

شناسایی QTL های مرتبط با ذخیره و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و عملکرد دانه جو در دو رژیم آبی

معروف خلیلی^{۱*}، مصطفی ریاحی اوغانی^۲ و محمد علی ابراهیمی^۱

۱- عضو هیئت علمی بخش کشاورزی (اصلاح نباتات)، دانشگاه پیام نور، واحد تهران، ایران

۲- دانش آموخته بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، واحد تهران، ایران

چکیده

به منظور شناسایی QTL های مرتبط با ذخیره و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی به دانه جو، ۷۲ لاین دابل هاپلوئید به همراه والدین (Morex و Steptoe) در قالب طرح لاتیس ساده با دو تکرار و در شرایط نرمال (آبیاری) و تنش کم آبی مورد بررسی قرار گرفتند. بر اساس نتایج QTL به روش مکان یابی فاصله ای، در شرایط نرمال، ۱۷ عدد QTL برای صفات مرتبط با ذخیره و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و عملکرد دانه شناسایی شد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTL ها از ۱۱ تا ۲۰ درصد متغیر بود. بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب متعلق به عملکرد دانه و تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه بود. LOD در دامنه ۳/۰۲ تا ۶/۱۱ قرار داشت. در شرایط تنش کم آبی، ۱۴ عدد QTL شناسایی شد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTL ها از ۱۱/۸۶ تا ۱۹/۷۷ درصد متغیر بود که به ترتیب به صفات انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه اختصاص داشت. LOD نیز در دامنه ۳/۱۲ تا ۵/۶۱ قرار داشت. در این بررسی برای صفت تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه دو QTL پایدار بر روی کروموزوم های 3H و 1H برای تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله یک QTL پایدار بر روی کروموزوم 4H، برای صفت انتقال مجدد دو QTL بر روی کروموزوم های 4H و 1H، برای عملکرد دانه دو QTL پایدار روی کروموزوم های 4H و 3H، مکان یابی شدند. بعد از اعتبار سنجی QTL های پایدار و خوشه ای شناسایی شده برای صفات مهم کمی و کیفی مرتبط با ذخیره و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و عملکرد دانه جو می تواند در برنامه گزینش به کمک نشانگر مورد استفاده قرار گیرند.

واژه های کلیدی: گیاه جو، QTL، انتقال مجدد، مواد فتوسنتزی

* نگارنده مسئول: makhalily@yahoo.com تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۱۰/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۵/۲۳

مقدمه

مساعدتر است، تولید مواد پرورده بیش از نیاز گیاه است. در این حالت مواد فتوسنتزی مازاد عمدتاً در ساقه انباشته شده و در مراحل بعدی رشد، به دانه انتقال می‌یابد (Ahmed *et al.*, 2004) در این بین محققان افزایش انتقال مجدد مواد فتوسنتزی از ساقه به دانه و همچنین افزایش سرعت پرشدن دانه را تحت شرایط تنش خشکی گزارش کرده‌اند که در این میان ژنوتیپ‌هایی که سرعت تجمع و انتقال مواد بیشتری دارند کمتر تحت تأثیر تنش‌های پایان فصل قرار می‌گیرند (Ehdaie *et al.*, 2008; Koocheki *et al.*, 2014).

تعیین تعداد و نوع اثر ژن‌های کنترل‌کننده تولید و انتقال مواد فتوسنتزی گام اساسی در اصلاح مولکولی گیاهان است (Cooper *et al.*, 2009). تجزیه QTL پلی است که رابطه بین تنوع پیوسته فنوتیپی (قابل اندازه‌گیری) و مکانیزم‌های توارثی حاصل از تنوع ژنتیکی مکان‌های ژنی منفرد را برقرار می‌سازد (Collard *et al.*, 2005). شناسایی QTL، امکان گزینش به کمک نشانگر (Marker assisted selection) را فراهم می‌سازد (Koroff *et al.*, 2008; Emebiri *et al.*, 2009). برای ذخیره و انتقال مجدد QTL‌هایی در برنج (Nagata *et al.*, 2002; Takai *et al.*, 2005)، گندم (Yang *et al.*, 2008; Rebetzke *et al.*, 2007) و جو (Teulat *et al.*, 2001) گزارش شده‌اند. یانگ و همکاران (Yang *et al.*, 2007) گزارش کردند که غیر از کروموزوم‌های 3D، 2B، 5D، 4D و 6D همه کروموزوم‌های گندم در ذخیره و انتقال مواد فتوسنتزی نقش دارند. زمانی و همکاران (Mojtabaie Zamani *et al.*, 2014) در

جو (*Hordeum vulgare* L.) از نظر میزان تولید پنجمین غله در دنیا است ولی از نظر اهمیت، پس از گندم، ذرت و برنج چهارمین غله مهم دنیا به شمار می‌رود (FAO, 2017). خشکی عمده‌ترین تنش محیطی و مهمترین عامل محدود کننده رشد و تولید محصولات زراعی می‌باشد (Ashraf and Harris, 2005). در مناطق خشک و نیمه خشک با ورود غلات مانند گندم و جو به مرحله پرشدن دانه به تدریج از میزان بارندگی‌ها کاسته شده و از طرفی دمای هوا، تبخیر و تعرق و در نتیجه نیاز آبی گندم افزایش می‌یابد. پس گیاه تا حدودی با کمبود آب مواجه شده و حدی از تنش خشکی و گرمایی را تجربه می‌کند، که این امر می‌تواند سبب کاهش سرعت فتوسنتز (Golabadi *et al.*, 2015) و تسریع پیری برگ‌ها (Martinez *et al.*, 2003) شود. بدین ترتیب، فتوسنتز جاری برای پر کردن دانه کافی نخواهد بود. بنابراین، نیاز مقصد برای پر کردن دانه از طریق انتقال مجدد مواد فتوسنتزی ذخیره شده تأمین می‌گردد (Zhang *et al.*, 2015). به‌طور کلی چندین منبع کربوهیدراتی در تأمین مواد فتوسنتزی هنگام پرشدن دانه شرکت دارند که عبارتند از: (۱) فتوسنتز جاری برگ‌ها و بخش‌های سبز گیاه و (۲) کربوهیدرات‌های تولیدی قبل و پس از گلدهی که در اندام‌های رویشی از جمله ساقه ذخیره شده و طی دوره پرشدن دانه، به دانه انتقال می‌یابد (Azhand *et al.*, 2015). در دوره پیش از گلدهی و دو هفته پس از گلدهی که شرایط برای فتوسنتز و تولید

در دو شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۷۲ لاین دابل هاپلوئید به همراه والدین مورد ارزیابی قرار گرفتند. جمعیت دابل هاپلوئید مورد مطالعه از تلاقی دو رقم × Steptoe Morex در دانشگاه ایالت اورگون تهیه شده‌اند (Hayes et al., 1993). ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در قالب طرح لاتیس ساده با دو تکرار و در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه مهاباد با طول جغرافیایی ۴۵° و ۴۳° عرض جغرافیایی ۳۶° و ۱° ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا، در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ در شرایط نرمال و تنش کم آبی انتهای فصل کشت شدند. آبیاری در تیمارهای بدون تنش، بعد از ۹۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک کلاس A، انجام گردید. هر دوره آبیاری بعد از ۹۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک کلاس A، که تقریباً معادل ۱۵-۱۲ روز تبخیر در خرداد ماه می‌باشد، صورت گرفت. برای اعمال تنش کم آبی ۱۹۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک کلاس A اعمال شد که تقریباً معادل ۲۶-۲۲ روز در خردادماه بود؛ بنابراین، گیاه عملاً با یک تنش ۱۵-۱۳ روزه کمبود آب مواجه شد.

برای اندازه‌گیری صفات مرتبط با تخصیص مواد فتوسنتزی نمونه‌گیری در مرحله قبل از گلدهی انجام شد به طوری که از هر لاین ۱۰ بوته به صورت تصادفی و نمونه‌ها از سطح خاک قطع شده و در داخل پاکت پلاستیکی قرار گرفت و سریعاً به آزمایشگاه منتقل شدند. در آزمایشگاه

بررسی تنوع ژنتیکی انتقال مجدد کربوهیدرات‌های محلول ساقه در ژنوتیپ‌های جو در شرایط تنش خشکی انتهای فصل تعداد سه QTL برای صفات انتقال مجدد مکان‌یابی کردند. میکلسون و همکاران (Mickelson et al., 2003) اظهار داشتند QTL‌های مرتبط با ذخیره و توزیع مجدد نیتروژن بر روی کروموزم شماره ۶ جو قرار دارند. فان و همکاران (Fan et al., 2017) در مکان‌یابی QTL های کنترل کننده محتوای پروتئین دانه با استفاده از نشانگرهای Single Nucleotide Polymorphism (SNP) و Simple sequence repeat (SSR) شش QTL پایدار محیطی برای محتوای پروتئین دانه جو بر روی کروموزوم‌های 2H (1)، 4H (1)، 6H (1) و 7H (3) شناسایی کردند. پریخانی و همکاران (۱۳۹۵) در مکان‌یابی QTL‌های مؤثر در کارایی کلسیم در مرحله رسیدگی جو با استفاده از نشانگرهای Inter simple sequence repeats (ISSR) و SSR برای صفات غلظت و محتوای کلسیم ساقه، پنج QTL بر روی کروموزم‌های 2H، 3H، 4H، 5H و 7H مکان‌یابی کردند که در مجموع ۷۵ درصد از تغییرات صفت مذکور را به خود اختصاص دادند. از آنجا که یکی از منابع اصلی پر شدن دانه انتقال مجدد ذخایر فتوسنتزی در گیاهان هستند، مکان‌یابی QTL‌های مرتبط با صفات مذکور و هرمی کردن آن‌ها در ژنوتیپ‌های جو می‌تواند راهکاری مناسب برای اصلاح جو برای مقاومت به خشکی باشد. بنابراین مطالعه حاضر به منظور شناسایی QTL‌های مرتبط با ذخیره و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و عملکرد دانه جو

2007) انجام گرفت و توسط نرم افزار QTL Cartographer به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) (Doerage and Churchill, 1996) مکان و اثر QTL های برآورد شده مورد تأیید قرار گرفتند.

نتایج و بحث

پارامترهای فنوتیپی در دو شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی: میانگین والدین و میانگین دابل هاپلوئیدها به همراه اشتباه استاندارد، مقادیر کمینه و بیشینه و مقدار چولگی و کشیدگی منحنی نرمال در هر دو شرایط به‌طور جداگانه در جدول ۱ ارائه شده است. در هر دو شرایط مورد بررسی اختلاف والدین از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی معنی‌دار بود. به‌طوری‌که والد استپتو از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی در شرایط آبیاری نرمال از والد مورکس برتر بود. همچنین والد مذکور از تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه، انتقال مجدد و عملکرد دانه بالاتری در مقایسه با والد مورکس در شرایط تنش کم آبی برخوردار بود. با نگاه به محدوده صفات در جمعیت لاین‌های دابل هاپلوئید در هر دو شرایط مشاهده می‌شود که در همه صفات برخی از دابل هاپلوئیدها نسبت به والدین ارزش بیشتر یا کمتری داشتند که بیانگر تفکیک متجاوز برای این صفات است. در این مطالعه، مقادیر چولگی و کشیدگی منحنی‌های توزیع نرمال برای کلیه صفات در دو شرایط کمتر از یک بود که بیانگر نرمال بودن توزیع داده‌های مورد بررسی است.

برگ، ساقه و سنبله هر نمونه جدا شده و برای تعیین وزن خشک به مدت ۴۸ ساعت در داخل آون با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت. پس از بیرون آوردن نمونه‌ها از آون با استفاده از ترازوی دیجیتال وزن شدند و به‌عنوان میزان تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ، ساقه و سنبله در نظر گرفته شدند (Rizzalli et al., 2002).

شاخص‌های زیر بر اساس معادله‌های پاپاکوستا و گایاناس (Papakosta and Gayians, 1991) محاسبه شد:

میزان ماده خشک انتقال یافته (۱) = ماده خشک در مرحله گلدهی - ماده خشک (ساقه + برگ + پوشال) در مرحله رسیدگی
سهم انتقال مجدد ماده خشک (درصد) (۲) = ماده خشک انتقال یافته / عملکرد دانه $\times 100$
برای اندازه‌گیری عملکرد دانه از کل کرت بعد از حذف حاشیه‌ها استفاده شد.

نقشه ژنتیکی جو جامعه حاصل از تلاقی استپتو و مورکس توسط پروژه نقشه‌یابی ژنوم جو آمریکای شمال تهیه گردیده بود (Hayes et al., 1993). این نقشه نسبتاً اشباع مرکب از ۳۲۷ نشانگر (Restriction fragment length polymorphism) با طول ۱۲۲۶/۳ و متوسط فاصله ۳/۷۵ سانتی‌مورگان بوده و با تابع نقشه‌کشی کوزامبی تهیه شده است. در این نقشه ۷ گروه لینکاژی برای این جمعیت شناسایی گردیده است. محاسبات آماری با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.2 صورت گرفت (پریخانی و همکاران، ۱۳۹۵). تجزیه QTL با نرم‌افزار WinQTLCart نسخه ۱۱-۲/۵ (Wang et al.,

تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه اختصاص داشت (جدول ۲). در شرایط نرمال رطوبتی دو QTL روی کروموزوم 2H و 4H برای تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ‌ها مکان‌یابی شدند. این دو QTL بین نشانگرهای ABG008-RbcS و ABG319A-ABG472 و در موقعیت‌های ۲۲ و ۷/۹۵ سانتی مورگان قرار داشتند و در مجموع ۲۹/۹۱ درصد از تغییرات تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ را توجیه کردند. در این بررسی QTL، QLP2H-N دارای اثر افزایشی ۰/۰۴ بود که آلل مطلوب از والد استپتو و QTL دارای اثر افزایشی ۰/۰۷- بود که آلل مطلوب از والد مورکس به اشتراک گذاشته شده بود.

برای صفات مورد مطالعه ۱۷ عدد QTL در شرایط آبیاری نرمال شناسایی شد (جدول ۲). واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از ۱۱/۷۷ تا ۲۰/۷۶ درصد متغیر بود بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی به ترتیب متعلق به عملکرد دانه و تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه بود. LOD در دامنه ۳/۰۲ تا ۶/۱۱ قرار داشت. کمترین و بیشترین LOD به ترتیب برای QTLهای انتقال مجدد و تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ حاصل شد. در شرایط تنش کم آبی انتهای فصل برای صفات مورد مطالعه در مجموع ۱۴ عدد QTL شناسایی شد. واریانس فنوتیپی توجیه شده به وسیله این QTLها از ۱۱/۸۶ تا ۱۹/۷۷ درصد متغیر بود که به ترتیب صفات انتقال مجدد مواد فتوسنتزی و

جدول ۱- برآورد پارامترهای فنوتیپی صفات مرتبط با تخصیص مواد فتوسنتزی در دو شرایط نرمال و تنش کم آبی

پارامترها	تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ (میلی گرم)		تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله (میلی گرم)		انتقال مجدد (میلی گرم)		عملکرد دانه (گرم/متر مربع)	
	تنش کم آبی	آبیاری نرمال	تنش کم آبی	آبیاری نرمال	تنش کم آبی	آبیاری نرمال	تنش کم آبی	آبیاری نرمال
والد مورکس	۰/۵۹	۱/۰۶	۰/۹۷	۱/۰۷	۰/۸۳	۱/۳۵	۰/۷۹	۰/۹۱
والد استپتو	۰/۸۶	۰/۹۹	۱/۴۶	۱/۵۳	۱/۰۹	۱/۰۲	۱/۱۰	۱/۱۷
میانگین هاپلوئیدهای مضاعف	۰/۸۶	۰/۷۸	۱/۲۵	۱/۲۵	۰/۹۶	۱/۴۰	۰/۹۳	۱/۰۰۲
بیشینه	۱/۷۹	۱/۶۸	۱/۹۳	۱/۷۶	۱/۵۲	۲/۳۱	۱/۴۱	۱/۸۵
کمینه	۰/۲۷	۰/۳۷	۰/۴۸	۰/۹۱	۰/۲۶	۰/۷۴	۰/۳۱	۰/۶۲
انحراف استاندارد	۰/۲۴	۰/۲۶	۰/۱۶	۰/۱۲	۰/۱۶	۰/۲۰	۰/۲۰	۰/۱۵
چولگی	۰/۸۸	۰/۴۰	۰/۵۵	۰/۰۱	۰/۸۱	۰/۸۵	۰/۴۶	۰/۹۵
کشیدگی	۰/۵۱	۰/۶۰	۰/۴۱	-۰/۴۹	۰/۷۹	۰/۷۴	-۰/۱۸	۰/۵۵
حداقل اختلاف معنی دار (LSD) ۵٪	۰/۱۶	۰/۰۹	۰/۱۰	۰/۰۶	۰/۰۷	۰/۱۰	۰/۰۱	۰/۰۸

جدول ۲-QTL های شناسایی شده برای صفات مورد مطالعه در جمعیت لاین های هاپلوئید مضاعف جو حاصل از تلاقی دو والد

(STEPTOE × MOREX) در شرایط نرمال و تنش کم آبی انتهای فصل

صفت	شماره کروموزوم	نام QTL	نشانه‌گرهای مجاور	موقعیت (cM)	LOD	اثر افزایشی A	R ² _b هر QTL	
تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ		نرمال رطوبتی						
	2H	QLP2H-N	ABG008-Rbcs	۲۲	۴/۷۱	۰/۰۰۴	۱۶/۸	
	4H	QLP4H-N	ABG472-ABG319A	۹۵/۷	۶/۱۱	-۰/۰۰۷	۱۳/۱۱	
							۲۹/۹۱	
تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه		نرمال رطوبتی						
	4H	QSTP4H-N	ABA003-ABG484	۶۱/۳	۳/۰۵	۰/۰۹	۱۱/۷۸	
	7H	QSTP7H-N	ABG652-WG420	۱۴۸/۶	۳/۴۳	-۰/۰۵	۱۶/۱۵	
	3Ha	QSTP3Ha-N	CDO113B-His4B	۱۳۴/۲	۳/۱۱	-۰/۰۹	۱۲/۶۱	
	1H	QSTP1H-N	His4A-His3B	۹۱/۷	۳/۷۲	۰/۰۶	۱۵/۶۲	
	3Hb	QSTP3Hb-N	MVG571B-PSR156	۸۵/۹	۴/۲۷	-۰/۰۴	۱۷/۲۴	
							۷۳/۴	
			تنش کم آبی					
	3H	QSTP3H-S	CDO113B-His4B	۱۳۴/۲	۳/۳۲	-۰/۰۸	۱۵/۸۸	
	1H	QSTP1H-S	His4A-His3B	۹۱/۷	۴/۱۰	۰/۰۸	۱۸/۲۱	
2H	QSTP2H-S	BCD351F- ABG318	۲۹/۹	۵/۱۲	۰/۱۱	۱۹/۷۷		
4H	QSTP 4H-S	BCD 453B-ABG472	۵۲/۵	۳/۲۵	۰/۱۰	۱۲/۶۵		
							۶۶/۵۱	
تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله		نرمال رطوبتی						
	1H	QSP1H-N	ABC307A-MWG706A	۱۰۷/۱	۴/۴۱	-۰/۰۸	۱۵/۷۵	
	3H	QSP3H-N	MWG571B- PSR156	۸۵/۹	۳/۰۷	-۰/۱۵	۱۲/۸۶	
	4H	QSP4H-N	ABG472-ABG319A	۹۶/۵	۴/۲۱	۰/۱۴	۱۶/۶۵	
							۴۵/۰۸	
			تنش کم آبی					
	7H	QSP 7H-S	ABC156D-ABG701	۶۱/۶	۴/۴۳	۰/۱۲	۱۴/۲۹	
	2H	QSP 2H-S	ABG008- Rbcs	۲۲/۵	۴/۷۴	-۰/۱۴	۲۳/۶۱	
	4H	QSP4H-S	ABG472-ABG319A	۹۶/۵	۳/۱۲	۰/۱۱	۱۱/۸۹	
							۴۹/۷۹	
انتقال مجدد مواد فتوسنتزی		نرمال رطوبتی						
	4H	QRE4Ha-N	CDO669- B32E	۲۲/۲	۳/۰۳	۰/۱۴	۱۱/۸۶	
	7H	QRE7H-N	YAtp57A-Amyz	۱۰۲/۳	۳/۸۵	-۰/۰۹	۱۷/۱۹	
	1H	QRE1H-N	ABC160-His4A	۸۰/۷	۴/۲۸	۰/۰۶	۱۲/۷۸	
	4H	QRE4Hb-N	ABA003-ABG484	۶۱/۳	۳/۰۵	۱/۱۹	۱۱/۷۸	
						۵۳/۶۱		

صفت	شماره کروموزوم	نام QTL	نشانه‌های مجاور	موقعیت (cM)	LOD	اثر افزایشی A	R^2_b هر QTL
انتقال مجدد مواد فتوسنتزی	4H	QRE4H-S	CDO669- B32E	۲۲/۲	۴/۱۱	-۰/۰۸	۱۱/۸۶
	1H	QRE1H-S	ABC160-His4A	۸۰/۷	۳/۱۸	۰/۱۶	۱۲/۷۸
	3H	QRE3H-S	MWG571B-PSR156	۸۳/۶	۳/۹۸	-۰/۱۷	۱۶/۱۲
	5H	QRE5H-S	ABC302-CDO578	۸۷/۲	۵/۶۱	۰/۰۸	۱۸/۱۲
							۵۸/۸۸
عملکرد دانه	3H	QGY3H-N	ABG004-WG110	۱۵۷/۴	۳/۲۹	۱۴/۰۵	۱۲/۳۷
	4H	QGY4H-N	CDO669- B32E	۲۲/۲	۳/۰۳	۱۷/۷۴	۱۱/۸۶
	5H	QGY5H-N	ABG473-MWG514B	۱۰۵/۲	۳/۲۵	-۲۱/۷۹	۱۳/۱۵
							۴۷/۸۹
	3H	QGY3H-S	ABG004-WG110	۱۵۷/۴	۴/۱۱	۱۴/۰۵	۱۸/۵۳
	4H	QGY4H-S	CDO669- B32E	۲۲/۲	۴/۰۳	۱۷/۷۴	۱۳/۵۱
	6H	QGY6H-S	MWG820-ABC170B	۷۳	۳/۱۷	-۱۱/۶۲	۱۴/۶۸
							۴۶/۷۱

QSTP3Ha-N از طریق والد مورکس به اشتراک گذاشته شده بود.

در شرایط تنش کم‌آبی انتهای فصل، چهار QTL، در کنترل تغییرات تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه نقش داشتند این QTLها بر روی کروموزم‌های 1H، 3H، 2H و 4H و در بین نشانگرهای CDO113B-His4B، His4A-BCD 453B- و BCD351F- ABG318، His3B ABG472 قرار داشتند که در مجموع ۶۶/۵۱ درصد از تغییرات صفت مذکور را تبیین نمودند. لازم به ذکر است که QTLهای QSTP1H-S، QSTP2H-S و QSTP4H-S به ترتیب با مقادیر اثرات افزایشی ۰/۰۸، ۰/۱۱ و ۰/۱۰ آلل افزایشدهنده را از والد استپتو و QTL، QSTP3H-S، آلل‌های

پنج QTL روی کروموزوم‌های 4H، 7H، 3Ha، 1H و 3Hb برای تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه در موقعیت‌های ۶۱/۳، ۱۴۸/۶، ۱۳۴/۲، ۹۱/۷ و ۵۸/۹ سانتی مورگان به ترتیب با اثرات افزایشی ۰/۰۹، -۰/۰۵، -۰/۰۹، ۰/۰۶ و -۰/۰۴ و در مجاورت نشانگرهای ABA003-ABG484، CDO113B-His4B، ABG652-WG420، His4A-His3B و MVG571B-PSR156 در شرایط نرمال رطوبتی مکان‌یابی شدند. دامنه توجیه تغییرات فنوتیپی در این QTLها در محدوده ۱۱/۷۸ تا ۱۷/۲۴ درصد متغیر بود. آلل‌ها افزایش دهنده در QTLهای QSTP1H- و QSTP4H-N از والد استپتو و آلل‌های افزایش‌دهنده در QTLهای QSTP3Hb-N، QSTP7H-N و

QSP4H- و QSP 2H-S، QSP 7H-S های QTL ABC156D- به ترتیب در مجاورت نشانگرهای -ABG319A و ABG008- Rbcs، ABG701-ABG472 و در موقعیت های ۶۱/۶، ۲۲/۵ و ۹۶/۵ سانتی مورگان واقع بودند. مقدار اثر افزایشی این QTL ها به ترتیب برابر ۰/۱۲، ۰/۱۴- و ۰/۱۱ بود و در مجموع ۴۹/۷۹ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه نمودند. آلل افزایش دهنده صفت در QTL های QSP 7H-S و QSP4H-S از طریق والد استپتو و در QSP 2H-S QTL از طریق والد مورکس به اشتراک گذاشته شده بود. در مطالعه قیطان پورسهریق و همکاران (۱۳۹۲) از شش QTL مکان یابی شده برای غلظت آهن ۱، ۱ و ۴ QTL به ترتیب روی کروموزوم های 2H، 3H و 7H قرار داشتند که QTL واقع بر روی کروموزوم 2H بین نشانگرهای GBM1115-HvUXS3 با ۲۹ درصد تبیین واریانس فنوتیپی صفت تنها QTL با اثر افزایشی مثبت بود. آنها برای محتوی آهن در دانه نیز ۳ و ۱ QTL به ترتیب بر روی کروموزوم های، 2H و 7H مکان یابی کردند که در کروموزوم 2H QTL مکان یابی شده در حد فاصل نشانگرهای GBM1115-HvUXS3 با ۳۹ درصد تبیین واریانس دارای اثر افزایشی مثبت بود.

در شرایط نرمال چهار QTL، در کنترل تغییرات انتقال مجدد نقش داشتند این QTL ها بر روی کروموزوم های 4Ha، 7H، 1H و 4Hb و در بین نشانگرهای YAtp57A-، CDO669- B32E، Amyz، ABC160-His4A و ABA003- ABG484 قرار داشتند که در مجموع ۵۳/۶۱ درصد از تغییرات صفت مذکور را تبیین نمودند.

افزایش دهنده مقدار تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه را از والد مورکس به ارث بردند. برای ذخیره و انتقال مجدد QTL هایی در برنج (Nagata *et al.*, 2005; Takai *et al.*, 2002; *al.*، گندم (Rebetzke *et al.*, 2008; Yang *et al.*, 2007) و جو (Teulat *et al.*, 2001) گزارش شده اند. سیاه سر و همکاران (۱۳۸۸) در تجزیه QTL صفات مرتبط با کمیت و کیفیت علوفه جو گزارش کردند بیشترین مقدار LOD برای نسبت برگ به ساقه، روی کروموزوم 2H به دست آمد. میکلسون و همکاران (Mickelson *et al.*, 2003) در مکان یابی QTL مرتبط با ذخیره و توزیع مجدد نیتروژن اظهار داشتند QTL های مرتبط با ذخیره و توزیع مجدد نیتروژن بر روی کروموزوم شماره ۶ جو قرار دارند.

برای تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله، در شرایط آبیاری نرمال سه QTL روی کروموزوم های 1H، 3H و 4H در موقعیت های ۱۰۷/۱، ۸۵/۹ و ۹۶/۵ سانتی مورگان مکان یابی شدند. QTL های QSP1H-N، QSP3H-N و QSP4H-N به ترتیب دارای اثرات افزایشی ۰/۰۸-، ۰/۱۵- و ۰/۱۴ و مقادیر R^2 فنوتیپی ۱۵/۵۷، ۱۲/۸۶ و ۱۶/۶۵ درصد بودند. در این بررسی آلل های افزایش دهند در QTL های QSP1H-N و QSP3H-N از طریق والد مورکس و آلل های افزایش دهند در QTL QSP4H-N از طریق والد استپتو در نتاج به ارث رسیده بود.

در شرایط تنش کم آبی، سه QTL بر روی کروموزوم های 7H، 2H و 4H برای تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله مکان یابی شدند (جدول ۲).

کلسیم ساقه پنج QTL بر روی کروموزمهای 2H، 3H، 4H، 5H و 7H مکان‌یابی کردند که در مجموع ۷۵ درصد از تغییرات صفت مذکور را به خود اختصاص دادند.

برای عملکرد دانه در شرایط نرمال چهار QTL، روی کروموزوم‌های 2H، 3H، 4H و 5H شناسایی شدند که در مجاورت نشانگرهای ABG004-WG11، CDo64-ABG459، ABG473-MWG514B و CDO669-B32E موقعیت ۴۷/۶، ۱۵۷/۴، ۲/۲۲ و ۱۰۵/۲ سانتی‌مورگان قرار داشتند. دو QTL، QGY2H- و N و ABG473-MWG514B دارای اثر افزایشی آلی ۲/۰۵- و ۲۱/۷۹- و دو QTL، QGY3H-N و CDO669-B32E دارای اثرات افزایشی ۱۴/۰۵ و ۱۷/۷۴ (گرم در متر مربع) بودند و در مجموع ۴۷/۸۹ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را تبیین نمودند. آلل‌های افزایش دهنده عملکرد دانه توسط هر دو والد به اشتراک گذاشته شده بود. برای عملکرد دانه، سه QTL روی کروموزوم‌های 3H، 4H و 6H در موقعیت‌های ۱۵۷/۴، ۲۲/۲ و ۷۳ سانتی‌مورگان در شرایط تنش کم‌آبی انتهای فصل مکان‌یابی شدند. QTL‌های QGY3H-S، QGY4H-S و QGY6H-S به ترتیب در مجاور نشانگرهای ABG004-WG110، CDO669-B32E و MWG820-ABC170B و دارای اثرات افزایشی ۱۴/۰۵، ۱۷/۷۴ و ۱۱/۶۶- (گرم در متر مربع) و مقادیر R^2 فنوتیپی ۱۸/۵۳، ۱۳/۵۱ و ۱۴/۶۸ درصد بود. در این بررسی آلل‌های افزایش دهند در QTL‌های QGY3H-S و QGY4H-S از طریق والد استیتو و در QGY6H-S از طریق والد

لازم به ذکر است که QTL‌های QRE4Ha-N، QRE1H-N، QRE1H-N به ترتیب با مقادیر اثرات افزایشی ۰/۱۴، ۰/۰۶ و ۱/۱۹ (میلی گرم) آلل افزایشده را از والد استیتو و QTL، QRE7H-N با مقدار اثر افزایشی ۰/۰۹- (میلی گرم) آلل‌های افزایش دهنده مقدار انتقال مجدد را از والد مورکس به ارث بردند. برای انتقال مجدد در شرایط تنش کم‌آبی چهار QTL، روی کروموزوم‌های 1H، 3H، 4H و 5H شناسایی شدند که در مجاورت نشانگرهای CDO669-B32E، MWG571B-PSR156، ABC160-His4A و ABC302-CDO578 و موقعیت‌های ۲۲/۲، ۸۰/۷، ۸۳/۶ و ۸۷/۲ سانتی‌مورگان قرار داشتند. دو QTL، QRE3H-S و QRE4H-S دارای اثر افزایشی آلی ۰/۰۸- و ۰/۱۷- (میلی گرم) بودند که آلل‌های افزایش دهنده از طریق والد مورکس در نتاج به ارث رسیده بودند همچنین دو QTL، QRE1H-S و QRE5H-S دارای اثرات افزایشی ۰/۱۶ و ۰/۰۸ (میلی گرم) بودند آلل‌های افزایش دهنده این QTL‌ها از طریق والد استیتو در نتاج به ارث رسیده بود و در مجموع ۵۸/۸۸ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفت را تبیین نمودند. میکلسون و همکاران (Mickelson *et al.*, 2003) در مکان‌یابی QTL مرتبط با ذخیره و توزیع مجدد نیتروژن اظهار داشتند QTL‌های مرتبط با ذخیره و توزیع مجدد نیتروژن بر روی کروموزم شماره ۶ جو قرار دارند. پریخانی و همکاران (۱۳۹۵) در مکان‌یابی QTL‌های مؤثر در کارایی کلسیم در مرحله رسیدگی جو با استفاده از نشانگرهای SSR و ISSR برای صفات غلظت و محتوای

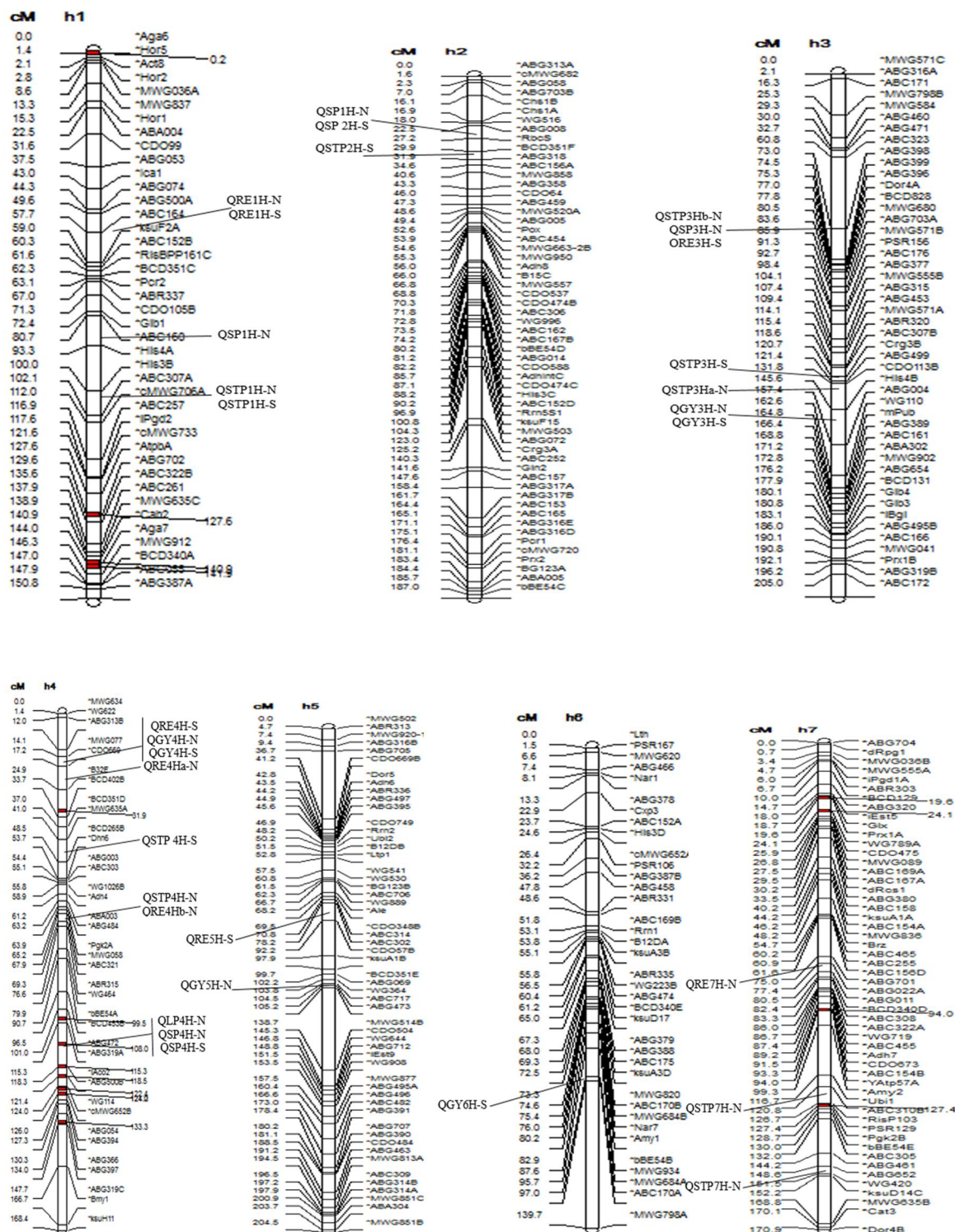
در نهایت سه QTL (QSP1H-N, QSTP1H-N) و (QRE1H-N) به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم های 1H قرار گرفتند. همانند شرایط نرمال رطوبتی در شرایط تنش کم آبی چهار QTL (QRE4H-S, QSP4H-S, QSTP 4H-S) و (QGY4H-S) به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم شماره 4H قرار داشتند این QTL در کنترل صفات تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ، تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه، تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله، انتقال مجدد و عملکرد دانه داشتند. همچنین QRE4H-S و QGY4H-S که در کنترل صفات انتقال مجدد و عملکرد دانه نقش داشتند هر دو در یک موقعیت و در مجاورت مارکرهای CDO669- B32E قرار داشتند که بیانگر نقش پلی تروپیک این QTL در شرایط تنش کم آبی است. سه QTL (QSTP3H-S, QRE3H-S و QGY3H-S) به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم های 3H قرار داشت که در کنترل صفات تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه، انتقال مجدد و عملکرد دانه نقش داشتند. بر روی کروموزم 2H نیز دو QTL (QSP و QSTP2H-S) به صورت خوشه‌ای مشاهده شدند این QTLها مربوط به صفات تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه و سنبله، بود. در نهایت دو QTL به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم های 1H و 6H واقع بودند. در بررسی حاضر برای صفت تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه دو QTL پایدار بر روی کروموزم های 3H و 1H در مجاورت نشانگرهای CDO113B-His4B و His4A-His3B برای تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله یک QTL پایدار

مورکس به اشتراک گذاشته شده بود. قیطان پورسهریق و همکاران (Qhitaran Pourshareh) (et al., 2014) برای عملکرد دانه در جو شش QTL بر روی کروموزم های 1H, 2H, 4H, 5H و 6H مکانیابی کردند که QTL واقع در بین نشانگرهای MGB391-Vrs1 بر روی کروموزم 2H به تنهایی ۲۹ درصد از واریانس فنوتیپی را تبیین نمود. شاهین نیا و همکاران (۱۳۹۳) QTLهای بزرگ اثری بر روی کروموزوم 2H برای وزن دانه، عملکرد دانه و وزن هزار دانه مکانیابی کردند که به ترتیب ۱۰، ۱۳ و ۳۷ درصد از کل تغییرات فنوتیپی صفات مذکور را تبیین نمود.

QTL های خوشه‌ای و پایدار: در شرایط نرمال رطوبتی شش QTL به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم شماره 4H، برای صفات تخصیص مواد فتوسنتزی به برگ (QLP4H-N)، تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه (QSTP4H-N)، تخصیص مواد فتوسنتزی به سنبله (QSTP 4Ha-S)، انتقال مجدد (QRE4Ha-N و QRE4Hb-N) و عملکرد دانه (QGY4H-N)، مکانیابی شدند. همچنین دو QTL، QRE4H-N و QGY4H-N که در کنترل صفات انتقال مجدد و عملکرد دانه نقش داشتند هر دو در یک موقعیت و در مجاورت مارکرهای CDO669- B32E قرار داشتند که بیانگر نقش پلی تروپیک این QTL است. چهار QTL به صورت خوشه‌ای بر روی کروموزم های 3H واقع بودند که در کنترل صفات تخصیص مواد فتوسنتزی به ساقه (QSTP3Ha-N و QSTP3Hb-N)، مواد فتوسنتزی به سنبله (QSP3H-N) و عملکرد دانه (QGY3H-N) نقش داشتند.

بر روی کروموزوم 4H و در مجاورت نشانگرهای ABC160-His4A برای عملکرد دانه دو QTL پایدار روی کروموزوم های 4H و 3H و حدفاصل نشانگرهای B32E- CDO669- و ABG004- WG110، مکان یابی شدند.

بر روی کروموزوم 4H و در مجاورت نشانگرهای ABG472-ABG319A برای صفت انتقال مجدد دو QTL بر روی کروموزوم های 4H و 1H در مجاورت نشانگرهای B32E- CDO669- و



شکل ۱- QTL های شناسایی شده برای صفات مورد مطالعه در جمعیت لاین های هاپلوئید مضاعف جو حاصل از تلاقی دو والد

(STEPTOE × MOREX) در شرایط نرمال و تنش کم آبی انتهای فصل

نتیجه گیری

کروموزوم‌های 4H و 1H در مجاورت نشانگرهای ABC160-His4A و CDO669- B32E مکان‌یابی شدند. همچنین برای عملکرد دانه دو QTL پایدار روی کروموزوم‌های 4H و 3H و حدفاصل نشانگرهای CDO669- B32E و ABG004-WG110 مکان‌یابی شدند. استفاده از این نشانگرها بعد از اعتبار سنجی کافی احتمالاً بتوانند به‌عنوان نشانگرهای مناسب برای انتخاب به کمک نشانگر در برنامه‌های آتی جمعیت مورد مطالعه مورد استفاده قرار گیرند.

با توجه به نقش تخصیص و انتقال مجدد مواد فتوسنتزی در تعدیل اثر تنش خشکی بر عملکرد دانه گزینش ژنوتیپ‌هایی با حداکثر کارایی انتقال مجدد مواد فتوسنتزی می‌تواند ما را در دست‌یابی به ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا در شرایط تنش کم‌آبی و همچنین شرایط نرمال که ژنوتیپ‌ها درجه خفیفی از تنش کم‌آبی را تجربه می‌کنند، می‌تواند مؤثر باشد. در تحقیق حاضر برای انتقال مجدد مواد فتوسنتزی دو QTL بر روی

منابع

- پریخانی زهرا، صادق زاده بهزاد، محمدی سید ابولقاسم. ۱۳۹۵. مکانیابی QTL های مؤثر بر جذب و تجمع کلسیم در اندام هوایی جو. ژنتیک نوین. دوره یازدهم ۳: ۳۴۷-۳۳۷.
- سیاه سر براتعلی، طالعی علیرضا، پیغمبری سید علی، نقوی محمد رضا، رضایی عبدالمجید، کوه کن شیرعلی. ۱۳۸۸. در تجزیه QTL صفات مرتبط با کمیت و کیفیت علوفه جو. علوم آب و خاک (علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی) ۱۳(۴۷): ۱۹۵-۲۰۷.
- شاهین نیا فهیمه، رضایی عبدالمجید، طباطبایی ابراهیم، محمدی سید ابولقاسم. ۱۳۹۳. مکانیابی ژنی کنترل کننده صفات کمی (QTL) عملکرد و اجزاء عملکرد در لاینهای جو. مجله به نژادی نهال و بذر. ۱-۳۰: (۱) ۸۵-۱۰۰.
- قیطران پورسهریق شیوا، محمدی سید ابولقاسم، صادق زاده بهزاد. ۱۳۹۲. شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با تجمع آهن در دانه جمعیت دابل هاپلوئید مضاعف جو. تحقیقات غلات ۳ (۴): ۳۳۴-۳۲۱.

Ahmed N, Khaliq I, Chowdhry MA, Ahsan M, Ibrahim M, Maekqwq M. 2004. Heritability estimates of some flag leaf characters in wheat. Caderno de Pesquisa, Série Biologia 16: 131-141.

Ashraf M, Harris PJC. 2005. Abiotic stresses: Plant resistance through breeding and molecular approach. Haworth press Inc., New York. 3-12.

Azhand M, Saeidi, M, Abdoli M, Khas-Amiri M. 2015. The impact of source limitations on yield formation, storage capacity and contribution of stem reserves to the growing grains of modern barley cultivars under post-anthesis water deficiency. Plant Knowledge Journal 4: 13-24.

- Collard BCY, Jahufer MZ, Brouwer JB, Pang, ECK. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. *Euphytica* 142, 169–196.
- Cooper, M., Eeuwijk, F.A.V., Hamme, G.L., Podlich, D.W., and Messina, C. 2009. Modeling QTL for complex traits: detection and context for plant breeding. *Plant Biology* 12: 231-240.
- Doerage RW, Churchill G A. 1996. Permutation tests for multiple loci affecting a quantitative character. *Genetics* 142: 285-294. .
- Ehdaie B, Alloush GA, Waines JG. 2008. Genotypic variation in linear rate of grain growth and contribution of stem reserve to grain yield in wheat. *Field crops research* 106: 34-43.
- Emebiri L, Michael P, Moody DB, Ogonnaya FC, Black C .2009. Pyramiding QTLs to improve malting quality in barley: gains in phenotype & genetic diversity. *Molecular Breeding* 23: 219-228.
- Fan C, Zhai H, Wang H, Yue Y, Zhang M, Li J. 2017. Identification of QTLs controlling grain protein concentration using a high-density SNP and SSR linkage map in barley (*Hordeum vulgare* L.). *B.M.C Plant Biology*.17-29.
- FAO. 2017. <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>.
- Golabadi M, Golkar P, Bahari B. 2015. Remobilization assay of dry matter from different shoot organs under drought stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy Research* 13: 1202-1214.
- Hayes P M, Liu B H, Knapp S J, chen F, Jones B, Blake T, Franckowiak J, Rasmussen D, Sorrells M, Ullrich S E, Wesenberg D, Kleinohfs A. 1993. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 87: 392-401.
- Hayes PM, Liu BH, Knapp SJ, Chen F, Jones B, Blake T, Franckowiak J, Rasmussen D, Sorrells M, Ullrich SE, Wesenberg D, Kleinohfs A .1993. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 87: 392-401.
- Kandemir N, Kudrna DA, Ullrich SE, Kleinohfs A. 2000. Molecular marker assisted genetic analysis of head shattering in six-rowed barley. *Theoretical and Applied Genetics* 101: 203-210.
- Koocheki AR, Yazdanehpas A, Mahmadyorov U, Mehrvar M R. 2014. Physiological-based selection criteria for terminal drought in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agricultural Science and Technology* 16: 1043-1053.
- Korff M, Wang H, Le'on J, Pillen K. 2008. AB-QTL analysis in spring barley: III. Identification of exotic alleles for the improvement of malting quality. *Molecular Breeding* 21: 81-93.
- Mickelson S, See D, Meyer FD, Garner JP, Foster CR, Blake TK, Fischer A M. 2003. Mapping of QTL associated with nitrogen storage and remobilization in barley (*Hordeum vulgare* L.) leaves. *Journal of Experimental Botany* 54(383): 801-812.

- Mojtabaie Zamani, M, Nabipour M, Meskarbashee M. 2014. Stem Water Soluble Carbohydrate Remobilization in Wheat under Heat Stress during the Grain Filling. *International Journal of Agriculture & Biology* 16: 401–405
- Nagata K, Shimizu H, Terao T. 2002. Quantitative trait loci for nonstructural carbohydrate accumulation in leaf sheaths and culms of rice (*Oryza sativa* L.) and their effects on grain filling. *Breeding Science* 52: 275–283.
- Papakosta DK, Gayians AA. 1991. Nitrogen and dry matter accumulation, remobilization and losses for Mediterranean wheat during grain filling. *Agronomy Journal* 83: 864 – 870.
- Rebetzke G, Van Herwaarden A, Jenkins C, Weiss M, Lewis D, Ruuska S, Richards R. 2008. Quantitative trait loci for water-soluble carbohydrates and associations with agronomic traits in wheat. *Crop and Pasture Science* 59: 891-905.
- Rizzalli RH, Villalabos FJ, Orgaz F. 2002. Radiation interception, radiation use efficiency and dry matter partitioning in garlic (*Allium sativum* L.). *European Journal of Agronomy* 18: 33-43.
- Takai T, Fukuta Y, Shiraiwa T, Horie T. 2005. Time-related mapping of quantitative trait loci controlling grain-filling in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Experimental Botany* 56: 2107–2118.
- Teulat B, Borries C. 2003. This New QTLs identified for plant water status, water-soluble carbohydrate and osmotic adjustment in a barley population grown in a growth-chamber under two water regimes. *Theoretical and Applied Genetics* 103:161–170.
- Wang S, Basten CJ, Zeng ZB. 2007. Windows QTL cartographer 2.5. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC. (Available at [http:// statgen.ncsu.edu/qtlcart/wQTL.htm/](http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/wQTL.htm/)).
- Yang DL, Jing R L, Chang XP, Li W. 2007. Identification of quantitative trait loci and environmental interactions for accumulation and remobilization of water-soluble carbohydrates in wheat (*Triticum aestivum* L.) stems. *Genetics* 176: 571-584.
- Zhang J, Chen W, Dell B, Vergauwen R, Zhang, X, Mayer JE Van den Ende W. 2015. Wheat genotypic variation in dynamic fluxes of WSC components in different stem segments under drought during grain filling. *Frontiers in Plant Science* 6: 1-11.

Identify QTLs associated with storage and remobilization of assimilates and grain yield of barley in two irrigation regimes

M. Khalili^{1*}, M. Riahi Oghani², M.A. Ebrahimi¹

1- Department of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran

2- Graduate of agricultural biotechnology, Payame Noor University, Tehran, Iran

Abstract

In order to identify QTL associated with storage and remobilization of assimilates to grain, 72 barley double haploid lines along with Steptoe and Morex parents were evaluated in a simple lattice design with two replications under irrigated and water deficit conditions. Resulted based on composite interval mapping method revealed that under normal conditions, 17 QTL were significant for traits related to storage and remobilization of assimilates. The variance of phenotypes explained by this QTL varied from 11 to 20 percent. The highest and lowest phenotypic variances belonged to grain yield and allocation of photosynthetic to the stem, respectively and LOD ranged from 3.02 to 6.11. In water deficit condition, 14 QTL were detected. The phenotypic variance explained by this QTL varied from 11.86 to 19.77 percent, which belonged to remobilization of photosynthetic and allocation of photosynthetic to stems respectively. The LOD ranged from 3.12 to 5.61. In this study, allocation of photosynthetic to the stem two stable QTL detected on chromosomes 3H and 1H, for spike partitioning, a stable QTL on chromosome 4H, for remobilization of photosynthetic, two stable QTLs on chromosomes 4H and 1H and for the grain yield, two stable QTL on chromosomes 4H and 3H were identified. Recommended that after validation of the identified stable and clustered QTLs for significant quantitative and qualitative traits related to the storage and remobilization of photosynthetic materials and barley grain yield, these QTLs can be used in the marker selection program.

Keywords: Barley, QTL, remobilization, photosynthetic materials

* Corresponding author: makhalily@yahoo.com Received: 2018/09/03 Accepted: 2019/01/19