ویژگی-هایی چون سن برگ، حداکثر طول ریشه، ارتفاع ساقه، وزن جوانه تازه و تعداد ریشه اصلی را در روزهای ۱۳، ۲۰، ۲۷ و ۳۴ بعد از جوانه‌زنی اندازه‌گیری گردید. شناسایی مکان‌های ژنی QTL‌های کنترل‌کننده این صفات با کمک

جو (*Hordeum vulgare* L.) جزء غلات مهمی است که حدود ۱۰ هزار سال قدمت دارد؛ گیاهی خودگشن است و ژنوم آن دیپلوئید و هفت کروموزوم دارد (Sato, 2020). جو گیاهی چندمنظوره به‌حساب می‌آید، زیرا علاوه بر آن-که در تغذیه دام و انسان مورد استفاده قرار می‌گیرد، به-عنوان مالت در صنعت غذا و نوشیدنی فرآوری می‌شود (Arendt & Zannini, 2013).

شناسایی مکان‌های ژنی مرتبط با صفات کمی (QTL<sup>1</sup>) یک تکنیک کلیدی برای شناسایی مناطق ژنومی است که صفات پیچیده در جو را با تجزیه و تحلیل جمعیت‌های حاصل از تلاقی والدین با ویژگی‌های متضاد کنترل می‌کنند (Kosová *et al.*, 2019). این روش به‌ویژه برای مطالعه همزمان چندین صفت پیچیده قدرتمند است و به محققان امکان می‌دهد بین مناطق ژنومی که به صفات مورد نظر مختلف کمک می‌کنند، تمایز قائل شوند. سپس می‌توان از این اطلاعات برای بهبود پتانسیل ژنتیکی محصول از طریق اصلاح نژاد به کمک نشانگر استفاده کرد (Billah *et al.*, 2021).

آگاهی داشتن از تنوع ژنتیکی در گونه‌ها گیاهی، برای انتخاب والدین مناسب در دورگ‌گیری‌ها و تولید نتایج مناسب اهمیت دارد (Mohammadi & Prasanna, 2003). مکان‌یابی ژن‌های کمی از انواع نشانگرهای مولکولی از جمله AFLP، SSR، RAPD، RFLP، VNTRها، CAPS و RAD-Seq استفاده می‌کند

<sup>2</sup> Recombinant Inbred Lines

<sup>1</sup> Quantitative Trait Locus

تأخیر بیندازد یا مانع از جوانه‌زنی قبل از برداشت شود (Ghomi *et al.*, 2021). شناسایی و کلون‌کردن ژن‌های خواب‌بذر در جو به بهینه‌سازی این صفت برای استفاده-های کارآمد در کشاورزی و صنعت کمک خواهد کرد. Takeda و همکاران (۲۰۰۹) ۱۲ گیاه BC3F1 را شناسایی و بذر نسل بعد (BC3F2) را در مزرعه مرکز تحقیقات دانشگاه اوکایما کاشتند که هر جمعیت BC3F2 شامل ۱۵ تا ۱۵۲ گیاه بود. ژن‌های کنترل‌کننده خواب‌بذر به‌عنوان QTL در ناحیه سانترومر کروموزوم 5H (Qsd1) بیشتر از بقیه QTLها شناسایی شد (Takeda, K *et al.*, 2009).

نظر به اهمیت جو به‌عنوان یک محصول مهم در کشور و همچنین مطالعات محدود روی جمعیت‌های جو ایرانی، این مطالعه با هدف بررسی تنوع ژنتیکی میان لاین‌های جو حاصل از ارقام جو ایرانی و شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده QTLهای تأثیرگذار بر روی صفات زراعی طراحی شد.

#### مواد و روش‌ها:

این مطالعه در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱، در مزرعه‌ی تحقیقاتی دانشگاه گنبد کاووس استان گلستان با ارتفاع ۴۵ متر از سطح دریای آزاد در طول جغرافیایی ۵۵° و ۱۲ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۷° و ۱۶ دقیقه شمالی انجام شد. ابتدا بستر کشت تسطیح و آماده‌سازی اولیه صورت گرفت. در این تحقیق از ۹۹ لاین خالص جو نسل نهم حاصل از تلاقی ارقام کومینو (Komino) و بادیا (Badia) استفاده شد (جدول ۱)، سپس بذر لاین‌های

یک نقشه متشکل از نشانگرهای SNP و SSR در چهار مرحله مختلف از رشد جوانه انجام شد.

روش‌های مختلف ردیابی ژن‌های کمی، QTLهایی را شناسایی کرده‌اند که به‌طور مثبت با تعداد پنجه مرتبط هستند؛ صفتی که به‌طور حیاتی با عملکرد مرتبط است (Jabbari *et al.*, 2018; Robertson *et al.*, 2021).

کاپو چیچی و همکاران (۲۰۲۱) ۱۲ QTLهای کنترل‌کننده صفاتی که منجر به تشکیل سریع پوشش گیاهی (کانوپی) می‌شوند را با بررسی ۱۸۵ لاین نوترکیب (RIL) حاصل از تلاقی Xen و H94061120 در شش محیط مستقل مکان‌یابی کردند و در مجموع ۴۶ QTL برای صفات مربوط به نامیه بذر شناسایی گردید. تعداد ۱۴ QTL برای عملکرد زیست‌توده در همه کروموزوم‌ها یافتند که دو تا از آن‌ها با QTLهای روی 1H برای عملکرد دانه هم‌مکان بودند. طول برگ اول و دوم و وزن خشک دومین برگ، عملکرد زیست‌توده و عملکرد دانه وراثت پذیری بالایی داشتند (بیش از ۳۰٪). آن‌ها رابطه معنی‌داری بین بیوماس و عملکرد دانه مشاهده کردند و نتایج نشان داد که یک QTL پلیوتروپیک مرتبط با مساحت برگ دوم، عملکرد زیست‌توده و عملکرد دانه با نشانگرهای bPb-9280 و bPb-9108 بر روی کروموزوم 1H مرتبط بوده که می‌توان از طریق انتخاب با کمک نشانگر برای کلون‌سازی استفاده کرد (Capo-chichi *et al.*, 2021).

در تحقیقات صورت گرفته بر روی تأثیر خواب‌بذر در گیاه جو، مشخص شد خواب‌بذر می‌تواند فرایند مالتینگ را به

DNA، ۰/۶۷ مولار آغازگر، ۱۰ مولار بافر واکنش، ۲/۵ میلی مولار  $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی مولار dNTP، ۰/۵ واحد از Taq DNA پلیمرز، بود. برنامه‌ی PCR شامل واسرشت-سازی در ۹۴ درجه سلسیوس به مدت پنج دقیقه و به دنبال آن ۳۰ سیکل واسرشت‌سازی در ۹۴ درجه سلسیوس به مدت یک دقیقه، اتصال در ۵۸ درجه سلسیوس برای یک دقیقه، بسط در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۱/۵ دقیقه، تکثیر نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت پنج دقیقه توسط ترموسایکلر مدل (iCyclerBIORAD,USA) انجام شد. محصول تکثیر شده بر روی الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید ۶ درصد (PAGE) تفکیک و با رنگ‌آمیزی نقره قابل رؤیت شد. برای اشباع این نقشه از نشانگرهای، iPBS (Kalendar Boronnikova & Kalendar, 1999 *et al.*، 2010)، ISSR (University of British Columbia \_ UBC) CAAT (Collard & Mackill, 2009) ScoT (Singh *et al.*, 2014)، استفاده شد. به منظور بررسی چند شکلی در والدین، از ۱۹ آغازگر iPBS، سه آغازگر IRAP، هشت آغازگر SCoT، هشت آغازگر CAAT، هفت آغازگر ISSR، ۲۵ آغازگر IJS، ۲۴ آغازگر RAPD و ۱۹ آغازگر iPBS استفاده شد و در نهایت تهیه نقشه پیوستگی با استفاده از ۱۵۵ نشانگر SSR، ۲۰ نشانگر ISSR، هفت نشانگر IRAP، ۳۰ نشانگر CAAT، ۲۶ نشانگر SCoT، ۹۰ نشانگر RAPD، ۷۳ نشانگر IJS، و ۹۰ نشانگر iPBS انجام شد.

جو در قالب طرح آلفا لاتیس در سه تکرار به صورت دیم با تراکم ۴۰۰ دانه در متر مربع کشت شدند. طول خطوط ۱۵۰ سانتی‌متر و فاصله آن‌ها ۲۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. با توجه به عدم معنی‌داری بلوک‌های ناقص، داده‌های آزمایش براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی تجزیه شدند. در طول سال زراعی عملیات داشت همچون وجین کردن، آبیاری بر روی گیاه انجام شد. در پایان فصل زراعی میانگین تعداد سنبله در بوته (TNS: Total Number of Spikes)، ارتفاع بوته (PH: Plant Height)، وزن سنبله در بوته (TWS: Total Weight of Spike)، وزن سنبله (SPW: Spike Weight)، طول سنبله (SL: Spike Length)، طول ریشک (AL: The Length of Awn)، وزن ریشک (AW: Awn Weight)، وزن کل ریشک‌ها (TWA: Total Weight of the Awns)، تعداد دانه در سنبله (GNS: Number of Grains per Spike)، طول دانه (GL: Grain Length)، عرض دانه (GW: Grain Width)، وزن دانه در سنبله (Weight of Grains per Spike) و عملکرد دانه در بوته (Grain Yield) اندازه‌گیری شد.

به منظور ترسیم نقشه ژنتیکی، ۱۵۵ نشانگر SSR به‌طور مناسب در هفت کروموزوم جو ساختار اولیه نقشه ژنتیکی را براساس مطالعات قبلی تشکیل دادند (Strussand Plieske, 1998; Ramsay *et al.*, 2000; Thiel *et al.*, 2003; Li *et al.*, 2003; Varshney *et al.*, 2007; Marcel *et al.*, 2007). واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) برای نشانگر SSR، شامل ۵۰ نانوگرم

## جدول ۱- مشخصات اندازه گیری شده در والدین پدری و مادری

Table 1- Evaluated traits in male and female

Tarits	Badia	Komino
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) PH (Cm)	80	68
تعداد سنبله در بوته‌ها (عدد) TNS (No.)	28	36
وزن کل سنبله‌ها (گرم) TWS (gr)	43.26	34.63
وزن سنبله (گرم) SPW (gr)	1.65	1.42
طول سنبله (سانتی متر) SL(Cm)	13.21	11.23
طول ریشک (سانتی متر) AL (Cm)	6.5	5.2
وزن ریشک (گرم) AW (gr)	3.56	3.21
وزن دانه در سنبله (گرم) GSW (gr)	1.36	1.11
تعداد دانه در سنبله (عدد) GNS (No.)	34	25
عرض دانه (میلی متر) GW (mm)	3.6	2.9
طول دانه (میلی متر) GL (mm)	11.21	9.87
عملکرد دانه (گرم) YLD (gr)	32	15
وزن کل ریشک‌ها (گرم) TWA (gr)	3.26	2.62

al., 2000; Li et al., 2003; Thiel et al., 2003; Varshney et al., 2007; Marcel et al., 2007 انجام شد. فواصل نقشه (سانتی‌مورگان) بر اساس تابع کوزامبی و آستانه LOD بحرانی ۲/۵ و برای تعیین گروه‌های پیوستگی استفاده شد. برای تعیین QTLها و تخمین تأثیر آنها از روش CIM با استفاده از پکیج QTL.gCIMapping.GUI v2.0 در نرم افزار R استفاده شد (Zhang et al., 2020) و نقطه با بیشترین

کلید نشانگرهای iPBS، IRAP، ISSR، SCoT، CAAT و SSR چندشکل به صورت جداگانه با آزمون<sup>2</sup> برای نسبت ۱:۱ در سطح احتمال ۰/۰۱ ارزیابی شدند و نشانگرهای فاقد نسبت ۱:۱ از داده‌های ژنوتیپی حذف شدند. تهیه نقشه با نرم‌افزار Manager QTX17 Map (Manly & Olson, 1999) انجام شد. اختصاص گروه-های لینکاژی به کروموزوم‌های مربوطه بر اساس منابع مختلف (Strussand Plieske, 1998; Ramsay et al.)

**تجزیه واریانس**

**LOD به عنوان منطقه‌ایی با بیشترین احتمال QTL**

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان‌دهنده وجود تنوع معنی‌دار بین لاین‌های مورد بررسی از لحاظ صفات تعداد سنبله در بوته (TNS)، ارتفاع بوته (PH)، وزن سنبله در بوته (TWS)، وزن سنبله (SPW)، طول سنبله (SL)، طول ریشک (AL)، وزن ریشک (AW)، وزن کل ریشک‌ها (TWA)، تعداد دانه در سنبله (GNS)، طول دانه (GL)، عرض دانه (GW)، وزن دانه در سنبله (SW) و عملکرد دانه در بوته (YLD) بود (جدول ۲).

مشخص شد. باتوجه به عدم معنی‌داری بلوک‌های ناقص، داده‌های آزمایش به صورت طرح بلوک کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار (SAS, Ver 9.1.) تجزیه واریانس شدند. سپس میانگین صفات با استفاده از آزمون توکی (Tukey) در سطح احتمال پنج درصد مقایسه شدند. تجزیه همبستگی به روش پیرسون با استفاده از نرم‌افزار (SPSS 22) انجام شد.

**نتایج و بحث**

**جدول ۲- تجزیه واریانس صفات زراعی در لاین‌های درون‌زاد نوترکیب جو**

**Table 2- Analysis of variance of agronomical traits**

میانگین مربعات Mean of Squares							منابع تغییر
وزن ریشک AW	طول ریشک یک سنبله AL	طول یک سنبله SL	وزن یک سنبله SPW	وزن کل سنبله‌ها TWS	تعداد سنبله در بوته‌ها TNS	ارتفاع بوته PH	درجه آزادی Degree of freedom
0.002**	4.16**	1.51**	0.23**	171.07**	491.42**	156.77**	98
0.00025 <sup>ns</sup>	1.47*	0.25 <sup>ns</sup>	0.018 <sup>ns</sup>	5.36 <sup>ns</sup>	280.39*	26.13 <sup>ns</sup>	2
0.00032	0.632	0.262	0.037	17.95	127.03	27.93	196
21.609	6.564	13.152	24.027	18.27	18.574	8.755	درصد ضریب تغییرات Coefficient of variation

\*\* معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد، \* معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد

\*\*Significance at the 1% probability level and \*Significance at the 5% probability level

PH: Plant Height, TNS: Total Number of Spikes, TWS: Total Weight of Spike, SPW: The Weight of Spike, SL: The Length of Spike, AL: The Length of Awn, AW: Awn Weight, SW: Weight of Grains per Spike, GNS: Number of Grains per Spike, GW: Grain Width, GL: Grain Length, YLD: Total Weight of Grains, TWA: Total Weight of the Awns

## ادامه جدول ۲- تجزیه واریانس صفات زراعی در لاین‌های درون‌زاد نوترکیب جو

Continue Table 2- Analysis of variance of agronomical traits in barley Recombinant Inbred Lines

میانگین مربعات Mean squares						درجه آزادی Degree of freedom	منابع تغییر Sources of Variation
عملکرد دانه در وزن کل ریشک‌ها TWA	بوته YLD	طول دانه GL	عرض دانه GW	تعداد دانه در سنبله GNS	وزن دانه‌های یک سنبله GSW		
1.114**	125.15**	0.587**	0.107**	112.09**	0.21**	98	لاین Line
0.059 <sup>ns</sup>	8.059 <sup>ns</sup>	0.107 <sup>ns</sup>	0.012 <sup>ns</sup>	30.003*	0.020 <sup>ns</sup>	2	بلوک Block
0.133	16.030	0.119	0.027	17.629	0.0357	196	خطا Error
17.586	20.67	2.866	5.331	19.914	24.896		ضریب تغییرات (%) Coefficient of variation

\*\* معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد، \* معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد

\*\*Significance at the 1% probability level and \*Significance at the 5% probability level

PH: Plant Height, TNS: Total Number of Spikes, TWS: Total Weight of Spike, SPW: The Weight of Spike, SL: The Length of Spike, AL: The Length of Awn, AW: Awn Weight, SW: Weight of Grains per Spike, GNS: Number of Grains per Spike, GW: Grain Width, GL: Grain Length, YLD: Total Weight of Grains, TWA: Total Weight of the Awns

هزار دانه و طول ریشک وجود دارد و این همبستگی‌ها

نشان می‌دهند که تحمل به تنش در جو نیازمند پاسخ‌های هماهنگ در چندین صفت مورفولوژیکی و فنولوژیکی است، به‌ویژه که ریشک‌های بلندتر و سنگین‌تر نقش مهمی در فتوسنتز و تحمل به تنش ایفا می‌کنند (Zhang *et al.*, 2019). همچنین، لاین‌های ۱۰، ۷۴ و ۸۰ بیشترین تعداد دانه در سنبله (۳۰-۳۲ دانه) و لاین‌های ۷۰، ۲۹ و ۳۱، بلندترین طول دانه (۱۲/۴۶-۱۲/۵۹ میلی‌متر) را داشتند که این ویژگی‌ها می‌توانند ارزش تجاری محصول را افزایش دهند. در نهایت، این مطالعه نشان داد که لاین‌های برتر به‌عنوان گزینه‌های امیدبخش برای برنامه‌های اصلاحی جهت افزایش عملکرد و بهبود خصوصیات زراعی مطرح می‌شوند، در حالی که

## مقایسه میانگین

مقایسه میانگین صفات مورفولوژیکی و عملکردی لاین‌های جو نشان داد که لاین‌های ۸۰، ۹۵، ۹۶ و ۹۹ در اکثر صفات از جمله ارتفاع بوته (۷۰-۷۳ سانتی‌متر)، تعداد سنبله (۳۳-۳۴ عدد)، وزن کل و تک سنبله، طول سنبله و ریشک، وزن دانه و عملکرد کل برتری معنی‌داری داشتند، به‌طوری‌که بالاترین عملکرد دانه مربوط به لاین‌های ۹۵ (۳۱/۶۴ گرم)، ۹۶ (۳۰/۸۶ گرم) و ۸۰ (۳۳/۹۲ گرم) بود، در حالی که لاین‌های ۳، ۹ و ۱۲ در تمامی صفات ضعیف‌ترین عملکرد (۱۰/۹۶ تا ۱۵/۷۱ گرم) را نشان دادند. مطالعات پیشین تأیید می‌کنند که همبستگی مثبت معنی‌داری بین عملکرد دانه و صفاتی مانند ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن

لاین‌های ضعیف‌تر می‌توانند اهداف بهبود ژنتیکی قرار گیرند و اهمیت استفاده از تنوع ژنتیکی و تیمارهای بهبوددهنده مانند پلاسما در بهبود صفات زراعی، افزایش مقاومت به تنش‌های محیطی و ارتقای عملکرد گیاه جو را برجسته می‌کند.

### تجزیه همبستگی

همبستگی صفات زراعی نشان داد (جدول ۳) که ارتفاع بوته همبستگی مثبت قوی با وزن سنبله در بوته (۰/۷۱۴)، وزن سنبله (۰/۷۱۲)، طول سنبله (۰/۷۹۳)، وزن دانه در سنبله (۰/۷۱۱)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۰۶) و عملکرد دانه (۰/۶۹۷) داشت. این نشان می‌دهد که گیاهان بلندتر تمایل به داشتن سنبله‌های سنگین‌تر، سنبله‌های بلندتر، دانه‌های بیشتر و عملکرد بالاتر دارند.

وزن سنبله در بوته همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۷۱۴)، وزن سنبله (۰/۸۹۰)، طول سنبله (۰/۷۴۴)، وزن دانه در سنبله (۰/۸۳۳)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۵۲) و عملکرد دانه (۰/۹۱۱) داشتند. این نشان می‌دهد که سنبله‌های سنگین‌تر با گیاهان بلندتر، سنبله‌های بلندتر، دانه‌های بیشتر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند.

وزن هر سنبله همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۷۱۲)، وزن سنبله در بوته‌ها (۰/۸۹۰)، طول سنبله (۰/۸۳۲)، وزن دانه در سنبله (۰/۹۹۰)، تعداد دانه در سنبله (۰/۹۱۹) و عملکرد دانه (۰/۸۰۱) داشت. این نشان می‌دهد که سنبله‌های سنگین‌تر (بدون ریشک) با گیاهان

بلندتر، سنبله‌های بلندتر، دانه‌های بیشتر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند. طول سنبله بدون ریشک همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۷۹۳)، وزن سنبله در بوته‌ها (۰/۷۷۴)، وزن سنبله (۰/۸۳۲)، وزن دانه در سنبله (۰/۸۲۲)، تعداد سنبله در بوته‌ها (۰/۸۹۱) و عملکرد دانه (۰/۷۱۴) داشت. در نتیجه سنبله‌های بلندتر با گیاهان بلندتر، سنبله‌های سنگین‌تر، دانه‌های بیشتر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند. طول ریشک همبستگی متوسط با ارتفاع بوته (۰/۶۳۷)، وزن سنبله در بوته‌ها (۰/۲۷۷)، وزن سنبله (۰/۲۳۳)، طول سنبله (۰/۴۸۷)، عملکرد دانه (۰/۳۵۹) دارد. ریشک‌های بلندتر با گیاهان بلندتر و سنبله‌های سنگین‌تر مرتبط هستند. وزن دانه در سنبله همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۷۱۱)، وزن سنبله در بوته‌ها (۰/۸۳۳)، وزن سنبله (۰/۹۹۰)، طول سنبله (۰/۸۲۲)، تعداد دانه در سنبله (۰/۹۱۰) و عملکرد دانه (۰/۷۹۶) داشت. دانه‌های سنگین‌تر در هر سنبله با گیاهان بلندتر، سنبله‌های سنگین‌تر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند.

تعداد دانه در هر سنبله همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۸۰۶)، وزن سنبله در بوته (۰/۸۵۲)، وزن سنبله (۰/۹۱۹)، طول سنبله (۰/۸۹۱)، وزن دانه در سنبله (۰/۹۱۰) و عملکرد دانه (۰/۷۷۷) داشت. دانه‌های بیشتر در هر سنبله با گیاهان بلندتر، سنبله‌های سنگین‌تر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند. عرض دانه همبستگی متوسط با ارتفاع بوته (۰/۲۱۹)، وزن سنبله در بوته‌ها (۰/۴۶۳)، وزن سنبله (۰/۵۸۲) و عملکرد دانه (۰/۳۸۶) دارد. دانه‌های پهن‌تر با گیاهان بلندتر و سنبله‌های

ارتفاع بوته یک صفت کلیدی است که به شدت با وزن سنبله، تعداد دانه و عملکرد مرتبط است. گیاهان بلندتر تمایل به داشتن سنبله‌های سنگین‌تر، دانه‌های بیشتر و عملکرد بالاتر دارند. وزن سنبله در بوته و وزن سنبله همبستگی بالایی با عملکرد دارند که نشان می‌دهد وزن سنبله یک عامل مهم برای بهبود عملکرد است. تعداد دانه در هر سنبله همبستگی قوی با عملکرد دارد که نشان می‌دهد افزایش تعداد دانه در هر سنبله می‌تواند به طور قابل توجهی عملکرد را بهبود بخشد. صفات ریشک همبستگی ضعیف‌تری با عملکرد و سایر صفات دارند که نشان می‌دهد ویژگی‌های ریشک تأثیر کمتری بر بهره‌وری کلی دارند. تعداد سنبله در بوته‌ها همبستگی ضعیف یا منفی با بیشتر صفات دارد که نشان می‌دهد افزایش تعداد سنبله‌ها لزوماً عملکرد یا سایر صفات مطلوب را بهبود نمی‌بخشد.

انتخاب گیاهان بلندتر و سنبله‌های سنگین‌تر می‌تواند عملکرد و تعداد دانه را بهبود بخشد، همچنین افزایش تعداد دانه در سنبله یک راهبرد امیدوارکننده برای بهبود عملکرد است. در حالی که طول و وزن ریشک تأثیر کمی بر عملکرد دارند، بنابراین ممکن است نیاز به اولویت‌دهی به این صفات برای برنامه‌های زراعی و اصلاحی نباشد.

بررسی توزیع فراوانی ارزش‌های فنوتیپی مربوط به صفات زراعی مطالعه شده در جمعیت F9 نشان داد که تمامی صفات دارای توزیع پیوسته و نرمال بودند که نشان از وجود وراثت کمی برای صفات مورد بررسی است. (شکل

(۱).

سنگین‌تر مرتبط هستند. طول دانه همبستگی متوسط با ارتفاع بوته (۰/۳۳۴)، وزن سنبله در بوته (۰/۲۳۲)، وزن سنبله (۰/۲۴۴)، طول سنبله (۰/۴۱۷) و عملکرد دانه (۰/۲۲۷) دارد. دانه‌های بلندتر با گیاهان بلندتر و سنبله‌های سنگین‌تر مرتبط هستند.

عملکرد دانه همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۶۹۷)، وزن سنبله در بوته (۰/۹۱۱)، وزن سنبله (۰/۸۰۱)، طول سنبله (۰/۷۱۴)، وزن دانه در سنبله (۰/۷۹۶) و تعداد دانه در سنبله (۰/۷۷۷) دارد. عملکرد بالاتر با گیاهان بلندتر، سنبله‌های سنگین‌تر و دانه‌های بیشتر مرتبط است. وزن کل ریشک‌ها همبستگی قوی با ارتفاع بوته (۰/۸۴۲)، وزن سنبله در بوته (۰/۸۵۷)، وزن سنبله (۰/۷۲۹)، طول سنبله (۰/۷۹۲)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۲۳) و عملکرد دانه (۰/۸۳۰) داشتند. ریشک‌های سنگین‌تر با گیاهان بلندتر، سنبله‌های سنگین‌تر و عملکرد بالاتر مرتبط هستند.

الگوهای همبستگی مشابهی تحت شرایط تنش خشکی نیز مشاهده شده است. سینگ و همکاران گزارش کردند که عملکرد دانه تحت شرایط خشکی با ارتفاع بوته، تعداد پنجه در متر مربع، وزن سنبله و عملکرد بیولوژیک همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. این همبستگی‌ها نشان می‌دهد که گیاهانی که می‌توانند رشد رویشی بهتری در شرایط تنش حفظ کنند، به‌طور معمول عملکرد دانه بالاتری تولید می‌کنند که این موضوع اهمیت قدرت عمومی گیاه را در تحمل تنش برجسته می‌سازد (Singh

et al., 2020).

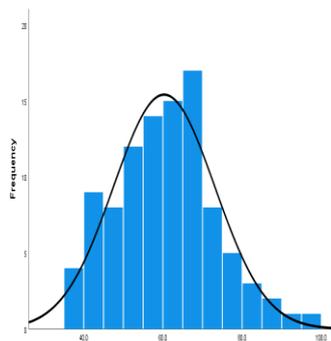
جدول ۳- ماتریس ضرایب همبستگی بین صفات زراعی اندازه‌گیری شده در لاین‌های درون‌زاد نوترکیب جو

Table 3 - Correlation matrix between evaluated agronomic traits in barley inbred lines

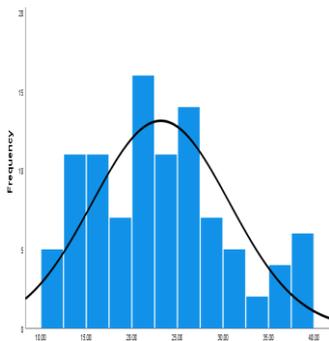
وزن کل ریشک‌ها TWA	عملکرد دانه YLD	طول دانه GL	عرض دانه GW	تعداد دانه در سنبله GNS	وزن دانه در سنبله GSW	وزن ریشک AW	طول ریشک AL	طول سنبله SL	وزن سنبله SPW	وزن کل سنبله‌ها TWS	تعداد سنبله در بوته‌ها TNS	ارتفاع بوته PH
1.00	0.83*	0.33*	0.16	0.82*	0.72*	0.13	0.63*	0.79*	0.73*	0.86*	-0.01	0.84*
	1.00	0.23*	0.39*	0.78	0.80*	0.11	0.36*	0.71*	0.80*	0.91*	-0.02	0.70*
		1.00	0.03*	0.27*	0.24*	0.07	0.40	0.42*	0.24*	0.23*	0.18	0.33*
			1.00	0.33*	0.58*	0.15	-0.23	0.26*	0.58*	0.46*	-0.12	0.22*
				1.00	0.91*	0.12	0.41*	0.89*	0.92*	0.85*	0.31*	0.81*
					1.00	0.14	0.23*	0.82*	0.99*	0.88*	0.30*	0.71*
						1.00	-0.01	0.14	0.15	0.11	-0.04	0.12
							1.00	0.49*	0.23*	0.28*	-0.09	0.64*
								1.00	0.83*	0.77*	0.21*	0.79*
									1.00	0.89*	0.28*	0.71*
										1.00	-0.01	0.71*
											1.00	1.00

\* و \*\* به ترتیب معنی‌داری در سطح پنج و یک درصد

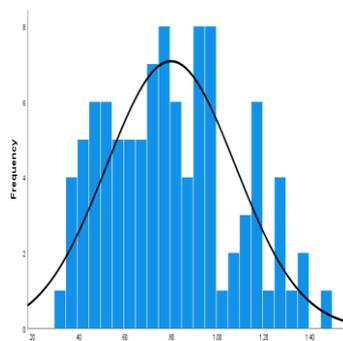
PH: Plant Height, TNS: Total Number of Spikes, TWS: Total Weight of Spike, SPW: The Weight of Spike, SL: The Length of Spike, AL: The Length of Awn, AW: Awn Weight, SW: Weight of Grains per Spike, GNS: Number of Grains per Spike, GW: Grain Width, GL: Grain Length, YLD: Total Weight of Grains, TWA: Total Weight of the Awns



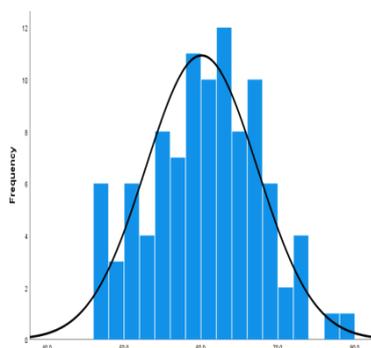
تعداد سنبله در بوته‌ها  
TNS (No.)



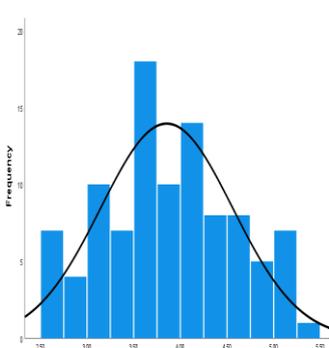
وزن کل سنبله‌ها  
TWS (gr)



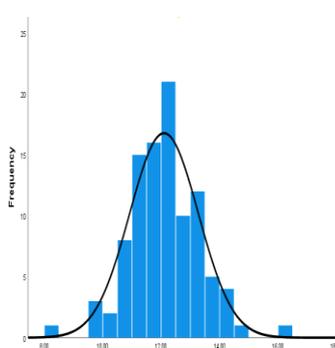
وزن سنبله  
SPW (gr)



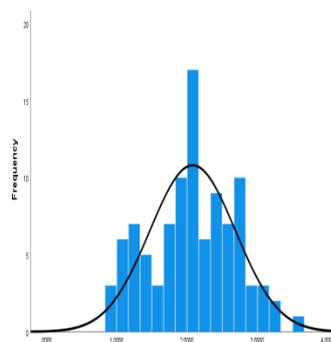
ارتفاع بوته  
PH (Cm)



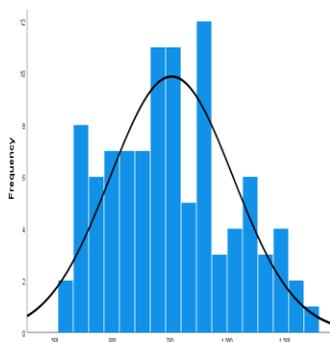
طول سنبله  
SL(Cm)



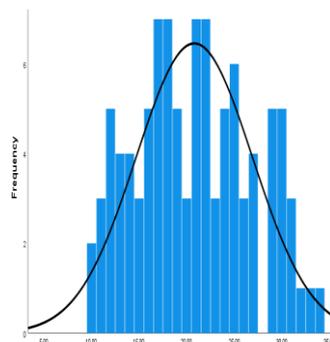
طول ریشک  
Cm) AL



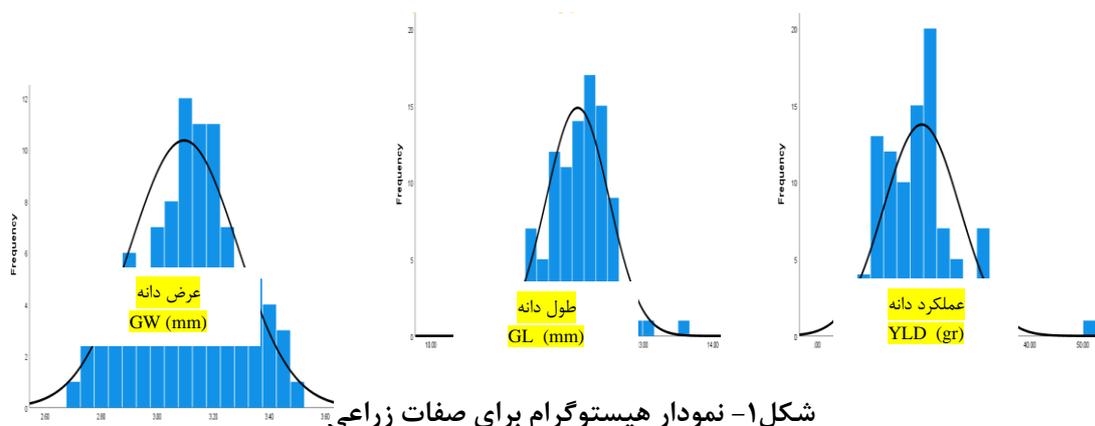
وزن کل ریشک‌ها  
TWA (gr)



وزن دانه در سنبله  
GSW (gr)



تعداد دانه در سنبله (عدد)  
GNS (No.)



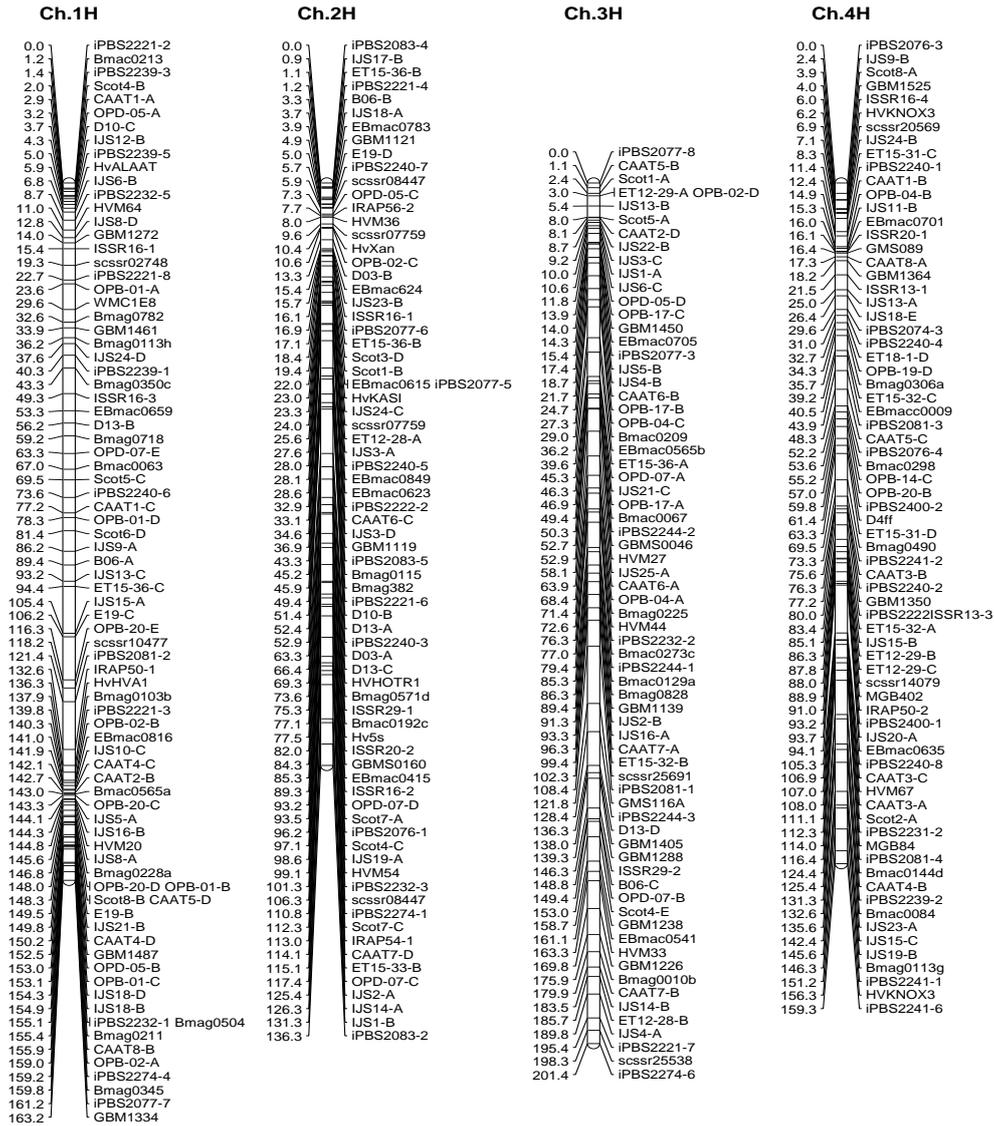
شکل ۱- نمودار هیستوگرام برای صفات زراعی  
Figure 1 - Histogram for agronomic traits

فاصله بین نشانگرها به ترتیب در کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ برابر است ۱/۹۹، ۱/۸۴، ۲/۹۱، ۲/۲۴، ۲/۰۱، ۲/۸۰ و ۲/۸۵ سانتی‌مورگان بود. ترتیب نشانگرهای SSR در این مطالعه با نقشه Li *et al.*, 2003; Ramsay *et al.*, 2000; Strussand Plieske, 1998; Varshney *et al.*, 2007; Marcel *et al.*, 2007; Thiel *et al.*, 2003 متفاوت بود اما محل کروموزومی آن‌ها با نقشه - های مذکور مطابقت داشت. به عبارت دیگر شماره کروموزومی که به نشانگرهای SSR منتسب شد با شماره کروموزوم‌ها در نقشه‌های رفرنس یکی بود اما به دلیل کراسینگ اور در جمعیت‌ها مکان آن‌ها روی هر کروموزوم متفاوت بود. اولین نقشه پیوستگی جو توسط گرائر و همکاران (Graner *et al.*, 1991)، با استفاده از ۷۱ لاین جمعیت دابل هاپلوئید حاصل از تلاقی Igr1 و Franka و نشانگرهای RFLP تهیه شد. کلاین‌هافسو همکاران (Kleinhofs *et al.*, 1993) با استفاده از جمعیت دابل

#### نقشه پیوستگی

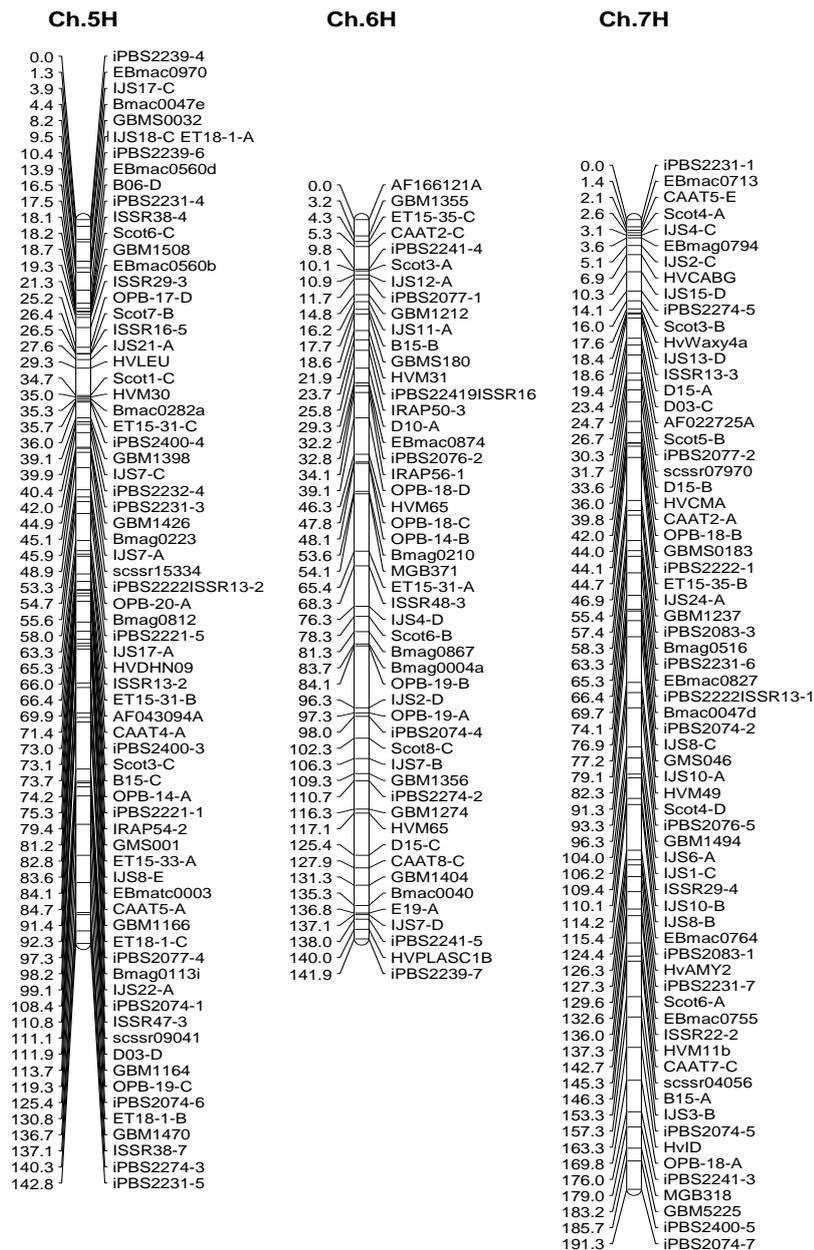
تهیه نقشه پیوستگی با استفاده از ۱۵۵ نشانگر SSR، ۲۰ نشانگر ISSR، ۷ نشانگر IRAP، ۳۰ نشانگر CAAT، ۲۶ نشانگر SCoT، ۹۰ نشانگر RAPD، ۷۳ نشانگر JIS و ۹۰ نشانگر iPBS انجام شد (شکل ۲). نسبت‌های مندلی ۱:۱ برای همه نشانگرهای تکثیر شده با استفاده از آزمون کای اسکوئر بررسی شد و نشانگرهای دارای عدم تفرق مندلی حذف گردیدند. نشانگرهای مولکولی استفاده شده به هفت گروه پیوستگی مطابق هفت کروموزوم جو منتسب شدند. کروموزوم ۱ با بالاترین تعداد نشانگر (۸۳ نشانگر) با طول کروموزومی ۱۶۳/۲ سانتی‌مورگان ترسیم شد. به کروموزوم‌های ۲، ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ نیز به ترتیب ۷۵، ۷۰، ۷۲، ۷۲، ۵۰ و ۶۸ نشانگر ترسیم منتسب شدند که به ترتیب دارای طول‌های ۱۳۶/۳، ۲۰۱/۴، ۱۵۹/۳، ۱۴۲/۸، ۱۴۱/۹ و ۱۹۱/۳ سانتی‌مورگان بودند. میانگین

هاپلوئید حاصل از تلاقی Steptoe و Morex و نشانگر RFLP نقشه پیوستگی تهیه کردند و ونزل و همکاران (Wenzl *et al.*, 2006)، با نشانگرهای SSR، RFLP، STS و Dart، کیو همکاران (Qi *et al.*, 2006) با نشانگرهای AFLP، RFLP، SST، جعفری و همکاران (Jafary *et al.*, 2006) با استفاده از نشانگرهای AFLP و SSR، تیل و همکاران (Thiel *et al.*, 2003)، با استفاده از نشانگرهای EST، SSR، ساتو (Sato, 2020) با استفاده از نشانگر SNP، ورشنی و همکاران (Varshney *et al.*, 2007) از نشانگر SNP، RFLP، SSR و روستاکس و همکاران (Rostoks *et al.*, 2005) از نشانگرهای SNP و SSR برای تهیه نقشه استفاده نمودند.



شکل ۲- نقشه پیوستگی کروموزوم های جو در نسل نهم تلاقی بادیا و کومینو

Figure 2 - Barley chromosomes linkage map in F<sub>2</sub> of Badia and Komino crosses



ادامه شکل ۲- نقشه پیوستگی کروموزوم های جو در نسل نهم تلاقی بادیا و کومینو

Continued Figure 2 - Barley chromosomes linkage map in F<sub>9</sub> of Badia and Komino crosses

### مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده صفات زراعی

در این مطالعه، چندین جایگاه ژنومی حاوی QTL برای صفات زراعی مهم جو شامل تعداد سنبله در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، طول دانه، وزن سنبله در بوته، عملکرد دانه در بوته، ارتفاع بوته و طول ریشک شناسایی شدند (جدول ۴).

یک QTL مؤثر (qTNS-4) روی کروموزوم 4H مربوط به تعداد سنبله در بوته‌ها شناسایی گردید که اثر افزایشی منفی داشت (۱۲/۸۱-) که نشان‌دهنده نقش نشانگرهای والد Badia در کاهش این صفت است. همچنین دو QTL مرتبط با طول سنبله در کروموزوم‌های 6H و 7H (qSL-6 و qSL-7) مشخص شدند که هر دو دارای اثر افزایشی مثبت بودند.

علاوه بر این، دو QTL مربوط به تعداد دانه در سنبله در کروموزوم‌های 4H و (qGNS-4 و 6H qGNS-6) با اثرات مثبت شناسایی شدند. QTL‌های مربوط به طول دانه و صفات مرتبط با عملکرد مثل وزن کل سنبله‌ها و عملکرد، روی کروموزوم 3H تعیین شدند (qGL-3، 3، qTWS-3 و qYIELD-3) که اثرات منفی معنی‌داری داشتند. این نتایج نشان می‌دهد که نشانگرهای والد Komino در این نواحی نقش اصلی را در تعدیل صفات عملکردی دارند.

همچنین QTL‌های مربوط به ارتفاع بوته و طول ریشک نیز شناسایی شدند که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت مورد مطالعه و اهمیت آن‌ها در بهبود ژنتیکی

جو می‌باشد. میزان LOD بالا (حداقل ۲/۶۶ و حداکثر ۴/۴۰) نیز قدرت اطمینان خوبی برای وجود این QTL‌ها ایجاد کرد. این یافته‌ها می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی جو با استفاده از نشانگرهای مولکولی به منظور بهبود صفات مرتبط با عملکرد و سازگاری گیاه کاربرد موثری داشته باشد.

برای تعداد سنبله در بوته‌ها یک QTL بزرگ اثر (qTNS-4) روی کروموزوم ۴ با  $LOD = ۲/۶۶۲۲$  در موقعیت ۴۰/۵۲ سانتی‌مورگان شناسایی شد. qTNS-4 بین نشانگرهای EBmacc0009 و EBmacc0009 قرار داشت و ۲۲/۸۶ درصد تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد و نشانگر افزایش دهنده آن با مقدار ۱۲/۸۱۲۴ - در جهت کاهش بود که نشانگر این است که نشانگرهای والد بادیا اثر کاهشی را به نتاج منتقل کردند.

برای صفت طول دانه یک QTL بزرگ اثر (qGL-3) روی کروموزوم ۳ با  $LOD = ۴/۴۰$  در موقعیت ۹۷/۸۵۲ سانتی‌مورگان شناسایی شد. qGL-3 بین نشانگرهای ET15-32-B و CAAT7-A قرار داشت و ۲۵/۰۴ درصد، تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد و نشانگر افزایش دهنده آن با مقدار ۰/۴۶۲- در جهت کاهش بود که نشانگر این است که نشانگرهای والد کومینو اثر کاهشی در بروز این صفت دارد.

جدول ۴- مکان‌یابی QTL‌های صفات زراعی در جمعیت لاین‌های نوترکیب خالص F<sub>9</sub> و حاصل از تلاقی بادیا و

کومینو

**Table 4- Location of QTLs of agronomic traits in the population of pure F<sub>9</sub> recombinant lines resulting from the crossing of Badia and Komino**

جهت نشانهگر allele direction	(%)R <sup>2</sup>	نشانهگر راست Right Marker	نشانهگر چپ Left Marker	LOD	اثر افزایشی Additive Effect	موقعیت Position (cM)	نام QTL QTL name	کروموزوم Chr	صفت Trait
Badia	22.86	EBmacc0009	EBmacc0009	2.66	-12.8124	40.52	qTNS-4	4	تعداد سنبله در بوته‌ها TNS
Badia	19.21	D10-A	IRAP50-3	3.22	0.7496	28.447	qSL-6	6	طول سنبله SL
Badia	13.40	IJS1-C	IJS1-C	2.67	0.6261	106.24	qSL-7	7	
Badia	11.29	IJS13-A	IJS13-A	2.80	4.7603	24.95	qGNS-4	4	
Badia	21.58	D10-A	IRAP50-3	3.64	6.581	28.447	qGNS-6	6	تعداد دانه در سنبله GNS
Komino	25.04	ET15-32-B	CAAT7-A	4.40	-0.4623	97.825	qGL-3	3	طول دانه GL
Komino	28.28	IJS25-A	HVM27	3.75	-8.6261	57.255	qTWS-3	3	وزن کل سنبله‌ها TWS
Komino	28.05	IJS25-A	HVM27	3.69	-7.3029	57.255	qYIELD-3	3	عملکرد YLD
Badia	21.76	ET15-32-A	ET15-32-A	3.48	6.4653	83.36	qPH-4	4	ارتفاع بوته PH
Badia	21.55	ET15-31-A	MGB371	2.74	1.1833	59.735	qAL-6	6	طول ریشک AL

PH: Plant Height, TNS: Total Number of Spikes, TWS: Total Weight of Spike, SPW: The Weight of Spike, SL: The Length of Spike, AL: The Length of Awn, AW: Awn Weight, SW: Weight of Grains per Spike, GNS: Number of Grains per Spike, GW: Grain Width, GL: Grain Length, YLD: Total Weight of Grains, TWA: Total Weight of the Awns

نشانهگر افزایش دهنده آن با مقدار ۷/۳۰۲۹- در جهت

کاهشی بود که نشانهگر این است که نشانهگرهای والد

کومینو اثر کاهشی در بروز این صفت دارد.

اثرات همپوشانی بر چندین صفت در مطالعات قبلی ژنوم

جو مشاهده شده‌اند. به‌عنوان مثال، QTL‌های موجود در

کروموزوم (HcM4/۰۸۴/۱۲۵) بر تعداد روز تا گل‌دهی،

دوره پر شدن دانه، طول برگ پرچم و وزن هزار دانه تأثیر

می‌گذارند (Koochakpour *et al.*, 2021).

برای صفت ارتفاع بوته، یک QTL بزرگ اثر (qPH-4)

روی کروموزوم ۴ با LOD = ۳/۴۷۷۵ در موقعیت ۸۳/۳۶

سانتی‌مورگان شناسایی شد. qPH-4 بین نشانهگرهای

ET15-32-A و ET15-32-A قرار داشت و ۲۱/۷۶

درصد، تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد و نشانهگر افزایش

برای صفت وزن کل سنبله‌ها با ریشک یک QTL بزرگ

اثر (qTWS-3) روی کروموزوم ۳ با LOD = ۳/۷۴۹۷

درموقعیت ۵۷/۲۵۵ سانتی‌مورگان شناسایی شد.

qTWS-3 بین نشانهگرهای IJS25-A و HVM27 قرار

داشت و ۲۸/۲۸۶۳ درصد، تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد

و نشانهگر افزایش دهنده آن با مقدار ۸/۶۲۶۱- در جهت

کاهشی بود که نشانهگر این است که نشانهگرهای والد

کومینو اثر کاهشی در بروز این صفت دارد.

برای صفت عملکرد دانه، یک QTL بزرگ اثر

(qYIELD-3) روی کروموزوم ۳ با LOD = ۳/۶۸۶۲

موقعیت ۵۷/۲۵۵ سانتی‌مورگان شناسایی شد.

qYIELD-3 بین نشانهگرهای IJS25-A و HVM27 قرار

داشت و ۲۸/۰۵۷ درصد، تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد و

نظیر ارتفاع بوته، ویژگی‌های سنبله، ابعاد دانه و اجزای عملکرد مرتبط بودند. چندین QTL دارای نمرات LOD و ضریب تبیین ( $R^2$ ) متوسط تا بالا بودند که نشان‌دهنده‌ی اثرات ژنتیکی قابل اعتماد هستند. قابل توجه است که در کروموزوم ۳، دو QTL اصلی شامل qGL-3 (با LOD برابر با ۴/۴۰ و درصد تبیین ۲۵/۰۵ درصد) که بر طول دانه کنترل دارد و qTWS-3 (با LOD برابر با ۳/۷۵ و درصد تبیین ۲۸/۲۹ درصد) و qYIELD-3 (با LOD برابر با ۳/۶۹ و درصد تبیین ۲۸/۰۶ درصد) که به ترتیب به وزن کل سنبله‌ها با ریشک و عملکرد دانه مرتبط هستند، در پس‌زمینه‌ی رقم کومینو شناسایی شدند که نشان‌دهنده‌ی اهمیت این ناحیه کروموزومی در کنترل صفات مرتبط با عملکرد است. در کروموزوم ۴، QTL های qTNS-4 و qGNS-4 که به ترتیب بر تعداد سنبله در بوته‌ها و تعداد دانه‌ها در هر سنبله تأثیر می‌گذارند، از والد بادیا منشأ گرفته بودند که دلیل بر نقش برجسته این والد در باروری و بهره‌وری است. همچنین، QTL qPH-4 در کروموزوم ۴ ( $R^2 = 21.76\%$ ) اثر افزایشی قابل توجهی بر ارتفاع بوته داشت که می‌تواند در اصلاح ارقام نیمه‌کوتاه یا مقاوم به ورس مفید واقع شود. هم‌مکانی چندین QTL در کروموزوم‌های ۴ و ۶، از جمله qSL-6 و qAL-6، حاکی از احتمال وجود پلیوتروپی یا ارتباط تنگاتنگ بین ژن‌های کنترل‌کننده‌ی طول سنبله و طول ریشک است. این نشانگرهای شناسایی‌شده از جمله EBmacc0009، D10-A، IJS25-A و HVM27 می‌توانند به عنوان

دهنده آن با مقدار ۶/۴۶۵۳ در جهت افزایشی بود که نشانگر این است که نشانگرهای والد بادیا اثر افزایشی در بروز این صفت دارد. یک QTL پایدار برای تعداد روز تا گل‌دهی در کروموزوم 5H (۷۴/۷۸ cM) شناسایی شد، در حالی که سه QTL در کروموزوم‌های 4H و 5H کنترل‌کننده دوره پر شدن دانه بودند (Koochakpour *et al.*, 2021). QTL های مربوط به طول سنبله در کروموزوم‌های 3H و 6H مکان-یابی شدند، در حالی که QTL های طول پوشینه در کروموزوم 7H یافت شدند. QTL های مربوط به ارتفاع بوته و مقاومت به ورس در کروموزوم 3H شناسایی شدند (Chen *et al.*, 2024).

برای صفت طول ریشک، یک QTL بزرگ اثر (qAL-6) روی کروموزوم ۶ با  $LOD = ۲/۷۴۴۹$  در موقعیت ۵۹/۷۳۵ سانتی‌مورگان شناسایی شد. qAL-6 بین نشانگرهای ET15-31-A و MGB371 قرار داشت و ۲۱/۵۵ درصد، تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد و نشانگر افزایش دهنده آن با مقدار ۱/۱۸۳۳ در جهت افزایشی بود که نشانگر این است که نشانگرهای والد بادیا اثر افزایشی در بروز این صفت دارد.

### نتیجه گیری کلی

در این مطالعه، ۹۹ لاین نسل جدید جو که از تلاقی دو رقم کومینو و بادیا به دست آمده بودند، از نظر صفات مهم زراعی با استفاده از تجزیه‌ی نقشه‌یابی کمیته‌ی (QTL) مورد ارزیابی قرار گرفتند. در مجموع، ده QTL معنی‌دار در کروموزوم‌های ۳، ۴، ۶ و ۷ شناسایی شد که با صفاتی

ابزارهای ارزشمندی در انتخاب به کمک نشانگر (MAS) کلی، نتایج این مطالعه چارچوب ژنتیکی اولیه‌ای برای  
در برنامه‌های اصلاحی جو به‌منظور جمع‌نشانه‌های بهبود اجزای کلیدی عملکرد در گیاه جو از طریق  
مطلوب از هر دو والد مورد استفاده قرار گیرند. به‌طور راهبردهای اصلاحی هدفمند فراهم می‌کند.

## References

- Arendt, E.K., & Zannini, E. 2013. Cereal grains for the food and beverage industries. A volume in Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition.
- Assefa, A., Girmay, G., Alemayehu, T., & Lakew, A. 2021. Performance evaluation and stability analysis of malt barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties for yield and quality traits in Eastern Amhara, Ethiopia. CABI Agriculture and Bioscience, 2, 31. <https://doi.org/10.1186/s43170-021-00051-w>
- Billah, M., Aktar, S., Brestic, M., Zivcak, M., Khaldun, A.B. M., Uddin, M. S., Bagum, S. A., Yang, X., Skalicky, M., Mehari, T. G., Maitra, S., & Hossain, A. 2021. Progressive genomic approaches to explore drought- and salt-induced oxidative stress responses in plants under changing climate. Plants, 10(9), 1910. <https://doi.org/10.3390/plants10091910>
- Bohar, R., Chitkineni, A., & Varshney, R.K. 2020. Genetic molecular markers to accelerate genetic gains in crops. BioTechniques, 69, 158-160. <https://doi.org/10.2144/btn-2020-0066>
- Boronnikova, S.V., & Kalendar, R.N. 2010. Using IRAP markers for analysis of genetic variability in populations of resource and rare species of plants. Russian Journal of Genetics, 46, 36-42. <https://doi.org/10.1134/S1022795410010060>
- Capo-chichi, L.J.A., Eldridge, S., Elakhdar, A., Kubo, T., Brueggeman, R., & Anyia, A.O. 2021. QTL mapping and phenotypic variation for seedling vigour traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Plants, 10, 1149. <https://doi.org/10.3390/plants10061149>
- Chen, B., Hou, Y., Huo, Y., Zeng, Z., Hu, D.-Y., Mao, X., Li, J., & Wang, Y. 2024. QTL mapping of yield, agronomic, and nitrogen-related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) under low nitrogen and normal nitrogen treatments. Plants, 13, 2137. <https://doi.org/10.3390/plants13152137>
- Collard, B.C.Y., & Mackill, D.J. 2009. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. Plant Molecular Biology Reporter, 27, 86-93. <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5>
- Graner, A., Jahoor, A., Schondelmaier, J., Siedler, H., Pillen, K., Fischbeck, G., Wenzel, G., & Herrmann, R.G. 1991. Construction of an RFLP map of barley. Theoretical and Applied Genetics, 83, 250-256. <https://doi.org/10.1007/BF00226259>
- Ghomi, K., Rabiei, B., Sabouri, H., Alamdari, G. E. 2021. Association analysis, genetic diversity and population structure of barley (*Hordeum vulgare* L.) under heat stress conditions using SSR and ISSR markers linked to primary and secondary metabolites. Molecular Biology Reporter 48, 6673–6694 (2021). <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06652-y>
- Jabbari, M., Fakheri, B.A., Aghnoum, R., Mahdi Nezhad, N., & Ataei, R. 2018. GWAS analysis in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) for morphological traits exposed to drought. PLoS ONE, 13, e0204952. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204952>

- Jafary, H., Szabo, L.J., & Niks, R.E. 2006. Innate nonhost immunity in barley to different heterologous rust fungi is controlled by sets of resistance genes with different and overlapping specificities. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 19, 1270-1279. <https://doi.org/10.1094/MPMI-19-1270>
- Kalendar, R., Grob, T., Regina, M., Suoniemi, A., & Schulman, A.H. 1999. IRAP and REMAP: two new retrotransposon-based DNA fingerprinting techniques. *Theoretical and Applied Genetics*, 98, 704-711. <https://doi.org/10.1007/s001220051124>
- Kleinhofs, A., Kilian, A., Saghai Maroof, M.A., Biyashev, R.M., Hayes, P., Chen, F.Q., Lapitan, N., Fenwick, A., Blake, T.K., Kanazin, V., Ananiev, E., Dahleen, L., Kudrna, D., Bollinger, J., Knapp, S.J., Liu, B., Sorrells, M., Heun, M., Franckowiak, J.D., Hoffman, D., Skadsen, R., & Steffenson, B.J. 1993. A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. *Theoretical and Applied Genetics*, 86, 705-712. <https://doi.org/10.1007/BF00224260>
- Koochakpour Z, Solouki M, Fakheri B A, Aghnoum R, Mahdi Nezhad N, Jabbari M. 2021. Identification of genomic loci controlling phenologic and morphologic traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using association analysis. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 22(4), 291-304. <https://doi.org/10.52547/abj.22.4.291>. [In Persian]
- Kosová, K., Vítámvás, P., Klíma, M., & Prášil, I.T. 2019. Breeding drought-resistant crops: G×E interactions, proteomics and pQTLs. *Journal of Experimental Botany*, 70, 2605-2608. <https://doi.org/10.1093/jxb/erz116>
- Li, J.Z., Sjakste, T.G., Röder, M.S., & Ganal, M.W. 2003. Development and genetic mapping of 127 new microsatellite markers in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 1021-1027. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1345-6>
- Manly, K.F., & Olson, J.M. 1999. Overview of QTL mapping software and introduction to Map Manager QT. *Mammalian Genome*, 10, 327-334. <https://doi.org/10.1007/s003359900997>
- Marcel, T.C., Varshney, R.K., Barbieri, M., Jafary, H., de Kock, M.J.D., Graner, A., & Niks, R.E. 2007. A high-density consensus map of barley to compare the distribution of QTLs for partial resistance to *Puccinia hordei* and of defence gene homologues. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 487-500. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0447-3>
- Mohammadi, S.A., & Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants: principles, techniques and applications. *Crop Science*, 43, 1235-1245. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235>
- Qi, X., Stam, P., & Lindhout, P. 1998. Use of locus-specific AFLP markers to construct a high-density molecular map in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 96, 376-384. <https://doi.org/10.1007/s001220050752>
- Ramsay, L., Macaulay, M., degli Ivanissevich, S., MacLean, K., Cardle, L., Fuller, J., Edwards, K.J., Tuvešson, S., Morgante, M., Massari, A., Maestri, E., Marmiroli, N., Sjakste, T., Ganal, M., Powell, W., & Waugh, R. 2000. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*, 156, 1997-2005. <https://doi.org/10.1093/genetics/156.4.1997>
- Reinert, S., Kortz, A., León, J., & Naz, A.A. 2016. Genome-wide association mapping in the global diversity set reveals new QTL controlling root system and related shoot variation in barley. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1061. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01061>
- Rostoks, N., Mudie, S., Cardle, L., Russell, J., Ramsay, L., Booth, A., Svensson, J.T., Wanamaker, E.M., Hedley, P.E., Liu, H., Morris, J., Close, T.J., Marshall, D.F., & Waugh,

- R. 2005. Genome-wide SNP discovery and linkage analysis in barley based on genes responsive to abiotic stress. *Molecular Genetics and Genomics*, 274, 515-527. <https://doi.org/10.1007/s00438-005-0046-z>
- Sato, K. 2020. History and future perspectives of barley genomics. *DNA Research*, 27, dsaa023. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa023>
- Singh, A.K., Rana, M.K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R., & Singh, R. 2014. CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 23, 175-183. <https://doi.org/10.1007/s13562-013-0224-3>
- 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. *3 Biotech*, 12, 45. <https://doi.org/10.1007/s13205-022-03134-2>
- Struss, D., & Plieske, J. 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 97, 308-315. <https://doi.org/10.1007/s001220050900>
- Thiel, T., Michalek, W., Varshney, R.K., & Graner, A. 2003. Exploiting EST databases for the development of cDNA derived microsatellite markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 106, 411-422. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1031-0>
- Varshney, R.K., Marcel, T.C., Ramsay, L., Russell, J., Röder, M.S., Stein, N., Waugh, R., Langridge, P., Niks, R.E., & Graner, A. 2007. A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 1091-1103. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0503-7>
- Wang, Q., Sun, G., Ren, X., Wang, J., Du, B., Li, C., & Sun, D. 2017. Detection of QTLs for seedling characteristics in barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under hydroponic culture condition. *BMC Genetics*, 18, 94. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0562-y>
- Wenzl, P., Li, H., Carling, J., Zhou, M., Raman, H., Paul, E., Hearnden, P., Maier, C., Xia, L., Caig, V., Ovesná, J., Cakir, M., Poulsen, D., Wang, J., Raman, R., Smith, K.P., Muehlbauer, G.J., Chalmers, K.J., Kleinhofs, A., Huttner, E., & Kilian, A. 2006. A high-density consensus map of barley linking DArT markers to SSR, RFLP and STS loci and agricultural traits. *BMC Genomics*, 7, 206. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-7-206>
- Zhang, Y.W., Wen, Y.J., Dunwell, J. M., & Zhang, Y.M. 2020. QTL.gCIMapping.GUI v2.0: An R software for detecting small-effect and linked QTLs for quantitative traits in bi-parental segregation populations. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 18, 59–65. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2019.12.008>