دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

شناسائی QTLهای موثر در افزایش غلظت و محتوای عنصر روی در دانه جو با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

مهدی فیضی[۱]، محمود سلوکی[۲]، بهزاد صادق‌زاده[۳]، براتعلی فاخری[۴] و سید ابوالقاسم محمدی[۵]

۱- دانشجوی دکترای اصلاح نباتات، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه زابل، زابل، ایران
۲- دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه زابل، زابل، ایران، (نویسنده مسوول: mahmood.solouki@gmail.com)
۳- دانشیار، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه، ایران
۴- استاد، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه زابل، زابل، ایران
۵- استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، ایران

تاریخ دریافت: ۹۷/۳/۲۰ تاریخ پذیرش: ۹۷/۸/۱۹
صفحه: ۵۸ تا ۶۷

چکیده

با توجه به اطلاعات محدود در ارتباط با نواحی کروموزومی مرتبط با تجمع عنصر روی در بذر جو تحقیقی برای مکان‌یابی QTL های کنترل‌کننده غلظت و محتوای روی (Zn) روی ۱۲۱ ژنوتیپ جو مشتمل بر ارقام محلی، اصلاح شده و لاین‌های بومی جو دریافتی از بانک ژن تحت شرایط مزرعه‌ای انجام گردید. آزمایش در قالب طرح لاتیس مربع با ۲ تکرار در سال‌های زراعی ۹۵-۱۳۹٤ و ۹٦-۱۳۹۵ در موسسه تحقیقات دیم کشور (ایستگاه مراغه) اجرا شد. جهت ارزیابی ساختار جمعیت و تجزیه ارتباط، از تعداد ۱٤۹ مارکر ریزماهواره استفاده گردید. بر اساس نتایج تجزیه واریانس، بین ژنوتیپ‌ها برای صفات غلظت و محتوی روی در بذر اختلاف آماری معنی‌دار وجود داشت. ضمناً دامنه تغییرات این صفات بسیار زیاد بود که نشانگر وجود تنوع ژنتیکی بسیار خوب بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. در ارتباط با صفت غلظت عنصر روی در بذر جو، ۵ عدد QTL روی کروموزوم‌های H2، H3، H4 و H5 شناسایی شدند که در مجموع ۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی غلظت روی در بذر را تبیین کردند. در بین این نشانگرها، نشانگر ریزماهواره BMAG0720 بیشترین میزان (۲۵٪) ضریب تبیین واریانس فنوتیپی صفت غلظت روی و همچنین ۲۳ درصد از تغییرات فنوتیپی صفت محتوای روی در بذر را تبیین می‌کرد. پنج نشانگر ریزماهواره بر روی کروموزم‌های ۲، ۳ و ٤ با صفت محتوای روی در بذر ارتباط معنی‌دار نشان دادند. بطور خلاصه می‌توان گفت که شناسایی‌QTLهای بزرگ اثر برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر جو، سودمندی استفاده از نشانگرهای مولکولی در نقشه‌یابی ژنی برای این قبیل صفات را نشان می‌دهد که از این پتانسیل می‌توان برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS) در آینده‌ای نزدیک در برنامه‌های اصلاح برای بهبود ارزش تغذیه‌ای جو استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: ژنوتیپ‌های جو، کارایی جذب، مکان‌های ژنی صفات کمی (QTL)، نشانگرهای مولکولی

مقدمه

قدمت زیاد جو و سازگاری و انعطاف‌پذیری زیاد در مقابل شرایط نامساعد محیطی از جمله فقر غذایی، خشکی و شوری، آن را به گیاهی متناسب برای شرایط سخت و متغیر دیم مبدل کرده است. تقریباً ۸۵٪ جو دنیا صرف تغذیه دام می‌شود، هرچند که در سال‌های اخیر علاقه به استفاده از جو در تغذیه انسان نیز به دلیل داشتن β-glucan زیادتر آن نسبت به سایر غلات افزایش قابل ملاحظه‌ای یافته است (۳۸،۲۰). سطح زیر کشت و عملکرد جهانی جو در سال ۲۰۱۶ به ترتیب برابر ۴۶/۹۲ میلیون هکتار با متوسط عملکرد ۳۰۱۰ کیلوگرم در هکتار می‌باشد (۹). در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴، سطح برداشت جو در کشور حدود یک میلیون و ۷۷۲ هزار هکتار برآورد شده که حدود ۲۱ درصد از کل سطح غلات کشور و با متوسط عملکرد ۲۱۰۰ کیلوگرم در هکتار می‌باشد (۱).

در دیم‌زارها، علاوه بر تنش خشکی، کمبود عناصر غذایی قابل دسترس برای گیاهان در خاک‌های زراعی نیز محدودیت عمده‌ای در تولید جو بوده که باعث کاهش عملکرد و کیفیت محصول می‌گردد. در طول دهه گذشته توجه به نقش عناصر کم مصرف در محصولات زراعی به دلیل کمبود این عناصر در خاک‌های زراعی افزایش قابل توجهی یافته است. اکثر خاک‌های مناطق دیم آهکی بوده و دارای pH بالا هستند که موجب محدودیت در جذب بسیاری از عناصر غذایی در گیاهان می‌شود. از بین کمبود عناصر کم مصرف، کمبود روی (zinc) مهم‌ترین عامل محدودکننده بوده و تقریباً نصف خاک‌های زیر کشت غلات در دنیا به‌ویژه خاک‌های آهکی مناطق خشک و نیمه خشک دچار کمبود روی هستند (۵،۱۰). در ایران کمبود شدید روی در اراضی زیر کشت غلات به ویژه گندم از مشکلات جدی می‌باشد (۱۸). مطالعات متعدد نشان داده است که تولید محصول غلات از جمله جو تحت تأثیر کمبود روی کاهش قابل توجهی داشته است (۳۰). حساسیت گیاهان به کمبود روی در شرایط تنش خشکی شدیدتر از معمول بوده و به نظر می‌رسد اثر متقابل ژنوتیپ × محیط شاید میزان تحمل ژنوتیپ‌ها را تحت تاثیر قرار دهد (۳۲).

در طول دهه‌های گذشته، افزایش میزان عناصر معدنی از جمله روی در بذور اصلاحی کمتر مورد توجه اصلاحگران و برنامه‌های اصلاحی بوده، چرا که همواره کمیت بر کیفیت ارجحیت داشته است. علی‌رغم این، افزایش کارآیی میزان جذب و افزایش میزان عناصر معدنی در بذور گیاهان زراعی توسط اصلاح نباتات امکان‌پذیر می‌باشد (۲۷). در این ارتباط، اقداماتی در زمینه سلکسیون و اصلاح برای یافتن ژنوتیپ‌هایی با کارایی بالا در جذب و بهره‌وری روی شروع

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

شده است. توانایی ژنوتیپ‌ها در جذب و استفاده از روی متفاوت از یکدیگر بوده و به توانایی آنها در جذب بوسیله ریشه و نیز بهره‌وری استفاده از روی در داخل گیاه بستگی دارد (۱۹).

با توجه به اهمیت عناصر غذائی در بهبود خصوصیات کمی و کیفی محصولات زراعی از جمله جو، می‌توان از نشانگرهای مولکولی برای شناسایی جایگاه کروموزمی ژن‌های مؤثر در جذب و تجمع این عنصر در جو استفاده کرد، در گیاهان زراعی مختلف از نشانگرهای مولکولی استفاده شده است (۴۴،۱۲). این موضوع، امکان گزینش سریع و دقیق ژنوتیپ‌های مطلوب را در مراحل اولیه رشد فراهم کرده و طول دوره به‌نژادی را کوتاه، مؤثر و کم هزینه می‌نماید. استفاده از نشانگرها و استفاده از آن در مکان‌یابی موجب افزایش اطلاعات مفید و مناسب از جنبه‌های پایه وکاربردی اصلاح نباتات خواهد گردید. انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی راه‌حلی است که دست‌آورد زیست‌شناسان مولکولی برای متخصصان اصلاح نباتات می‌باشد. اطلاعات محدودی در مورد کنترل ژنتیکی و مکانیسم‌های فیزیولوژیک موثر در تجمع کلسیم و سایر عناصر در دانه غلات وجود دارد. در طی دو دهه گذشته از نشانگرهای مولکولی متعددی برای مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات زراعی مختلف استفاده شده است. ابداع نشانگرها تجزیه ژنتیکی صفات کمی را تسریع کرده و مکان‌یابی ژنومی این قبیل صفات را امکان‌پذیر کرده است.

گازمن و همکاران (۱۱) QTLهای مرتبط با غلظت سه عنصر Zn, Fe, Ca را به‌عنوان یکی از مهم‌ترین اجزای معدنی برای کیفیت دانه لوبیا (*Phaseolus vulgaris* L.) مورد مطالعه و شناسایی قرار دادند. لیو و همکاران (۱۶) QTLهای مرتبط با غلظت هفت عنصر Fe, Zn, Cu, Ca, P, B, Mg, را در اندام هوایی لاین‌های دابلدهاپلوئید کلزای که تحت شرایط نرمال و در شرایط هیدروپونیک کشت شده بودند، را مکان‌یابی کردند. در مجموع ۳۵ عدد QTL برای غلظت عناصر در بخش هوایی در ۱۴ گروه پیوستگی شناسایی شد. همچنین سون و همکاران (۳۶) QTLهای مرتبط با محتوای هشت عنصر P, Mg, Ca, Cu, Mn, Zn, Fe و K را در دانه برنج مکان‌یابی کردند. در این زمینه پلک و همکاران (۲۲) تنوع ژنتیکی بالایی برای محتوای عناصر کاتیون‌دار (Na, Fe, Mg, P, Ca, Mn, K, Zn) در دانه لاین اینبرد نوترکیب Arabidopsis thaliana گزارش کردند که سه QTL روی کروموزوم ۱، ۳ و ۵ برای محتوای Ca مکان‌یابی گردید. صادق‌زاده و همکاران (۳۳) برای مکان‌یابی نواحی ژنومی مرتبط با غلظت و محتوای Zn ۱۵۰ لاین هاپلوئید مضاعف حاصل از تلاقی دو رقم جو زراعی Clipper و Sahara3771 را با استفاده از نشانگرهای MFLP ارزیابی کردند و یک جایگاه در بازوی کوتاه کروموزوم 2H شناسایی کردند. این QTL با بهبود کیفیت تغذیه‌ای و قابلیت تولید در محیط‌های دارای کمبود Zn ارتباط داشت. آن‌ها رابطه معنی‌داری بین نشانگر SZnR1 و غلظت و محتوای Zn در بذر گزارش کردند.

علی‌رغم وجود این قبیل مطالعات، ولی تحقیقات محدودی در زمینه تعیین نواحی ژنومی مؤثر در افزایش غلظت و محتوای عناصر در لاین‌های جو بانک ژن ایرانی انجام شده است. از اینرو شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با جذب و تجمع روی می‌تواند به افزایش کارائی عناصر منتهی شود. به‌علاوه تعیین نحوه توارث و محل ژنومی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات می‌تواند کمک شایانی به تولید ارقام با کارایی جذب بالای عناصر حیاتی در جو نماید. از اینرو این تحقیق با هدف مطالعه میزان تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های بومی و ارقام معرفی‌شده و لاین‌های امیدبخش جو در جذب و تجمع عنصر روی تحت شرایط دیم سردسیر و همچنین تعیین نواحی ژنومی مؤثر در افزایش کارایی عنصر روی در جو برای استفاده در برنامه‌های اصلاح جو انجام خواهد گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد مطالعه شامل ۱۲۱ ژنوتیپ جو که شامل ژنوتیپ‌های بومی از کشورهای مختلف، لاین‌های پیشرفته جو دیم، ارقام دیم محلی و معرفی شده ایران می‌باشند (جدول ۱).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

جدول ۱- لیست و مشخصات ژنوتیپ‌های جو مورد مطالعه

Table 1. List and characteristics of studied barley genotypes

ژنوتیپ	شماره نمونه	نام/منشاء	ژنوتیپ	شماره نمونه	نام/منشاء	ژنوتیپ	شماره نمونه	نام/منشاء
۱	۷۱۴۱۱	انگلیس	۴۲	۷۲۴۹۸	ایران	۸۳	۷۲۷۲۶	ایران
۲	۷۱۴۱۱	انگلیس	۴۳	۷۲۴۹۸	ایران	۸۴	۷۲۳۷۲	چین
۳	۷۱۴۲۶	الجزایر	۴۴	۷۲۵۰۰	ایران	۸۵	۷۲۳۸۲	چین
۴	۷۱۴۲۶	الجزایر	۴۵	۷۲۵۲۰	ایران	۸۶	۷۲۴۷۲	ایران
۵	۷۱۴۸۲	آمریکا	۴۶	۷۲۵۲۲	ایران	۸۷	۷۲۴۷۲	ایران
۶	۷۱۵۳۰	روسیه	۴۷	۷۲۵۲۴	ایران	۸۸	۷۲۴۸۲	ایران
۷	۷۱۵۳۰	روسیه	۴۸	۷۲۵۲۴	ایران	۸۹	۷۲۵۵۳	آذربایجان
۸	۷۱۵۳۸	اسپانیا	۴۹	۷۲۵۲۴	ایران	۹۰	۷۲۵۸۸	ایران
۹	۷۱۵۳۸	اسپانیا	۵۰	۷۲۵۴۵	ایران	۹۱	۷۲۶۴۶	ایران
۱۰	۷۱۵۵۷	مصر	۵۱	۷۲۵۴۶	ایران	۹۲	۷۲۶۴۶	ایران
۱۱	۷۱۵۷۶	مصر	۵۲	۷۲۵۵۰	آمریکا	۹۳	۷۲۶۸۰	ایران
۱۲	۷۱۶۰۸	مصر	۵۳	۷۲۵۵۷	آذربایجان	۹۴	۷۲۶۸۰	ایران
۱۳	۷۱۶۵۷	مصر	۵۴	۷۲۵۵۷	آذربایجان	۹۵	۷۲۶۸۶	ایران
۱۴	۷۱۶۶۳	هندوستان	۵۵	۷۲۵۶۲	ایران	۹۶	۷۲۷۰۴	ایران
۱۵	۷۱۷۰۴	اتیوپی	۵۶	۷۲۵۶۵	ایران	۹۷	۷۲۷۴۴	ایران
۱۶	۷۱۸۵۰	پاکستان	۵۷	۷۲۵۶۶	ایران	۹۸	۷۲۷۴۷	ایران
۱۷	۷۱۹۳۸	پاکستان	۵۸	۷۲۵۶۶	ایران	۹۹	CWB117-77-9-7/3/TOKA	ناشناس
۱۸	۷۱۹۳۸	چین	۵۹	۷۲۵۶۶	ایران	۱۰۰	Tokak/Demir-2	ناشناس
۱۹	۷۲۱۱۳	چین	۶۰	۷۲۵۶۸	ایران	۱۰۱	Zarjau/80-5151//DZ-40-	ناشناس
۲۰	۷۲۲۹۵	چین	۶۱	۷۲۵۸۱	ایران	۱۰۲	AZE-Lerik-ICB-123363/	ناشناس
۲۱	۷۲۲۹۵	چین	۶۲	۷۲۵۸۴	ایران	۱۰۳	CWB117-5-9-5//CWB1	ناشناس
۲۲	۷۲۲۹۵	چین	۶۳	۷۲۵۸۷	ایران	۱۰۴	Ste/Antares//YEA762-	ناشناس
۲۳	۷۲۳۲۲	چین	۶۴	۷۲۶۰۲	ایران	۱۰۵	Alpha/Gumhuriyet//Sonja	ناشناس
۲۴	۷۲۳۲۲	چین	۶۵	۷۲۶۱۱	ایران	۱۰۶	ماکویی	ایران
۲۵	۷۲۳۲۲	چین	۶۶	۷۲۶۴۶	ایران	۱۰۷	سهند	ایران
۲۶	۷۲۳۲۲	چین	۶۷	۷۲۶۴۷	ایران	۱۰۸	آبیدر	ایران
۲۷	۷۲۳۶۸	چین	۶۸	۷۲۶۴۹	ایران	۱۰۹	Dayton/Ranney	ایکاردا
۲۸	۷۲۳۶۸	چین	۶۹	۷۲۶۵۰	ایران	۱۱۰	Yea/168	ایکاردا
۲۹	۷۲۳۶۸	چین	۷۰	۷۲۶۵۳	ایران	۱۱۱	دانمارک	ایکاردا
۳۰	۷۲۳۶۸	چین	۷۱	۷۲۶۵۵	ایران	۱۱۲	Obruk-86	ترکیه
۳۱	۷۲۴۰۶	چین	۷۲	۷۲۶۶۴	ایران	۱۱۳	ناشناس	ناشناس
۳۲	۷۲۴۰۶	چین	۷۳	۷۲۶۶۵	ایران	۱۱۴	بلبل	ترکیه
۳۳	۷۲۴۳۹	چین	۷۴	۷۲۶۶۶	ایران	۱۱۵	دیکتو	روسیه
۳۴	۷۲۴۳۹	چین	۷۵	۷۲۶۶۸	ایران	۱۱۶	رادیکال	روسیه
۳۵	۷۲۴۳۹	چین	۷۶	۷۲۶۷۲	ایران	۱۱۷	دوبرنیا	روسیه
۳۶	۷۲۴۶۶	ایران	۷۷	۷۲۶۷۳	ایران	۱۱۸	ناشناس	ناشناس
۳۷	۷۲۴۷۲	ایران	۷۸	۷۲۶۷۴	ایران	۱۱۹	ناشناس	ناشناس
۳۸	۷۲۴۸۰	ایران	۷۹	۷۲۶۷۵	ایران	۱۲۰	ChiC/An57//Albert	ناشناس
۳۹	۷۲۴۸۰	ایران	۸۰	۷۲۶۸۴	ایران	۱۲۱	Pamir-65/Pamir-15	ناشناس
۴۰	۷۲۴۸۸	ایران	۸۱	۷۲۶۸۹	ایران			
۴۱	۷۲۴۹۴	ایران	۸۲	۷۲۷۰۳	ایران			

با توجه به تجزیه‌های فیزیکی و شیمیایی خاک محل ایستگاه در محل اجرای آزمایش (جدول ۱) میزان ازت خاک کمتر از میزان نیاز گیاه زارعی بود. از اینرو ازت مصرفی براساس فرمول کودی رایج در ایستگاه (N60) از منبع اوره که N40 آن در پاییز و بقیه در بهار بصورت سرک داده شد (۸). بعلاوه فسفر مصرفی به میزان ۲۰ کیلوگرم (پنتا اکسید فسفر) در هکتار بود که تماماً در پاییز مصرف شد. فسفر و ازت مصرفی در پاییز با استفاده از دستگاه مناسب با فواصل خطوط ۲۰ سانتی‌متر در عمق ۶-۴ سانتی‌متری در زیر بستر بذر جایگذاری گردید.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

جدول ۱- مشخصات فیزیکو-شیمیایی خاک در این تحقیق

Table 2. Physico-chemical properties of soil in this study

مواد آلی (درصد)	EC (دسی‌زیمنس بر متر)	pH	فسفر (میلی گرم/کیلوگرم)	آهن (میلی گرم/کیلوگرم)	روی (میلی گرم/کیلوگرم)	منگنز (میلی گرم/کیلوگرم)	رس (درصد)	شن (درصد)	سیلت (درصد)
۰/۶	۰/۴۵	۷/۸	۱۲	۷	۰/۶	۱۲	۴۰	۳۸	۲۲

ژنوتیپ‌ها و ارقام جو زراعی به منظور بررسی تنوع ژنتیکی در کارآیی استفاده از روی و انتخاب ژنوتیپ‌های کارآ در جذب و تجمع روی در بذر برای مناطق سردسیر دیم کشور، در کرت‌هایی به ابعاد ۶ خط ۳ متری به فاصله خطوط ۲۰ سانتی‌متری و با تراکم ۴۰۰ بذر در مترمربع در پاییز کشت شدند. آزمایش در قالب طرح لاتیس مربع با دو تکرار و تعداد ۱۲۱ ژنوتیپ جو در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم کشور (ایستگاه مراغه) اجرا گردید.

پس از رسیدگی کامل بذر، به طور تصادفی تعداد ۱۰ بوته از هر کرت (ژنوتیپ‌ها) برداشت شده، بذور آنها استحصال و پس از خشک کردن (در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۷۲ ساعت)، وزن خشک بذرها اندازه‌گیری شد. جهت اندازه‌گیری غلظت و میزان روی در بذر هر ژنوتیپ، تعداد ۳۰ بذر تصادفی از هر ژنوتیپ (خشک شده در آون در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۴۸ ساعت) در کروسه‌های چینی ریخته شده و در دمای ۵۵۰ درجه سانتی‌گراد در کوره به مدت ۱۴ ساعت به خاکستر تبدیل گردید. خاکستر حاصل از بذر هر ژنوتیپ در ۱۰ میلی‌لیتر اسید کلریدریک (۳۰٪ v/v) به مدت ۳۰ دقیقه حل شد. محلول حاصل بعد از ته‌نشینی مواد ریز معلق (بعد از یک روز) توسط دستگاه اتمیک (Atomic Absorption Spectrophotometry) برای تعیین میزان روی قرائت گردید. برای اطمینان از صحت اندازه‌گیری روی، از مواد رفرنس و نیز بلنک استفاده شد. محتوای روی در بوته و بذر با عمل ضرب مقدار غلظت در وزن بذر برای هر ژنوتیپ محاسبه شد.

ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی به صورت زیر محاسبه گردید:

$$PCV = \frac{\sqrt{\sigma_{ph}^2}}{\bar{x}} \times 100$$

$$GCV = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}} \times 100$$

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_r - MS_e}{r} \qquad \sigma_{ph}^2 = \sigma_g^2 + MS_e$$

جهت تعیین نقشه ژنتیکی، استخراج DNA، از روش CTAB (۳۴) و همچنین برای تعیین کمّیت و کیفیت نمونه‌های DNA، از روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز ژل اگارز ۰/۸ درصد استفاده گردید. جهت ارزیابی ساختار جمعیت و تجزیه ارتباط، از تعداد ۱۴۹ نشانگر ریزماهواره استفاده گردید (جدول ۳). بر اساس نقشه‌های ژنتیکی موجود، این نشانگرها از هفت کروموزوم جو انتخاب گردیدند که طول نشانگرها جمعا ۹۹۹/۰۳ و میانگین فاصله نشانگرها از هم ۷/۱ سانتی مورگان متغیر بود که توانستند پوشش ژنومی مناسب را بدهند (۲۳،۴۰،۴۲).

جدول ۳- مشخصات نشانگرهای SSR استفاده شده برای تهیه نقشه ژنتیکی

Table 3. Specifications of SSR markers used to prepare a genetic map

کد نشانگر	منبع نشانگر	منبع
Bmac, EBmac	DNA ژنومی (AC repeats)	(۲۲)
EBmatc	DNA ژنومی (ATC repeats)	(۲۲)
GMS	Genomic DNA libraries	(۳۴،۱۵)
GBMS	Genomic DNA libraries	(۱۵)
HVM	Genomic DNA and genes	(۳۳،۱۶)
GBM	ESTs جو	(۳۸،۳۶)
scSSR	ESTs جو	(۲۵،۲۳)

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز در حجم ۱۰ میکرولیتر انجام شد (جدول ۴). چرخه‌های حرارتی شامل یک چرخه واسرشت‌سازی اولیه به مدت ۵ دقیقه در دمای ^{o}C ۹۴، ۳۵ چرخه با واسرشت‌سازی در دمای ^{o}C ۹۴ به مدت یک دقیقه، اتصال آغازگر به مدت یک دقیقه در دمای اختصاصی آنها و بسط در دمای ^{o}C ۷۲ به مدت دو دقیقه و نهایتا یک چرخه به مدت ۷ دقیقه در دمای ^{o}C ۷۲ بود. تفکیک محصولات تکثیری با استفاده از الکتروفورز ژل پلی‌اکریلامید ۴ درصد در دستگاه ژل اسکن ۳۰۰۰ (شرکت Corbett Robotics) صورت گرفت.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

جدول ۴- اجزای مورد استفاده در PCR برای تجزیه ریزماهواره‌ها
Table 4. Components used in PCR for microsatellite decomposition

اجزای واکنش	مقادیر (میکرولیتر)
DNA ژنومی	۲
آغازگر پیشرو	۰/۶
آغازگر پسرو	۰/۶
Master mix*	۴
آب دیونیزه	۲
Bovine Serum Albumin (BSA)	۱

*: Mater mix (2x) حاوی اجزای زیر با غلظت‌های تعیین شده می‌باشد: ۷۵ میلی‌مولار Tris-Hc با pH ۵/۸، ۲ میلی‌مولار نمک (NH4)2SO4، ۱/۵ یا ۲ میلی‌مولار نمک MgCl2، ۰/۲٪ از Tween 20 2.0 میلی‌مولار dNTP، units/µL Ampliqon Taq DNA Polymerase ۰/۰۲۵ ماده رنگی Dye قرمز و ثابت کننده

تجزیه داده‌های فنوتیپی و آزمون نرمال بودن داده‌ها و همگنی واریانس‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد. نرمال بودن داده‌ها با استفاده از آزمون کولموگروف- اسمیرنو انجام شد. قبل از تجزیه پیوستگی، نشانگرهای چند شکل، پس از بررسی تفرق مندلی، آزمون نسبت ۱:۱ برای هر جایگاه با نرم‌افزار MapDisto (۱۷) انجام و تهیه نقشه پیوستگی با استفاده از برنامه JoinMap 4 (۳۹) با فرض حداقل LOD=۳ و حداکثر فاصله ۵۰ سانتی‌مورگان بین دو نشانگر مجاور رسم شد. از مدل خطی عمومی (GLM) (۴۳)، برای تجزیه ارتباط بین داده‌های ژنوتیپی و فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار TASSEL v.2.1 (۲) استفاده گردید. در این خصوص از ماتریس عضویت افراد (Q matrix) به‌عنوان اثر ثابت برای تصحیح اثر ساختار جمعیت در مدل GLM استفاده شد. داده‌های حاصل به برنامه Windows Cartographer 2.5 (۴۱) بر اساس روش مکان‌یابی مرکب منتقل و برای QTLهای مکان‌یابی شده اثر افزایشی و سهم آن‌ها در تبیین واریانس فنوتیپی صفات تعیین شد.

نتایج و بحث

بر اساس نتایج تجزیه واریانس، بین ژنوتیپ‌ها برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر اختلاف آماری معنی‌دار وجود داشت (جدول ۵). دامنه تغییرات تمامی صفات مورد مطالعه بسیار زیاد بود که نشانگر وجود تنوع ژنتیکی بسیار زیاد بین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه می‌باشد (جدول ۶).

با توجه به میزان بالای وراثت‌پذیری عمومی صفات غلظت و محتوای روی در بذر می‌توان گفت که اصلاح برای این صفات می‌تواند مؤثر بوده و این صفات می‌توانند در محیط‌های مختلف پایداری نیز نشان دهند. بالا بودن میزان وراثت‌پذیری نشانگر نقش کمتر محیط در کنترل این صفات و همچنین تنوع ژنتیکی زیادتر این صفات در بین لاین‌های مورد مطالعه می‌باشد. جهت تعیین میزان تنوع موجود در درون صفات اقدام به محاسبه ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV) و فنوتیپی (PCV) گردید. در کلیه صفات ضریب تغییرات فنوتیپی بزرگ‌تر از ضریب تغییرات ژنوتیپی بود. بالاترین ضرایب تغییرات ژنوتیپی را صفات گروه غلظت و محتوای روی داشتند؛ که نشانگر وجود تنوع زیاد در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای این صفات بود. صفات غلظت و محتوای روی در بوته بیشترین میزان ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی را نشان دادند. این امر می‌تواند به ماهیت تغییرپذیر این صفات مرتبط باشد. وجود چنین تنوعی امکان انتخاب ژنوتیپ‌های کارا برای جذب و تجمع روی در برنامه‌های اصلاحی را امکان‌پذیر می‌کند. کمترین ضریب تغییرات ژنوتیپی نیز مربوط به صفات ارتفاع و شاخص برداشت بود (جدول ۵). به‌علاوه، میزان تغییرات این صفات در این جمعیت از توزیع نرمالی تبعیت می‌کرد چرا که توزیع متغیرها در جامعه تقریباً به‌صورت متقارن در طرفین میانگین آن صفت بود، هر چند که در برخی صفات اندکی چولگی نیز مشاهده می‌شد (شکل ۱).

جدول ۵- تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها برای صفات میزان و غلظت روی (Zn) در بذر
Table 5. Analysis of variance of genotypes for the traits of zinc concentration (Zn) in plant and seed

صفات	میانگین مربعات		ضریب تغییرات (درصد)	ضریب تغییرات ژنوتیپ (درصد)	ضریب تغییرات فنوتیپ (درصد)	وراثت‌پذیری عمومی (درصد)
	ژنوتیپ (df=۱۲۰)	خطا (df=۱۲۰)				
غلظت روی بذر	۳۱۴/۱**	۲۰۱	۳۲	۱۷	۲۸	۳۶
محتوی روی بذر	۰/۳۷۸**	۰/۲۳	۳۰	۱۷	۲۷	۴۱

**: معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد

برای صفت غلظت روی در بذر، وجود دامنه تغییرات ۹۴-۱۲ میلی‌گرم روی در کیلوگرم بذر، نشانگر تنوع ژنتیکی زیاد بین ژنوتیپ‌ها بود. متوسط غلظت روی در بذر تمامی لاین‌ها ۴۴ میلی‌گرم بود. متوسط غلظت روی در ژنوتیپ‌های بومی بانک ژن (۴۳ میلی‌گرم) کمتر از متوسط لاین‌های پیشرفته و ارقام دیم (۴۶ میلی‌گرم) بود، این میزان برای رقم شاهد سهند ۳۴ میلی‌گرم بود (جدول ۶).

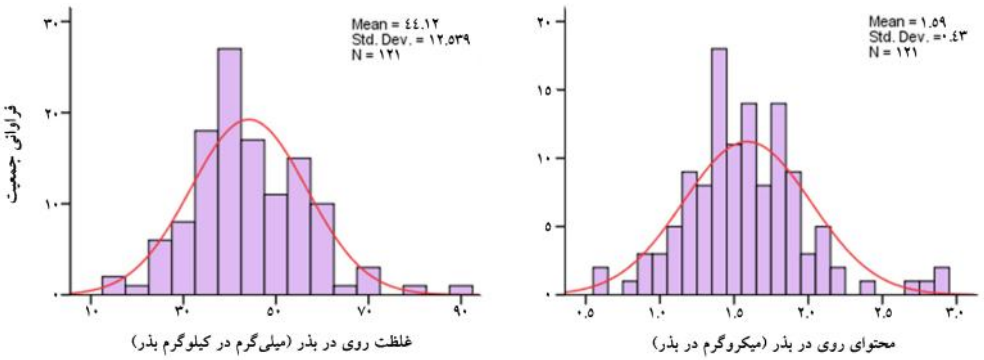
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

جدول ۶- حداقل، حداکثر و میانگین صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه (اعداد داخل پارانتز شماره لاین‌ها را نشان می‌دهد)
Table 6. Minimum, Maximum, and Average Traits in Genotypes (Intra-Parent Number Line Lines)

صفات	حداقل	حداکثر	میانگین (متوسط)	انحراف استاندارد
غلظت روی بذر (میلی‌گرم در کیلوگرم)	۱۲ (۵)	۹۴ (۳۹)	۴۴	۱۲/۷
محتوی روی بذر (میلی‌گرم در کیلوگرم)	۰/۵ (۵)	۳/۱ (۳۶)	۱/۶	۰/۴۴

برای محتوای روی در بذر نیز تنوع وسیعی مابین لاین‌ها مشاهده گردید. دامنه تغییرات میزان روی در هر بذر ۳/۱-۰/۵ میکروگرم (جدول ۶) بود. با توجه به همبستگی مثبت و بسیار زیاد ما بین غلظت و محتوای روی در بذر (r = ۰/۸۸)، عموما ژنوتیپ‌هایی با غلظت روی بیشتر، از محتوای روی بالاتری نیز برخوردار بودند. محتوای روی در بذر لاین‌های پیشرفته و ارقام دیم ۱۱ درصد بیش از ژنوتیپ‌های بومی بود. با توجه به اینکه در سلکسیون لاین‌های مطلوب برای شرایط خشک دیم داشتن وزن دانه بیشتر یکی از معیارهای اصلی برای انتخاب مواد می‌باشد، به همین دلیل بذور بزرگتر لاین‌های پیشرفته همراه با عملکرد بذر بیشتر آنها منجر به افزایش میزان روی آنها گردیده است، چرا که در این مطالعه نیز بین وزن دانه و محتوای روی در دانه همبستگی مثبت (r = ۰/۱۷) مشاهده می‌گردد. به‌عبارت بصورت غیر مستقیم به انتخاب ژنوتیپ‌های کارا از نظر جذب روی نیز منجر شده است. از خصوصیات ارقام دیم می‌توان به داشتن ریشه‌های عمیق و حجیم اشاره کرد که می‌تواند به جذب بیشتر عناصر غذایی نظیر روی از خاک نیز منجر شود (۶،۳۱). از طرف دیگر، احتمالاً تحمل بیشتر لاین‌های پیشرفته و ارقام دیم به تنش خشکی به کارایی این ژنوتیپ‌ها در جذب و تجمع روی مربوط باشد، با توجه به اینکه عنصر روی نقش مهمی در تعدیل اثرات منفی تنش خشکی با کاهش تولید و نیز غیر سمی کردن اکسیژن فعال (ROS) (reactive oxygen species) القا شده بوسیله تنش خشکی به کمک آنزیم‌های ضد اکسیداسیونی موجود در کلروپلاست نظیر سوپر اکسید دسموتاز (SOD) (۴،۳) دارد.



شکل ۱- توزیع فنوتیپی میانگین صفات غلظت و محتوای روی در بذر از ۱۲۱ ژنوتیپ جو
Figure 1. Phenotypic Distribution of Zinc Content and Zinc Content in Seeds in 121 Genotypes of Barley

در ارتباط با صفت غلظت عنصر روی در بذر جو، ۵ عدد QTL روی کروموزوم‌های 2H، 3H، 4H و 5H شناسایی شدند که در مجموع ۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی غلظت روی در بذر را تبیین کردند (جدول ۷). در بین این نشانگرها، نشانگر ریزماهواره BMAG0720 بیشترین میزان (۲۵٪) ضریب تبیین واریانس فنوتیپی صفت (R2) را به خود اختصاص داد. این نشانگر همچنین ۲۳ درصد از تغییرات فنوتیپی صفت محتوای روی در بذر را نیز تبیین می‌کرد (جدول ۷). ارتباط این نشانگر قبلاً برای صفات طول سنبله، وزن دانه توسط میکولاژاک و همکاران (۲۱)، برای صفات طول پدانکل و ارتفاع گیاه جو در بررسی جمعیت حاصل از تلاقی Arta × Keel تحت شرایط خشک گزارش گردیده است (۲۵). بعلاوه، صادق‌زاده و همکاران (۳۳،۳۲) در مطالعه جمعیت دابل‌هاپلوئید تحت شرایط مزرعه‌ای و گلخانه‌ای گزارش نمودند که بازوی بلند و کوتاه کروموزوم شماره ۲ در کنترل غلظت و محتوای عنصر روی در بذر بسیار مؤثر هستند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

جدول ۷– QTLهای شناسایی شده برای صفات غلظت و محتوای عنصر روی در بذر جو به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب
Table 7. Identified QTLs for the traits of concentration and content of Zn element in barley seed by compound spacing method

عنصر	نشانگر مرتبط	نقشه	GLM		
			-log10 adjusted P	R^2 model	R^2 marker
غلظت روی بذر (میلی‌گرم در کیلوگرم ماده خشک)	GBM1293	5H	۳	۰/۱۱	۰/۱۱
	BMAG0720	2H	۳	۰/۲۵	۰/۲۵
	GMS116	3H	۳	۰/۲۲	۰/۲۲
	GBM1552	-	۳	۰/۱۰	۰/۱۰
	HVBAMY	4H	۳	۰/۱۳	۰/۱۳
محتوی روی بذر (میلی‌گرم در کیلوگرم)	GMS116	3H	۳	۰/۲۵	۰/۲۴
	BMAG0720	2H	۲/۳	۰/۲۴	۰/۲۳
	HVBAMY	4H	۱/۶	۰/۱۲	۰/۱۱
	HVM51	4H	۱/۶	۰/۱۰	۰/۹
	GBM1552	-	۱/۶	۰/۱۰	۰/۹

پنج نشانگر ریزماهواره بر روی کروموزم‌های ۲، ۳ و ۴ با صفت محتوای روی در بذر ارتباط معنی‌دار نشان دادند که در مجموع ۷۶ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را تبیین نمودند، که چهار عدد از آنها کنترل‌کننده غلظت روی در بذر نیز بودند (جدول ۷). با توجه به وجود همبستگی بسیار زیاد محتوای روی با غلظت آن در بذر (۲۷،۲۹)، وجود این نواحی ژنومی مشترک برای این صفات قابل درک و توجیه می‌باشد. در بین این نشانگرها، جایگاه ریزماهواره GMS116 با بیشترین تاثیر روی صفت محتوای عنصر روی، پیش از این به عنوان نشانگر پیوسته با QTL طول سنبله در یک جمعیت جو مطالعه شده در چندین مکان و سال تحت شرایط خشک شناسایی شده بود (۱۳).

به‌طور خلاصه نتایج این تحقیق وجود تنوع ژنتیکی زیادی در بین ژنوتیپ‌های جو برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر را نشان داد. به‌علت وجود همبستگی مثبت بین وزن دانه و محتوای روی بذر، با انتخاب ژنوتیپ‌هایی با بذور بزرگتر می‌توان به گیاهی با محتوای روی بیشتر دست یافت. در کوتاه مدت، در نواحی با کمبود شدید روی، استفاده از کود روی، روشی سریع و کارا در تأمین نیازهای گیاه خواهد بود. البته جهت دستیابی به یک راه‌حل اساسی و پایدار برای تصحیح کمبود روی، استفاده از ژنوتیپ‌های کارا در جذب و استفاده از روی می‌تواند به‌عنوان تکمیل‌کننده کاربرد کود روی در نظر گرفته شود. با شناسایی QTLهای بزرگ اثر برای صفات غلظت و محتوای روی در بذر جو، سودمندی استفاده از نشانگرهای مولکولی در نقشه‌یابی ژنی برای این قبیل صفات را نشان می‌دهد که از این پتانسیل می‌توان برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS) در آینده‌ای نزدیک در برنامه‌های اصلاح برای بهبود ارزش تغذیه‌ای جو و مبارزه با گرسنگی پنهان استفاده کرد.

منابع

1. Agricultural Statistics. 2017. Deputy Minister of Planning and Economics of Ministry of Agriculture, Volume 1, (Crop and Gardening).
2. Bradbury, P.J., Z. Zhang, D.E. Kroon, T.M. Casstevens, Y. Ramdoss and E.S. Buckler. 2007. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. Bioinformatics, 23: 2633-2635.
3. Cakmak, I. 2000. Possible roles of zinc in protecting plant cells from damage by reactive oxygen species. The New Phytologist 146: 185-205.
4. Cakmak, I. and H. Marschner. 1988. Enhanced superoxide radical production in roots of zinc-deficient plants. Journal of Experimental Botany 39: 1449-1460.
5. Cakmak, I., R. Graham and R.M. Welch. 2002. Agricultural and molecular genetic approaches to improving nutrition and preventing micronutrient malnutrition globally, in: I. Cakmak and R. M. Welch, (eds.) Encyclopedia of Life Support Systems, 1075-1099. Eolss Publishers, Oxford, 1075-1099 pp.
6. Chen, W.R., Z.L. He, X.E. Yang and Y. Feng. 2009. Zinc Efficiency is correlated with Root Morphology, Ultrastructure, and Antioxidative Enzymes in Rice. Journal of Plant Nutrition, 32: 287-305.
7. Erkan, H., S. Celik, B. Bilgi and H. Koksel. 2006. A new approach for the utilization of barley in food products: Barley tarhana. Food Chemistry, 97: 12-18.
8. Feiziasl, W. and Gh. Valizadeh. 2003. Effect of time and nitrogen consumption on wheat crop performance. Journal of Soil and Water, 17(1): 29-38.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

9. Food and Agriculture Organization of the United States. FAOSTAT [Internet]. 2018 [cited 2018 October 3]. Available from: http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize
10. Graham, R.D. and R.M. Welch. 1996. Breeding for staple-food crops with high micronutrient density Working Papers on Agricultural Strategies for Micronutrients, No. 3. International Food Policy Research Institute, Washington, D.C.
11. Guzman-Maldonado, S.H., O. Martinez, J.A. Scosta-Gallegos, F. Guevara-Lara and O. Paredes-Lopez. 2003. Putative quantitative trait loci for physical and chemical components of common bean. Crop Sciense, 43: 1029-1035.
12. Hatami-Maleki, H., N. Abdi, R. Darvishzadeh and M. Jafari. 2017. Mapping QTLs Controlling Drought Tolerance Indices in Sunflower (*Helianthus annus* L.). jcb, 8(20): 235-228.
13. Lakew, B., R.J. Henry, S. Ceccarelli, S. Grando, J. Eglinton and M. Baum. 2013. Genetic analysis and phenotypic associations for drought tolerance in Hordeum spontaneum introgression lines using SSR and SNP markers. Euphytica, 189: 9-29.
14. Li, J.Z., T.G. Sjakste, M.S. Roder and M.W. Ganal. 2003. Development and genetic mapping of 127 new microsatellite markers in barley. Theoretical and Applied Genetics, 107: 1021-1027.
15. Liu, J., J. Yang, R. Li, L. Shi, Ch. Zhang, Y. Long, F. Xu and J. Meng. 2009. Analysis of genetic factors that control shoot mineral concentration in rapeseed (Brassica napus) in different boron environments.Plant and Soil, 320: 255-266.
16. Liu, Z.W., R.M. Biyashev and M.A. Saghai Maroof. 1996. Development of simple sequence repeat DNA markers and their integration into a barley linkage map. Theoretical and Applied Genetics, 93: 869-876.
17. Lorieux, M. 2012. MapDisto: fast and efficiency computation of genetic linkage map Mol. Breed, 30: 1231-1235.
18. Majd, A.N., M. Fazel and S. Lak. 2015. The effect of foliar application of zinc (Zn) on yield and yield components of irrigated wheat cultivars in Ahvaz weather conditions. Int J Biosci, 6(3): 370-377.
19. Marschner, H. 1998. Role of root growth, arbuscular mycorrhiza, and root exudates for the efficiency in nutrient acquisition. Field Crops Research, 56: 203-207.
20. Martínez, M., M. Motilva, J. delas M. Hazas, C.L. Romero, M.P.K.Vaculova and I.A. Ludwig. 2018. Phytochemical composition and β-glucan content of barley genotypes from two different geographic origins for human health food production. Food chem, 245: 61-70.
21. Mikołajczak, K., P. Ogrodowicz, K. Gudyś, K. Krystkowiak, A. Sawikowska, W. Frohmberg, A. Górny, A. Kędziora, J. Jankowiak and D. Józefczyk. 2016: Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. PLoS One 11, e0155938. doi:10.1371/journal.pone.0155938.
22. Peleg, Z., I. Cakmak and I. Ozturk. 2009. Quantitative trait loci conferring grain mineral nutrient concentration in durum wheat × wild emmer wheat RIL Population . Theoretical and Applied Genetics, 119: 353-369.
23. Ramsay, L., M. Macaulay, D.S. Ivanissevich, K. MacLean, L. Cardle, J. Fuller, K.J. Edwards, S. Tuvesson, M. Morgante, A. Massari, E. Maestri, N. Marmiroli, T. Sjakste, M. Ganal, W. Powell and R. Waugh. 2000. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. Genetics, 156: 1997-2005.
24. Ramsay, L., J. Russell, M. Macaulay, A. Booth, W.T.B. Thomas and R. Waugh. 2004. Variation shown by molecular markers in barley: Genomic and genetic constraints. Aspects of Applied Biology, 72: 147-154.
25. Rollins, J.A., B. Drosse, M.A. Mulki, S. Grando, M. Baum, M. Singh, S. Ceccarelli and M. von Korff, 2013. Variation at the vernalisation genes Vrn-H1 and Vrn-H2 determines growth and yield stability in barley (Hordeum vulgare) grown under dryland conditions in Syria. Theoretical and Applied Genetics, 126: 2803-2824.
26. Rostoks, N., S. Mudie, L. Cardle, J. Russell, L. Ramsay, A. Booth, J.T. Svensson, S.I. Wanamaker, H. Walia, E.M. Rodriguez, P.E. Hedley, H. Liu, J. Morris, T.J. Close, D.F. Marshall and R. Waugh, 2005. Genome-wide SNP discovery and linkage analysis in barley based on genes responsive to abiotic stress. Molecular Genetics and Genomics, 274: 515-527.
27. Sadeghzadeh, B. 2013. A review of zinc nutrition and plant breeding. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 13: 905-927.
28. Sadeghzadeh, B. and G. Valizadeh. 2016. Soil-zinc application alleviates drought stress to improve bread and durum wheat production under cold rainfed conditions 15th International Cereal and Bread Congress, 18-21 Apr. 2016, Istanbul, Turkey, 241.
29. Sadeghzadeh, B., N. Sadeghzadeh and E. Sepehr. 2016. Barley genotypes differing in zinc efficiency when grown in various soil types. International Journal of Plant & Soil Science, 12: 1-13.
30. Sadeghzadeh, B., Z. Rengel and C. Li. 2008. Mapping of chromosome regions associated with seed Zn accumulation in barley, PhD Thesis, The University of Western Australia, Perth.
31. Sadeghzadeh, B., Z. Rengel and C. Li. 2009. Differential zinc efficiency of barley genotypes grown in soil and chelator-buffered nutrient solution. Journal of Plant Nutrition, 32: 1744 - 1767.
32. Sadeghzadeh, B., Z. Rengel and C. Li. 2015. Quantitative Trait Loci (QTL) of Seed Zn Accumulation in Barley Population Clipper X Sahara. Journal of Plant Nutrition, 38: 1672-1684.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

33. Sadeghzadeh, B., Z. Rengel, C. Li and H. Yang, 2010. Molecular marker linked to a chromosome region regulating seed Zn accumulation in barley. Molecular Breeding, 25: 167-177.
34. Saghai, M., A. Maroof, K. Soliman, R.A. Tprgensen, R.W. Allard. 1984. Ribosomal DNA Spacer Lenth polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal loCation and population dynamics. Proc .Natl. ACad. Sci. USA. 81: 8014-8018.
35. Struss, P. and J. Plieske. 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. Theoretical and Applied Genetics, 97: 308-315.
36. Sun, C., Y. Fu, L. Tan, A. Luisa and Garcia-Oliveira. 2009. Genetic identification of quantitative trait loci for contents of mineral nutrients in rice grain. Plant Biology, 51: 84-92.
37. Thiel, T., W. Michalek, R.K. Varshney and A. Graner. 2003. Exploiting EST databases for the development of cDNA derived microsatellite markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). Theoretical and Applied Genetics, 106: 411-422.
38. Trimigno, A., B. Khakimov, J.L.C. Mejia, M.S. Mikkelsen, M. Kristensen, B.M. Jespersen and S.B. Engelsen. 2017. Identification of weak and gender specific effects in a short 3 weeks intervention study using barley and oat mixed linkage β-glucan dietary supplements: a human fecal metabolome study by GC-MS. Metabolomics, 13(10): 108.
39. Van Ooijen, J.W. 2006. JoinMap4, Software for the calculation of genetic linkage map in experimental populations. Kyazma B.V., Wageningen, Netherlands.
40. Varshney, R.K., I. Grosse, U. Hauhnel, R. Siefken, M. Prasad, N. Stein, P. Langridge, L. Altschmied, and A. Graner. 2006. Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers proves non-uniform distribution of genes in the barley genome. Theoretical and Applied Genetics, 113: 239-250.
41. Wang, M., N. Jiang, T. Jia, L. Leach, J. Cockram, R. Waugh, L. Ramsay, B. Thomas and Z. Luo. 2012. Genome-wide association mapping of agronomic and morphologic traits in highly structured populations of barley cultivars Theor. Appl. Genet, 124: 233-246.
42. Wenzl, P., H. Li, J. Carling, M. Zhou, H. Raman, E. Paul, P. Hearnden, C. Maier, L. Xia and V. Caig. 2006. A high-density consensus map of barley linking DArT markers to SSR, RFLP and STS loci and agricultural traits. BMC Genom, 7 pp.
43. Yu, J.M., G. Pressoir, W.H. Briggs, I.V. Bi, M. Yamasaki, J.F. Doebley, M.D. McMullen, B.S. Gaut, D.M. Nielsen and J.B. Holland. 2006. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. Nat. Genet, 38: 203-208.
44. Zali, H., O. Sofalian, M. Zeinalabedini, T. hasanloo, A. asgharii and B. Alizadeh. 2018. Assessment of Variability and Genetic Structure of Canola cultivars and Lines using SSR Markers Related on Drought Tolerance QTLs, 10(26): 65-75.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]

QTL Mapping for Higher Seed Zn Concentration and Content in Baley using SSR Markers

Mehdi Feizi[1], Mahmood Solouki[2], Behzad Sadeghzadeh[3], Baratali Fakheri[4] and Seyed Abolghasem Mohammadi[5]

1- Ph.D. Student of Plant Breeding, Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran
2- Associate Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran, (Corresponding Author: mahmood.solouki@gmail.com)
3- Associate Professor of Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Maragheh, Iran
4- Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran
5- Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran
Received: Jun 10, 2018 Accepted: November 10, 2018

Abstract

There is a little information regarding the chromosomal regions conferring seed zinc accumulation in barley. With the aim of QTL mapping of Zn concentration and content, 121 barley genotypes (including local landraces, released cultivars, gene bank germplasm) were screened under field conditions. The trial was conducted in square latice in 2015-2017 cropping seasons at dryland agricultural research institute (DARI) in Maragheh. To construct genetic linkage map, 149 SSR markers were applied. Based on ANOVA, there was a great genotypic variation for seed Zn concentration and content among the genotypes, which approves the excessive diversity of genotypes. Five QTLs located on 2H, 3H, 4H and 5H were associated with seed Zn concentration, and could explain 81% of total phenotypic variation. Marker BMAG0720 had the highest (25%) phenotypic variation. This marker could also explain 23% of total variation for seed Zn content. Moreover, 5 genomic regions on 2H, 3H and and 4H were associated with seed Zn content. In conclusion, the identification of these major QTLs would provide an important starting point for marker assisted selection (MAS) that may contribute to the improvement of barley productivity and nutritional quality.

Keywords: Barley Genotypes, Molecular Markers, QTL Regions, Zinc Uptake and Accumulation Efficiency

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.30.58]