



"مقاله پژوهشی"

شناسایی QTLها و برهمکنش آنها با محیط برای صفات کیفیت ظاهری برنج با استفاده از دو جمعیت لاین خالص نوترکیب برنج

حسین رحیم سروش^۱، مریم حسینی چالشتی^۲، فرهاد نظریان فیروزآبادی^۳، احمد اسماعیلی^۴ و
علی اکبر عبادی^۵

۱- دانشجوی دکتری، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم آباد، ایران، گروه زراعت و اصلاح نباتات
۲- استادیار پژوهش، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران، موسسه تحقیقات برنج کشور، (نویسنده مسوول: mhkhossieni@gmail.com)
۳ و ۴- استاد و دانشیار، دانشگاه لرستان، خرم آباد، ایران، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی
۵- استادیار پژوهش، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران، موسسه تحقیقات برنج کشور
تاریخ دریافت: ۹۸/۱۱/۱۱ تاریخ پذیرش: ۹۹/۵/۱۱
صفحه: ۱۶۱ تا ۱۷۶

چکیده

صفات ظاهری دانه برنج بر ترجیح مصرف کنندگان و پذیرش بازار تأثیر می گذارند و برنج های دانه بلند در بازارهای بین المللی دارای مشتری زیادی هستند. به منظور تعیین مکان های ژنی کنترل کننده طول، عرض و نسبت طول به عرض (شکل) دانه برنج و برهمکنش آنها با محیط، آزمایشی بر روی دو مجموعه لاین خالص نوترکیب از دو جمعیت برنج حاصل از تلاقی IR/ علی کاظمی (ALIR) و صالح/ علی کاظمی (ALSA) انجام شد. تیمارهای هر جمعیت RIL به همراه پنج رقم شاهد در قالب طرح آگمنت بر پایه طرح بلوک های کامل تصادفی در ۵ تکرار در دو منطقه رشت و تنکابن در شمال ایران ارزیابی شدند. نقشه پیوستگی هر دو جمعیت با استفاده از ۸۷ نشانگر ریزماهوره (SSR) چندشکل، ۱۳۵۶ سانتی مورگان از ژنوم برنج را با فاصله متوسط ۱۵/۵۸ سانتی مورگان بین نشانگرها پوشش داد. در این تحقیق در مجموع ۱۳ QTL اصلی و ده جفت QTL اپیستاتیک برای سه صفت مذکور شناسایی گردید که شامل هفت QTL اصلی و پنج جفت QTL اپیستاتیک برای جمعیت ALIR و شش QTL اصلی و پنج جفت QTL اپیستاتیک برای جمعیت ALSA بودند. دو مکان ژنی $qRGL4$ (1.1) و $qSGL5$ (1.01) با اثر افزایشی مثبت و بیشترین واریانس فنوتیپی توجیه شده به ترتیب به مقدار ۲۵/۲ و ۱۸/۴ درصد، باعث افزایش طول دانه شدند. دو خوشه QTL روی کروموزوم سه شناسایی شدند که با دارابودن آللهایی از والد مشترک علی کاظمی در کنترل هر سه صفت ارزیابی شده در دو جمعیت موثر بودند. سومین خوشه QTL روی کروموزوم هفت ($qGW7$ و $qGSh7$) برای عرض دانه و شکل دانه در جمعیت ALIR مشخص گردید. بنابراین می توان گفت که QTL های هر خوشه یا به شدت پیوسته بوده و یا دارای اثرات پلیوتروپیک با تأثیر قابل توجه در کنترل صفات APQ برنج بودند. در این تحقیق در مجموع ده جفت QTL اپیستاتیک شامل پنج جفت برای هر جمعیت برای سه صفت شناسایی گردید. اثرات اپیستاتیک در جمعیت ALIR عمدتاً تحت تأثیر QTL های اصلی معنی دار (۸۰ درصد) بیان شدند. در حالی که اثرات اپیستازی در جمعیت ALSA بیشتر توسط QTL های غیرمعنی دار (۶۰ درصد) بروز یافتند. سهم واریانس فنوتیپی توجیه شده QTL های اصلی در کنترل ژنتیکی صفات کیفیت ظاهری دانه بیشتر از QTL های اپیستاتیک بود. بررسی برهمکنش QTL با محیط نشان داد که فقط یک QTL اصلی دارای برهمکنش معنی دار با محیط بود، درحالی که هیچ یک از جفت QTL های اپیستازی دارای برهمکنش افزایشی × افزایشی معنی دار با محیط نبودند. مکان های ژنی مطلوب و نشانگرهای پیوسته این تحقیق می توانند بعد از ریز نقشه یابی و اعتبارسنجی، در برنامه به نژادی برای بهبود کیفیت ظاهری دانه برنج استفاده شوند.

واژه های کلیدی: برنج، اپیستازی، محیط، شکل دانه، QTL

مقدمه

کیفیت پخت و خوراک بیشتر مورد توجه مصرف کنندگان قرار گرفتند. کیفیت ظاهری دانه برنج سفید یا کیفیت بازارپسندی عمدتاً شامل طول دانه، عرض دانه، شکل دانه، شفافیت دانه و گچی بودن دانه می باشد. دانه های برنج از نظر طول (میلی متر) به دانه های خیلی بلند (بیش از ۷/۵)، بلند (۶/۶۱-۷/۵)، متوسط (۵/۵۱-۶/۶) و کوتاه (۵/۵) میلی متر و کمتر تقسیم می شوند. شکل دانه از طریق نسبت طول به عرض دانه تعیین می شود. چنانچه این نسبت بیش از ۳ باشد، شکل دانه قلمی نامیده می شود. اگر نسبت طول به عرض دانه بین ۲ تا ۳ باشد، شکل دانه متوسط و در صورتی که ۲ یا کمتر از ۲ باشد، شکل دانه گرد نامیده می شود. اهمیت اندازه و شکل دانه در نزد مصرف کنندگان مختلف، متفاوت است. به طور کلی مصرف کنندگان شبه قاره هند، برنج های دانه بلند را ترجیح

برنج (*Oryza sativa* L.) یک محصول زراعی بسیار مهم در جهان است که غذای اصلی ۶۰٪ مردم جهان را تأمین می کند (۳۰،۸). در دهه های گذشته تمرکز برای افزایش عملکرد برنج در جهان بسیار مورد توجه قرار گرفته است. در سال های اخیر نیز توجه به کیفیت پخت در کنار عملکرد مدنظر قرار گرفته است (۲۸). علاوه بر این، با بهبود سطح استاندارد زندگی، بهبود کیفیت دانه برنج به طور فزاینده ای از طرف مصرف کنندگان تقاضا شده است و به یکی از اولویت های اصلی مورد توجه اصلاح گران و ژنتیک دانان واقع شده است (۱۵).

کیفیت برنج شامل کیفیت ظاهری، کیفیت تبدیل، کیفیت غذایی و کیفیت پخت و خوراک است (۹). کیفیت ظاهری و

(qLWR5) تا ۲۷/۹۹ درصد برای طول دانه (qGL10) متغیر بود.

برهمکنش QTL × محیط نقش مهمی در سازگاری با محیط های در حال تغییر و حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت دارد. این برهمکنش به ویژه در گیاهان خودگشن به طور قابل توجهی بالا است (۲۳). در اصلاح نبات، تعیین QTL های پایدار که در محیط های مختلف بیان شوند، مهم است و مطالعات گسترده و قوی در مورد اثرات متقابل QTL × محیط همچنان مورد نیاز است (۲۳). به علاوه مطالعه و ارزیابی کیفیت دانه بخاطر اثرات اپیستازی، اثرات محیطی و ماهیت تریپلوئید آندوسپرم، پیچیده تر و حائز اهمیت است (۲۹).

حسینی و همکاران (۶) QTL های اصلی و اپیستاتیک و برهمکنش آن ها را با محیط برای خصوصیات کیفیت ظاهری دانه برنج در جمعیت Neda × هاشمی در طی دو سال به روش مشابه تحقیق حاضر مطالعه کردند. آن ها برای طول، عرض و شکل دانه به ترتیب دو، سه و سه QTL توضیح تنوع فنوتیپی ۱۰/۳، ۱۵/۶ و ۱۲/۸ درصد روی کروموزوم های یک تا پنج شناسایی کردند. برهمکنش QTL در محیط فقط برای عرض دانه (qGW5-2) با واریانس فنوتیپی تبیین شده ۱/۷۲ معنی دار شد. در این جمعیت هیچ QTL اپیستاتیک برای طول دانه معنی دار نشد. ولی دو جفت QTL اپیستاتیک برای عرض دانه شناسایی شدند که یک جفت از آن (qGW6/qGW10) با واریانس ۱/۲۴ درصد باعث کاهش عرض دانه (۰/۳۴- میلی متر) و یک جفت دیگر با واریانس ۱/۲۴ درصد و انتقال آلل های والد هاشمی سبب افزایش این صفت (۰/۲۴ میلی متر) شدند. برای شکل دانه نیز دو جفت QTL اپیستاتیک شناسایی شد که یک جفت آن (qLWR5/qLWR12) باعث کاهش این صفت (۰/۸۵۴-) و یک جفت دیگر (qLWR2/qLWR3) باعث افزایش آن (۱/۴۳) شدند. در این مطالعه، فقط دو اثر اپیستازی در محیط برای صفات عرض دانه (qGW5-2/qGW3) و شکل دانه (qLWR2/qLWR3) معنی دار شدند که به ترتیب با تبیین ۰/۴۱ و ۰/۲ درصد از واریانس فنوتیپی و انتقال آلل های هاشمی موجب افزایش این صفات شدند.

اگرچه مطالعات فراوانی در این خصوص انجام شده است، ولی به دلیل اهمیت کیفیت ظاهری دانه در پذیرش یک رقم جدید توسط مصرف کنندگان ایرانی از دو جمعیت حاصل از تلاقی ارقام محلی و اصلاح شده و محلی و رقم خارجی برای شناسایی QTL های کنترل کننده این صفات استفاده شد. به همین منظور، در این تحقیق دو جمعیت لاین خالص نو ترکیب برنج حاصل از تلاقی بین رقم محلی علی کاظمی دانه بلند با لاین خارجی IR67017-180-2-1-2 از IRRI با طول دانه خیلی بلند (جمعیت IR/علی کاظمی) و تلاقی رقم علی کاظمی با رقم اصلاح شده صالح با طول دانه خیلی بلند (جمعیت صالح/علی کاظمی)، در دو محیط رشت و چپرس (تنگابن) در شمال ایران ارزیابی شدند. هدف از این مطالعه شناسایی QTL های اصلی و اپیستاتیک و بررسی برهمکنش آن ها با محیط برای طول دانه، عرض دانه و نسبت طول به عرض دانه (شکل دانه) بود.

می دهند ولی در جنوب شرقی آسیا تقاضا برای برنج های دانه متوسط و نسبتاً بلند زیاد است. در مناطق گرم نیز مصرف ارقام برنج دانه کوتاه متداول است. باین حال در بازارهای بین المللی تقاضای زیادی برای برنج های دانه بلند وجود دارد (۱۷).

در برنامه های به نژادی برنج، خصوصیات کیفیت ظاهری برنج از جمله طول دانه، عرض دانه و شکل دانه در ارزیابی وزن دانه و عملکرد دانه قابل توجه و حائز اهمیت می باشند. بنابراین، تعیین ساختار ژنتیکی این صفات، برای اصلاح ارقام با عملکرد و کیفیت بالا، بسیار مهم است (۳۱). در ایران برنج دومین محصول راهبردی بعد از گندم است و مصرف کنندگان و کشاورزان به خاطر سلیقه و قیمت بازار، برنج دانه بلند با شکل یک نواخت و آندوسپرم شفاف را ترجیح می دهند. بنابراین صفات کیفی ظاهری در برنامه اصلاح برنج برای بهبود ارقام با عملکرد بالا و کیفیت دانه مطلوب مورد توجه هستند.

اکثر خصوصیات کیفیت دانه به صورت کمی به ارث می رسند و برای اصلاح گران نبات مشکل است که با استفاده از روش های به نژادی متداول به دلیل هزینه زیاد و زمان بردن، انتخاب صفات کیفی را انجام دهند (۲۹). با توسعه ژنومیکس کاربردی و فناوری نشانگرهای مولکولی، QTL های زیادی برای صفات کیفیت برنج با استفاده از راهبردهای مختلف نقشه یابی و جمعیت های متفاوت مکان یابی شده اند (۴۰۱). صبوری و همکاران (۱۸) به منظور بررسی ساختار ژنتیکی و مکان یابی ژن های کنترل کننده خصوصیات ظاهری دانه برنج، از ۹۶ لاین اینبرد نو ترکیب (نسل هشتم) حاصل از تلاقی ارقام عنبربو × سپیدرود به روش مکان یابی فاصله ای مرکب استفاده کردند. نقشه ژنتیکی حاصل با تعداد کل ۳۸۷ نشانگر، ۱۹۵۰ سانتی مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد. برای طول دانه سه QTL روی کروموزوم های یک و دو (دو QTL)، برای عرض دانه تنها یک QTL روی کروموزوم یک و برای شکل دانه برنج سفید دو QTL روی کروموزوم های دو و ده شناسایی شدند که در مجموع بیش از ۴۷/۱۴، ۱۰/۱۰ و ۳۶/۳ درصد از واریانس فنوتیپی را به ترتیب برای طول، عرض و شکل دانه توجیه کردند. آلل های والد عنبربو باعث کاهش طول دانه و افزایش عرض دانه و آلل های والد سپیدرود سبب افزایش شکل دانه شدند.

یان و همکاران (۲۴) تجزیه QTL را به روش مکان یابی فاصله ای برای خصوصیات کیفیت ظاهری دانه برنج در تعداد ۲۳۷ لاین از یک جمعیت RIL حاصل از تلاقی ژوگوکیانداو (ZGX) و هیاهی ۳ (HH3) انجام دادند و برای طول دانه چهار QTL روی کروموزوم های یک، هشت، نه و ده، برای عرض دانه شش QTL روی کروموزوم های دو، سه، چهار، ده و یازده (دو مورد) و برای شکل دانه نیز تعداد شش QTL روی کروموزوم های دو، سه، پنج، ده (دو مورد) و یازده مکان یابی کردند. دامنه تغییرات واریانس فنوتیپی توجیه شده برای QTL های این صفات در سال ۲۰۰۹ از ۳/۸۸ درصد (qGL8) تا ۱۷/۶۵ درصد (qGL10) برای طول دانه و در سال ۲۰۱۰ از ۳/۴۷ درصد برای نسبت طول به عرض دانه

مواد و روش‌ها

در این تحقیق سه ژنوتیپ برنج شامل لاین IR67017-180-2-1-2 (IR) و رقم صالح (والد SA) به‌عنوان والد پدری با طول دانه خیلی بلند (بیش از ۷/۵ میلی‌متر) و رقم علی‌کاظمی (AL) به‌عنوان والد مادری مشترک با طول دانه بلند (۷/۵-۶/۶۱ میلی‌متر) در موسسه تحقیقات برنج کشور در رشت در سال ۱۳۹۱ با هم تلاقی داده شدند و لاین‌های حاصل تا نسل F₆ به‌صورت بالک تک‌بذری و از طریق تولید سریع نسل‌های پیشرفته (RGA) در گلخانه توسعه یافتند. تلاقی IR/علی‌کاظمی به جمعیت ALIR با ۱۲۹ لاین خالص نوترکیب (RIL) و تلاقی صالح / علی‌کاظمی به جمعیت ALSA با ۱۱۳ لاین منتج شد. تعداد ۲۴۲ ژنوتیپ این دو جمعیت RIL به‌همراه پنج ژنوتیپ شاهد (والد IR، خزر، صالح، والد علی‌کاظمی و هاشمی) در قالب طرح آگمنت بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۵ تکرار در دو منطقه رشت و تنکابن (ایستگاه تحقیقات برنج چپرس) به‌صورت تک‌بوته کشت شد. ابعاد هر واحد آزمایشی ۲ × ۱ مترمربع و فاصله نشاها از یکدیگر ۲۵ × ۲۵ سانتی‌متر بود.

پس از برداشت و خرمکوبی بوته‌ها، شلتوک حاصل با رطوبت ۱۴ درصد توسط دستگاه ساناکه پوست‌کنی و برنج قهوه‌ای به‌دست‌آمده با دستگاه سفیدکن آزمایشگاهی به برنج سفید تبدیل شد. برای اندازه‌گیری خصوصیات کیفیت ظاهری دانه از سه نمونه تصادفی ۲۰ دانه‌ای برنج سفید برای هر واحد آزمایشی استفاده شد. طول و عرض دانه (از پهن‌ترین قسمت دانه) برنج سفید با استفاده از دستگاه فتوانالارجر (Photo Enlarger)، که دانه را با بزرگنمایی ۱۰ برابر نشان می‌دهد، بر حسب میلی‌متر اندازه‌گیری شد و از تقسیم طول دانه به عرض دانه، نسبت طول به عرض یا شکل دانه سفید ثبت گردید. سپس از میانگین داده‌های هر صفت برای محاسبات آماری با استفاده از نرم‌افزارهای EXCEL و SAS استفاده شد.

استخراج DNA از نمونه‌های ده برگی از هر کرت در مرحله پنجه به‌روش CTAB انجام گرفت (۱۴). کمیت و کیفیت DNA استخراج‌شده روی ژل آگارز یک درصد و با استفاده از دستگاه الکتروفورز افقی تعیین گردید. تعداد ۳۰۰ جفت آغازگر ریزماهواره^۱ (خریداری‌شده از شرکت ایزوژن هلند) با توزیع مناسب روی دوازده کروموزوم برنج روی والدین دو جمعیت آزمون شدند که انتخاب آن‌ها براساس نقشه فیزیکی محققین قبلی انجام شد (۱۳). پس از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از دستگاه Biometra، نقشه پیوستگی نشانگرهای ریزماهواره برای لاین‌های دو جمعیت با استفاده از داده‌های ژنوتیپی ۸۷ نشانگر چندشکل و نرم‌افزار Map Manager مانلی و همکاران (۱۲) تهیه گردید. فواصل نشانگری در این نقشه بر اساس تابع کوزمبای محاسبه گردید. به‌دلیل این‌که نسل ششم تقریباً نسل خالصی است، قبل از

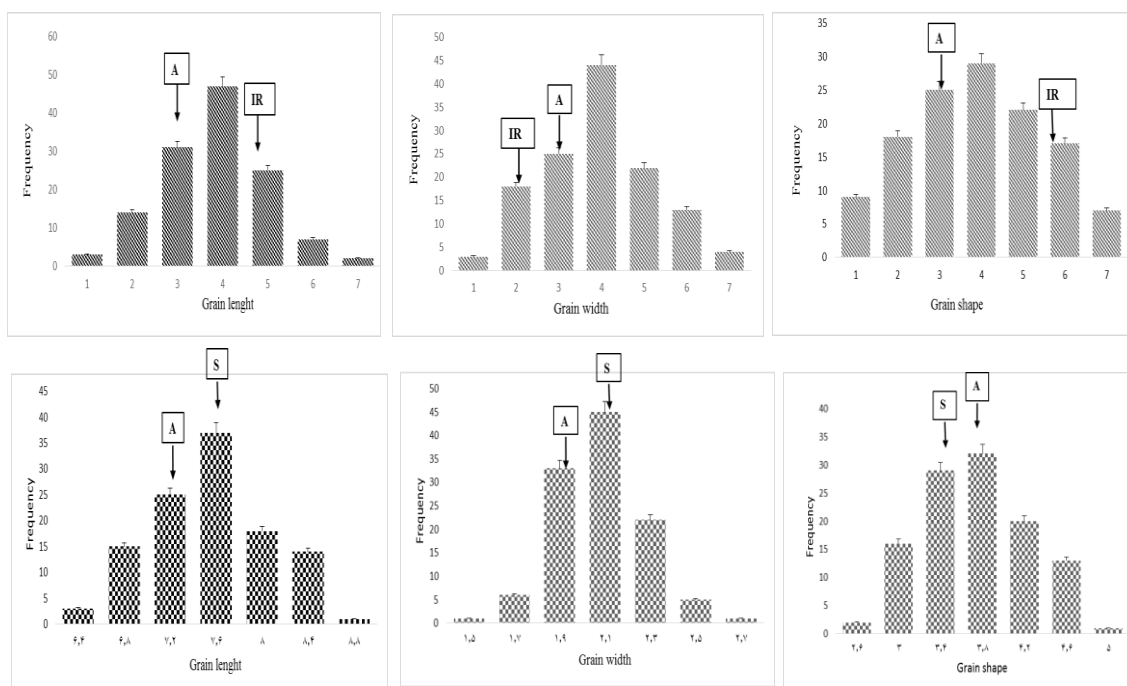
تهیه نقشه پیوستگی به‌منظور بررسی وجود یا عدم وجود انحراف فراوانی‌های آلی و ژنوتیپی مشاهده‌شده نشانگرهای ریزماهواره از فراوانی مورد انتظار مندلی (نسبت ۱:۱)، از آزمون کای‌اسکور^۲ استفاده شد.

تجزیه همزمان داده‌های فنوتیپی دو محیط و داده‌های ژنوتیپی برای هر جمعیت، به‌منظور شناسایی QTL‌های پایدار به‌روش الگوریتم MCMC و مدل Bayesian و با استفاده از نرم‌افزار QTLNETWORK v.2 یانگ و ژو (۲۶) انجام شد (۱۹). در این نرم‌افزار با استفاده از مدل ترکیبی مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب و آزمون F، نزدیکترین نقطه به QTL واقعی به‌عنوان مکان ژنی با اثرات معنی‌دار شناسایی شده و همزمان اثرات متقابل بین مکان‌های ژنی یا اپیستازی (AA) و اثرات متقابل اپیستازی با محیط (AAE) برآورد شد (۲۵).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ساده برای دو جمعیت و دو محیط رشت و تنکابن (جدول ۱) نشان داد که لاین‌های هر یک از جمعیت‌ها و شاهدهای مشمول والدین از نظر صفات کیفیت ظاهری دانه، اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد داشتند که بیانگر وجود تنوع قابل توجه در بین لاین‌ها و والدین مورد مطالعه بود. میانگین و دامنه تغییرات صفات کیفیت ظاهری دانه برای والدین و لاین‌های دو جمعیت در جدول ۲ نشان داده شد. نتایج میانگین والدین حاکی از این بود که والدین پدری IR و صالح با طول دانه بیشتر از ۷/۵۰ میلی‌متر از گروه برنج‌های خیلی بلند بودند، در حالی که والد مادر علی‌کاظمی با طول دانه ۷/۱۸ میلی‌متر از برنج‌های دانه بلند محسوب شد. بدین ترتیب طول دانه علی‌کاظمی کمتر از دو والد دیگر، عرض دانه آن بیشتر از IR و کمتر از صالح و برعکس شکل دانه آن کمتر از IR ولی بیشتر از صالح بود. نتایج میانگین لاین‌ها نشان داد که طول دانه و شکل دانه لاین‌ها در جمعیت ALIR، در بین دو والد و در جمعیت ALSA، بیشتر از دو والد بود. برعکس، میانگین عرض دانه در جمعیت ALIR، بیشتر از دو والد و در جمعیت ALSA، در بین دو والد قرار داشت. مقایسه میانگین صفات مابین لاین‌های دو جمعیت حاکی از آن بود که میانگین طول، عرض و شکل دانه در جمعیت ALIR تقریباً نزدیک به جمعیت ALSA بود.

بررسی دامنه تغییرات صفات در بین لاین‌های خالص نوترکیب در هر جمعیت (جدول ۲) بر وجود تنوع فنوتیپی وسیع داده‌ها، تفکیک متجاوز و کنترل چندژنی صفات مورد مطالعه دلالت داشت. همچنین توزیع فراوانی لاین‌های دو جمعیت RIL برای همه صفات مورد مطالعه به‌صورت پیوسته و نسبتاً نرمال بود (شکل ۱) که همانند گزارش‌های بسیاری از محققین، بر کمی‌بودن این صفات و دخالت چندین ژن در کنترل آنها دلالت داشت (۳۱، ۲۴، ۲۰، ۱۰، ۹، ۷).



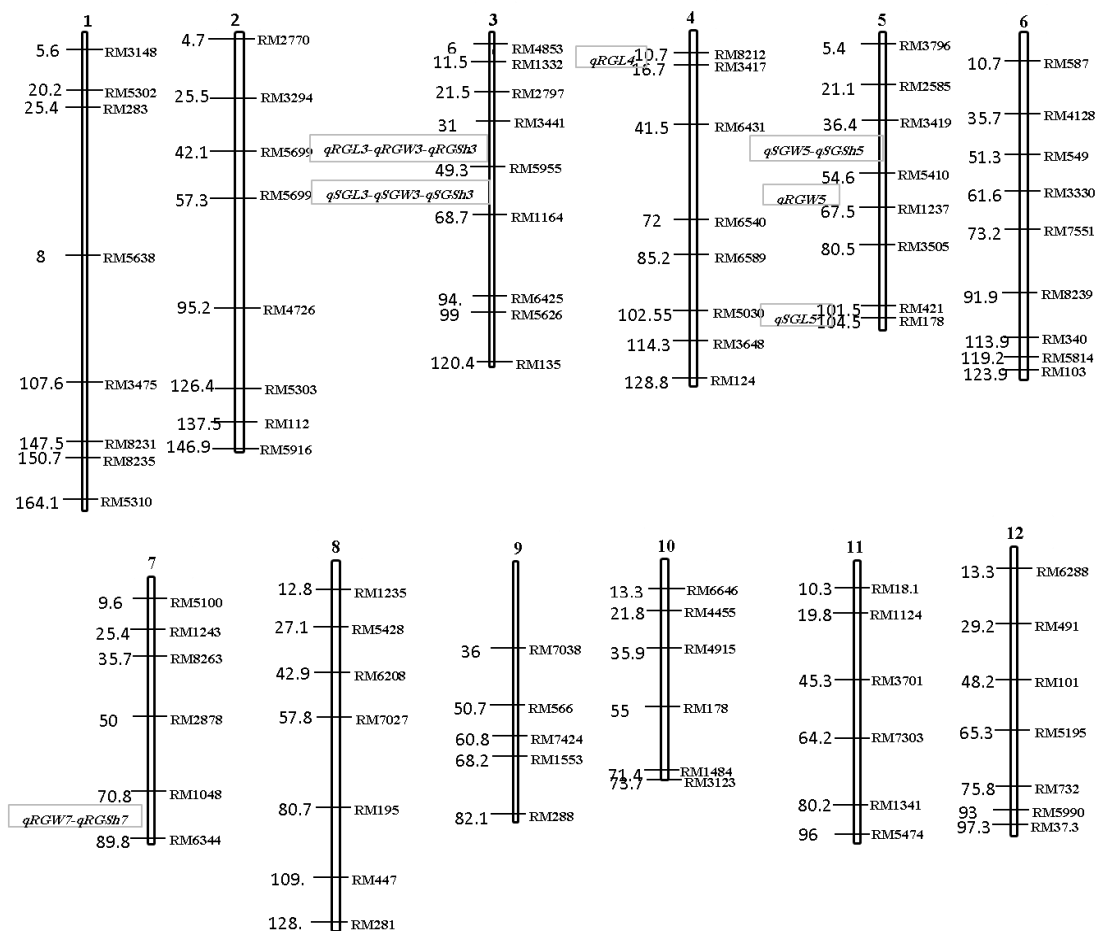
شکل ۱- توزیع فراوانی صفات کیفیت ظاهری دانه برنج برای لاین های خالص نوترکیب در دو جمعیت IR×علی کاظمی (ALIR) (بالا) و صالح×علی کاظمی (ALSA) (پایین). میانگین والد ها با فلش نشان داده شد.

Figure 1. Frequently distribution of grain appearance quality traits in Rice for recombinant inbred lines from two population IR × Ali kazemi (ALIR)(up) and Saleh × Ali kazemi (ALSA)(down). A, Ali kazemi; S, Saleh; IR, IR67017-180-2-1-2. The average of parental lines are indicated by arrows.

ژنوتیپی ۱:۱ نشانگرهای ریزماهواره برای لاین های خالص نوترکیب (F_6) دو جمعیت نشان داد که فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده نشانگرهای مورد استفاده، مطابقت خوبی با فراوانی مورد انتظار مندلی داشتند. بنابراین از همه نشانگرهای چندشکل (۸۷ نشانگر SSR) جهت تهیه نقشه پیوستگی استفاده شد. نقشه پیوستگی هر جمعیت ۱۳۵۶ سانتی مورگان از ژنوم برنج را با فاصله متوسط ۱۵/۵۸ سانتی مورگان بین نشانگرهای ریزماهواره پوشش داد (شکل ۲). معمولاً نقشه پیوستگی در مطالعات مختلف، به دلیل نوع، میزان خلوص، و انداز جمعیت ها و همچنین نوع و تعداد نشانگرها، متفاوت می باشد. در یک تحقیق، که از ۳۵۰ نشانگر ریزماهواره SSR برای تعیین چندشکلی والدین استفاده شد. تعداد ۷۱ و ۷۵ نشانگر چند شکل به ترتیب برای دو جمعیت IR/هاشمی و ندا/هاشمی استفاده شد و طول کل نقشه پیوستگی برای این دو جمعیت ۱۱۰۳/۴۵ و ۱۲۶۰/۵۳ سانتی مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد (۶).

ضرایب همبستگی ساده بین صفات با یکدیگر در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی طول دانه با عرض دانه در هر دو جمعیت (-0.25^{**}) و ALSA (-0.45^{**}) منفی و معنی دار بود. درحالی که همبستگی طول دانه با شکل دانه در هر دو جمعیت ALIR (0.67^{**}) و ALSA (0.83^{**}) مثبت و معنی دار بود. به علاوه، همبستگی بین عرض دانه و شکل دانه در هر دو جمعیت ALIR (-0.78^{**}) و ALSA (-0.83^{**}) منفی و معنی دار بود که با نتایج نقشه یابی QTL در این تحقیق برای این صفات موافقت داشت. ژائو و همکاران (۳۱) همبستگی بین طول دانه با عرض دانه را در سال اول و دوم غیرمعنی دار و همبستگی بین طول دانه با نسبت شکل دانه را در سال اول (0.86^{**}) و دوم (0.83^{**}) مثبت و معنی دار گزارش کردند.

به علاوه همبستگی بین عرض دانه و نسبت شکل دانه در گزارش آن ها در سال اول (-0.45^{**}) و دوم (-0.59^{**}) منفی و معنی دار اعلام گردید که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. نتایج آزمون کای اسکور (χ^2) به منظور بررسی نسبت های



شکل ۲- نقشه پیوستگی نشانگرهای چندشکل ریزماهوره و موقعیت مکان‌های ژنی سه صفت کیفیت ظاهری برنج در دو جمعیت لاین خالص نوترکیب، R و S بعد از q به‌ترتیب نشان‌دهنده QTL مرتبط با جمعیت ALIR و ALSA هستند.

Figure 2. Molecular linkage map of SSR markers and position of the QTLs of three trait of rice appearance quality in two RIL populations. R and S after q indicate the QTL of IRA and SA populations, respectively

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات کیفیت ظاهری دانه برنج در دو جمعیت لاین خالص نوترکیب در مناطق تنکابن و رشت

Table 1. Analysis of variance for grain appearance quality traits in two RIL populations in Tonkabon and Rasht regions

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات (در جمعیت IR / علی کاظمی)						میانگین مربعات (در جمعیت صالح / علی کاظمی)					
		منطقه تنکابن			منطقه رشت			منطقه تنکابن			منطقه رشت		
		طول دانه (میلی متر)	عرض دانه (میلی متر)	شکل دانه	طول دانه (میلی متر)	عرض دانه (میلی متر)	شکل دانه	طول دانه (میلی متر)	عرض دانه (میلی متر)	شکل دانه	طول دانه (میلی متر)	عرض دانه (میلی متر)	شکل دانه
ژنوتیپ	۱۳۳	۰/۳۴۱ ^{**}	۰/۰۲۴ ^{**}	۰/۱۷۳ ^{**}	۰/۲۱۳ ^{**}	۰/۰۴۷ ^{**}	۰/۲۱۹ ^{**}	۰/۲۶۸ ^{**}	۰/۰۴۱ ^{**}	۰/۲۶۳ ^{**}	۰/۳۱۳ ^{**}	۰/۰۵۳ ^{**}	۰/۲۸۸ ^{**}
لاین	۱۲۸	۰/۳۲۶ ^{**}	۰/۰۲۲ ^{**}	۰/۱۶۰ ^{**}	۰/۲۰۳ ^{**}	۰/۰۴۵ ^{**}	۰/۲۰۷ ^{**}	۰/۲۴۵ ^{**}	۰/۰۲۸ ^{**}	۰/۲۵۱ ^{**}	۰/۲۹۹ ^{**}	۰/۰۵۰ ^{**}	۰/۲۷۷ ^{**}
شاهد	۴	۰/۵۵۱ ^{**}	۰/۰۵۸ ^{**}	۰/۵۴۹ ^{**}	۰/۵۰۱ ^{**}	۰/۰۵۱ ^{**}	۰/۳۹۸ ^{**}	۰/۵۵۱ ^{**}	۰/۰۵۸ ^{**}	۰/۵۵۰ ^{**}	۰/۵۰۱ ^{**}	۰/۰۵۱ ^{**}	۰/۳۹۸ ^{**}
شاهد در مقابل لاین	۱	۰/۲۲۰ ^{**}	۰/۰۰۳ ^{ns}	۰/۱۳۶ ^{**}	۰/۲۱۳ ^{**}	۰/۱۳۳ ^{**}	۰/۰۰۳ ^{ns}	۱/۲۹ ^{**}	۰/۱۴۶ ^{**}	۰/۰۰۵ ^{ns}	۰/۲۱۳ ^{**}	۰/۲۱۹ ^{**}	۰/۰۰۹ ^{**}
بلوک	۴	۰/۰۱۴ ^{ns}	۰/۰۰۹ ^{ns}	۰/۰۲۸ ^{ns}	۰/۰۰۷ ^{ns}	۰/۰۰۷ ^{ns}	۰/۰۰۷ ^{ns}	۰/۰۱۴ ^{ns}	۰/۰۰۹ ^{ns}	۰/۰۲۸ ^{ns}	۰/۰۰۷ ^{ns}	۰/۰۰۶ ^{ns}	۰/۰۰۷ ^{ns}
خطای آزمایشی	۱۶	۰/۰۱۳	۰/۰۰۷	۰/۰۱۹	۰/۰۲۷	۰/۰۰۳	۰/۰۲۱	۰/۰۱۳	۰/۰۰۷	۰/۰۱۹	۰/۰۲۷	۰/۰۰۳	۰/۰۲۱
ضریب تغییرات		۱/۵۰	۴/۱۴	۳/۶۳	۲/۱۹	۲/۹۲	۳/۷۹	۱/۴۸	۴/۰۲	۳/۶۹	۲/۱۹	۲/۸۹	۳/۸۴

* و **: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪، ns، بدون اختلاف معنی دار

جدول ۲- میانگین، انحراف معیار و دامنه تغییرات صفات کیفیت ظاهری دانه برای والدین و دو جمعیت برنج در دو محیط

Table 2. Means $\pm$ standard deviation (SD) and range of grain appearance quality traits in parents and two rice populations in two studied regions

صفت	جمعیت IR / علی کاظمی				جمعیت صالح / علی کاظمی			
	والدین	صالح	علی کاظمی	محدوده	والدین	صالح	علی کاظمی	محدوده
طول دانه (میلی متر)	۷/۸۵	۷/۵۱	۷/۱۸	۶/۳۷-۸/۰۵	۷/۵۴ $\pm$ ۰/۵۲	۷/۵۴ $\pm$ ۰/۵۲	۷/۵۴ $\pm$ ۰/۵۲	۶/۲۰-۸/۷۵
عرض دانه (میلی متر)	۱/۸۳	۲/۱۰	۱/۹۷	۱/۵۸-۲/۶۳	۲/۰۵ $\pm$ ۰/۲۱	۲/۰۵ $\pm$ ۰/۲۱	۲/۰۵ $\pm$ ۰/۲۱	۱/۶۵-۲/۵۵
شکل دانه	۴/۲۹	۳/۵۸	۳/۶۵	۲/۷۲-۴/۸۱	۳/۷۴ $\pm$ ۰/۵۱	۳/۷۴ $\pm$ ۰/۵۱	۳/۷۴ $\pm$ ۰/۵۱	۳/۰۸-۴/۷۲

جدول ۳- ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات کیفیت ظاهری دانه در جمعیت / علی کاظمی (بالای قطر) و صالح / علی کاظمی (پائین قطر) در دو مکان

Table 3. Phenotypic correlation coefficients between grain appearance quality traits in population IR/Ali Kazemi (top of diameter) and Saleh/Ali Kazemi (down of diameter) in two studied regions

شکل دانه	عرض دانه (میلی متر)	طول دانه (میلی متر)
۰/۶۷ ^{**}	۰/۲۵ ^{**}	۱/۰۰
۰/۷۸ ^{**}	۱/۰۰	۰/۴۷ ^{**}
۱/۰۰	۰/۷۵ ^{**}	۰/۶۵ ^{**}

QTL های اصلی با اثرات افزایشی

در این تحقیق برای سه صفت کیفیت ظاهری برنج در مجموع ۱۳ QTL اصلی شامل هفت QTL برای جمعیت ALIR و شش QTL برای جمعیت ALSA شناسایی شدند (جدول ۳). این QTL ها بر روی کروموزوم های سه، چهار، پنج و هفت با دامنه تنوع فنوتیپی از ۸/۵ تا ۲۵/۲ درصد قرار داشتند.

طول دانه

برای طول دانه در جمعیت ALIR دو QTL اصلی بزرگ اثر (qGL3 و qGL4) روی کروموزوم های سه و چهار به ترتیب در حد فاصل نشانگرهای RM3441-RM5955 و RM8212-RM3417 به روش مکان یابی فاصله ای مرکب شناسایی شدند. اثر افزایشی اصلی در مکان ژنی qGL3 منفی بود و آللهایی از والد علی کاظمی، طول دانه را ۰/۲ میلی متر کاهش دادند. تنوع فنوتیپی پوشش داده شده توسط qGL3، ۲۰/۴ درصد بود. مکان ژنی qGL4 روی کروموزوم چهار به فاصله ۳/۹ سانتی مورگان از نشانگر RM8212 قرار دارد و ۲۵/۲ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را تبیین کرد و با آللهایی از والد IR، طول دانه را به مقدار ۱/۱ میلی متر افزایش داد. در جمعیت ALSA نیز برای طول دانه، دو QTL اصلی بزرگ اثر (qGL3 و qGL5) روی کروموزوم های سه و پنج به ترتیب در حد فاصل نشانگرهای RM5955-RM1164 (به فاصله ۲/۵ سانتی مورگان از RM1164) و RM421-RM178 (به فاصله ۱/۳ سانتی مورگان از RM178) شناسایی شدند (جدول ۳). مکان ژنی، qGL3 روی کروموزوم سه با انتقال آللهایی از والد علی کاظمی موجب کاهش ۰/۹۰ میلی متر از طول دانه شد که ۲۰/۱ درصد از تنوع فنوتیپی را توجیه کرد. در حالی که مکان ژنی qGL5 روی کروموزوم پنج با انتقال آللهایی از والد صالح با اثر افزایشی مثبت طول دانه را به مقدار ۱/۰۱ میلی متر افزایش داد و ۱۸/۴ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را تبیین کرد. ژائو و همکاران (۳۱) نیز از بین ۱۷ QTL شناسایی شده در یک جمعیت RIL با تعداد ۱۹۰ لاین در دو سال، چهار QTL روی کروموزوم سه و دو QTL روی کروموزوم پنج شناسایی کردند، به طوری که مکان ژنی qGL3.1 در هر دو سال آزمایش در فاصله نشانگری RM517-RM473D با واریانس فنوتیپی توجیه شده بین ۸/۵۵ تا ۱۱/۲۴ درصد همانند تحقیق حاضر باعث کاهش طول دانه بین ۰/۳۱ تا ۰/۳۴ میلی متر شد.

برای طول دانه، دو QTL (qGL3) روی کروموزوم سه با یک نشانگر مشابه RM5955 با آللهایی از والد مشترک علی کاظمی سبب کاهش طول دانه شدند. نشانگر RM5955 که فاصله ژنتیکی ۳/۷ سانتی مورگان با qGL3 در جمعیت ALIR داشت، به عنوان نشانگر پیوسته با آن شناسایی شد. در یک مطالعه، دو QTL برای طول دانه روی کروموزوم سه مکان یابی شد. یکی (qGL3.2) بزرگ اثر بوده و بین دو نشانگر RM282 و PSM127 شناسایی شد (۲۲) که مشابه QTL گزارش شده قبلی (qGS3) توسط فان و همکاران (۳) بود. مکان ژنی qGL3 روی کروموزوم سه قبلاً نیز توسط محققین دیگر شناسایی شد (۲۰). به علاوه مکان ژنی (qGL4) بیشترین اثر افزایشی (۱/۱+ میلی متر) و واریانس

فنوتیپی توجیه شده (۲۵/۲٪) را در بین دو جمعیت داشت و سهم آن در کنترل صفت طول دانه بیشتر از سایر مکان های ژنی شناسایی شده در این تحقیق بود. مکان ژنی روی کروموزوم چهار برای طول دانه (qGL4) قبلاً نیز (۷) گزارش گردید.

عرض دانه

برای عرض دانه در جمعیت ALIR، سه QTL (qGW7)، qGW5 و qGW3-2 روی کروموزوم های سه، پنج و هفت به روش مکان یابی فاصله ای مرکب شناسایی شد که به ترتیب ۱۱/۸، ۹/۵ و ۱۰/۸ درصد از تنوع فنوتیپی را توجیه کردند (جدول ۳). مکان ژنی qGW7 بین دو نشانگر RM1048-RM6344 روی کروموزوم هفت آللهایی از والد IR برای کاهش عرض دانه به مقدار ۰/۲۰ میلی متر داشت. در حالی که دو مکان ژنی qGW5 روی کروموزوم پنج بین دو نشانگر RM5410-RM1237 (چسبیده به نشانگر RM1237) و qGW3-2 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM3441-RM5955 (به فاصله ۰/۲ سانتی مورگان از نشانگر RM3441)، آللهایی از والد علی کاظمی برای افزایش عرض دانه به ترتیب به میزان ۰/۱۰ و ۰/۲۵ میلی متر داشتند. در جمعیت ALSA برای عرض دانه، دو QTL روی کروموزوم های سه و پنج (qGW5 و qGW3) شناسایی شدند که به ترتیب ۸/۶ و ۹/۷ درصد از تنوع فنوتیپی را توضیح دادند (جدول ۳). مکان ژنی qGW3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM5955-RM1164 قرار داشت و آللهایی از والد علی کاظمی، عرض دانه را به مقدار ۰/۱۵ میلی متر افزایش دادند. در حالی که مکان ژنی qGW5 روی کروموزوم پنج بین دو نشانگر RM3419-RM5410 قرار داشت و آللهایی از والد صالح باعث کاهش عرض دانه به مقدار ۰/۲ میلی متر شدند. جی و همکاران (۸) با مطالعه نسل یازدهم یک جمعیت شامل ۲۴۱ لاین خالص نو ترکیب (RILs) حاصل از تلاقی دو واریته برنج هندی 97 Zhenshan و 63 Minghui، با استفاده از ۲۲۱ نشانگر مولکولی، برای عرض دانه برنج یک QTL روی کروموزوم شماره ۵ در بین نشانگرهای RG360-C734b شناسایی کردند که ۵۵/۹۳ درصد از واریانس فنوتیپی را تبیین کرد و با اثر افزایشی منفی موجب کاهش ۰/۱۲۹ میلی متر از عرض دانه شد. وان و همکاران (۲۰) یک QTL (qGW-5) و یک ژن مغلوب مسوول کنترل عرض دانه (gw5) را بر روی کروموزوم شماره ۵ شناسایی کردند. از نتایج این بررسی برای انتخاب بر اساس نشانگرها و هرمی کردن ژن های مطلوب در اصلاح برنج می توان استفاده کرد.

برای عرض دانه در دو جمعیت ALIR و ALSA، دو QTL روی کروموزوم سه و دو QTL روی کروموزوم پنج در بین جفت نشانگرهای مختلف و با موقعیت QTL متفاوت ولی با یک نشانگر مشابه به ترتیب RM5955 و RM5410 مکان یابی شدند. QTL های روی کروموزوم سه در هر دو جمعیت و QTL روی کروموزوم پنج در جمعیت ALIR با آللهایی از والد مشترک علی کاظمی سبب افزایش عرض دانه شدند، در حالی که QTL روی کروموزوم پنج در جمعیت ALSA با آللهایی از والد صالح باعث کاهش عرض دانه شد. نشانگر RM5955 با فاصله ژنتیکی ۳/۸ سانتی مورگان، نزدیک به مکان ژنی qGW3 در جمعیت ALIR و نشانگر

معنی دار بود که با انتقال آللهایی از والد صالح با پوشش تنوع فنوتیپی ۲/۵ درصد در محیط یک (تکابن) باعث افزایش و در محیط دو (رشت) باعث کاهش طول دانه شد (جدول ۳). برهمکنش AE برای سایر QTL های شناسایی شده هر سه صفت کیفیت ظاهری دانه معنی دار نبود که احتمالاً حاکی از پایداری این مکان های ژنی و استقلال آن ها از تاثیر محیط می باشد. لویو و همکاران (۱۰) QTL های صفات کیفی دانه در برنج را با استفاده از ۱۸۵ نشانگر ریزوماهواره در ۲۸۶ لاین F₈ برنج در سه محیط مکان یابی کردند و هیچ QTL دارای برهمکنش معنی دار با محیط برای طول، عرض و شکل دانه شناسایی نکردند که مشابه نتایج تحقیق حاضر در جمعیت ALSA می باشد.

مقایسه QTL های اصلی شناسایی شده برای صفات مورد ارزیابی در دو جمعیت (جدول ۴) نشان داد که تمام QTL های روی کروموزوم سه برای هر سه صفت کیفیت ظاهری دانه در یک ناحیه یا بلوک کروموزومی بین نشانگرهای RM3441-RM5955 و نشانگرهای RM1164-RM5955 و در موقعیت QTL ی بین ۳۱ تا ۶۸/۷ سانتی مورگان قرار داشتند. شناسایی QTL هایی روی کروموزوم سه برای هر سه صفت طول، عرض و شکل دانه قبلاً نیز توسط بای و همکاران (۱) در یک جمعیت RIL حاصل از دو رقم ایندیکا و ژاپونیکا گزارش گردید. تمام شش QTL شناسایی شده بر روی کروموزوم سه در دو جمعیت این تحقیق، با یک نشانگر مشترک RM5955 مرتبط بودند و با آللهایی از والد مشترک علی کاظمی در کنترل هر سه صفت طول دانه، عرض دانه و شکل دانه تاثیر داشتند. بنابراین زمینه ژنتیکی مشترک والد مادری در دو جمعیت برای صفات کیفیت ظاهری دانه نقش داشته و موجب ثبات و پایداری این QTL ها شده است. چنین نتیجه ای برای برخی صفات از جمله عرض دانه و نسبت طول به عرض دانه در بین دو جمعیت لاین های اینترورگرسیون (MH6-ILs و 02428-ILs) روی کروموزوم پنج توسط محققین دیگر گزارش گردید (۱۵). به هر حال سه QTL روی کروموزوم سه شامل qRGW3، qSGW3 و qSGSh3 به ترتیب ۱۰/۸، ۸/۵ و ۱۰/۸ درصد از تنوع فنوتیپی را تبیین کردند و به ترتیب با اثر افزایشی مطلوب و مثبت ۰/۲۵، ۰/۱۵ و ۰/۷۰ باعث افزایش عرض دانه و شکل دانه شدند.

نشانگر مشترک RM5955 در جمعیت ALIR با QTL های مرتبط با هر سه صفت طول دانه، عرض دانه و شکل دانه دارای فاصله ژنتیکی به ترتیب ۳/۷، ۳/۸ و ۳/۸ سانتی مورگان بود و در نتیجه می تواند به عنوان نشانگر پیوسته با این سه صفت مورد توجه به نژادگران قرار بگیرد. در این تحقیق هیچ یک از QTL های مکان یابی شده برای هر سه صفت در بین دو جمعیت دارای جفت نشانگر مشابه نبودند که ناشی از تفاوت در زمینه ژنتیکی بین دو جمعیت ناشی از دو والد پدری IR از موسسه بین المللی تحقیقات برنج و صالح از ارقام اصلاح شده ایرانی می باشد. بعلاوه برای عرض دانه یک نشانگر مشترک RM5410 برای مکان ژنی qGW5 روی کروموزوم پنج بین دو جمعیت مشخص گردید که فاصله ژنتیکی این نشانگر با مکان ژنی qGW5 در جمعیت ALIR صفر و در جمعیت ALSA، ۴/۱ سانتی مورگان بود.

RM5410 با فاصله ژنتیکی ۴/۱ سانتی مورگان، نزدیک به مکان ژنی qGW5 در جمعیت ALSA قرارداشتند و بنابراین احتمالاً می توانند به عنوان نشانگر پیوسته با این QTL ها در برنامه انتخاب به کمک نشانگر (MAS) برای بهبود عرض دانه مورد توجه به نژادگران قرار گیرند. وانگ و همکاران (۲۱) QTL هایی را برای عرض دانه روی کروموزوم های ۲ (دو مورد)، ۳، ۵ و ۶ شناسایی کردند.

شکل دانه

در جمعیت ALIR برای شکل دانه، دو QTL (qGSh3 و qGSh7) به روش مکان یابی فاصله ای مرکب روی کروموزوم های سه و هفت شناسایی شد که به ترتیب ۱۰/۸ و ۱۱/۲ درصد از تنوع فنوتیپی را پوشش دادند (جدول ۳). مکان ژنی qGSh3 روی کروموزوم سه بین نشانگرهای RM3441-RM5955 قرارداشت و آللهایی از والد علی کاظمی برای کاهش شکل دانه به مقدار ۰/۷ واحد داشت. در حالی که مکان ژنی qGSh7 روی کروموزوم هفت بین دو نشانگر RM1048-RM6344 قرارداشت و آللهای والد IR باعث افزایش شکل دانه به مقدار ۰/۸ واحد شدند.

در جمعیت ALSA برای شکل دانه، دو QTL روی کروموزوم های سه و پنج (qGSh3 و qGSh5) شناسایی شد که به ترتیب ۱۰/۵ و ۱۲/۸ درصد از تنوع فنوتیپی را تبیین کردند (جدول ۳). مکان ژنی qGSh3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM1164-RM5955 قرار داشت و آللهای والد علی کاظمی، شکل دانه را به مقدار ۰/۶۵ واحد کاهش دادند. در حالی که مکان ژنی qGSh5 روی کروموزوم پنج بین دو نشانگر RM3419-RM5410 قرارداشت و آللهای والد صالح باعث افزایش شکل دانه به مقدار ۰/۲ واحد شدند. در یک تحقیق، از پنج QTL مکان یابی شده برای نسبت طول به عرض دانه سه QTL مشابه این تحقیق بر روی کروموزوم های ۳ (دو مورد) و ۵ شناسایی شدند (۱).

برای شکل دانه در هر دو جمعیت، یک QTL (qGSh3) روی کروموزوم سه شناسایی شد. ولی جایگاه ژنی، نشانگرهای مجاور، مقدار تبیین تنوع فنوتیپی و اثر افزایشی آن در هر جمعیت متفاوت بود. به طوری که مثلاً qGSh3 در جمعیت ALIR بین نشانگرهای RM3441-RM5955 و در موقعیت ۴۵/۵ سانتی مورگان قرار داشت، در حالی که در جمعیت ALSA بین نشانگرهای RM1164-RM5955 و در موقعیت ۶۵/۴ سانتی مورگان قرارداشت. این qGSh3 در دو جمعیت دارای یک نشانگر مشابه (RM5955) بود. نقطه اشتراک دیگر مکان ژنی qGSh3 در دو جمعیت ALIR و ALSA در انتقال آللهای والد مشترک مادری (علی کاظمی) به نتاج بود که باعث کاهش شکل دانه در هر دو جمعیت گردید. وان و همکاران (۲۰) یک QTL مرتبط با نسبت طول به عرض دانه را در هشت محیط روی کروموزوم سه در بین نشانگرهای C1677 و R19 شناسایی نموده و به عنوان QTL پایدار معرفی کردند. نشانگر RM5955 که فاصله ژنتیکی ۳/۸ سانتی مورگان با qGSh3 در جمعیت ALIR داشت، به عنوان نشانگر پیوسته با آن شناسایی شد.

برهمکنش افزایشی در محیط (AE) در این مطالعه فقط برای مکان ژنی طول دانه (qGL5) در جمعیت ALSA

جدول ۴- اثرات افزایشی و برهمکنش افزایشی در محیط در مکان‌های ژنی شناسایی شده کیفیت ظاهری دانه برنج اندازه‌گیری شده در دو محیط برای دوجمعیت لاین‌های خالص نوترکیب
Table 4. Additive (A) and additive $\times$ environment (AE) interaction effects of QTLs detected for rice grain appearance quality traits measured in two RIL populations under two regions

Trait	QTL	Marker interval	QTL Position (cM)	Parent	A _i	R ² _a	AE ₁	AE ₂	R ² _{ae}
Alikazemi/IR RIL population									
طول دانه	qGL3	RM3441-RM5955	45.6	AL	-0.20	20.4			
(میلی‌متر)	qGL4	RM8218-RM3417	15.8	IR	1.10	25.2			
	qGW7	RM1048-RM6344	85.5	IR	-0.20	11.8			
عرض دانه	qGW5	RM5410-RM1237	67.5	AL	0.10	9.5			
(میلی‌متر)	qGW3	RM3441-RM5955	49.5	AL	0.25	10.8			
	qGSh3	RM3441-RM5955	45.5	AL	-0.70	10.8			
شکل دانه	qGSh7	RM1048-RM6344	85.5	IR	0.85	11.2			
Alikazemi/Saleh RIL population									
طول دانه	qGL3	RM5955-RM1164	65.3	AL	-0.90	20.1			
(میلی‌متر)	qGL5	RM421-RM178	103.2	SA	1.01	18.4	0.3	-0.2	2.5
عرض دانه	qGW3	RM5955-RM1164	64.9	AL	0.15	8.5			
(میلی‌متر)	qGW5	RM3419-RM5410	50.5	SA	-0.20	9.7			
	qGSh3	RM5955-RM1164	65.4	AL	-0.65	10.5			
شکل دانه	qGSh5	RM3419-RM5410	50.4	SA	0.80	12.8			

QTL: مکان ژنی، Marker interval: نشانگرهای مجاور، QTL position: موقعیت مکان ژنی (سانتی‌مورگان)، A_i: اثر افزایشی، R²_a: تنوع پوشش داده شده توسط اثر افزایشی، AE₁: برهمکنش افزایشی با محیط ۱، AE₂: اثر متقابل افزایشی با محیط ۲، R²_{ae}: تنوع پوشش داده شده توسط برهمکنش افزایشی با محیط، Parent: والد توزیع‌کننده آلل‌ها در مکان ژنی

جدول ۵- مقایسه QTLهای اصلی برای صفات کیفیت ظاهری برنج بین دو جمعیت RIL در دو محیط
Table 5. Comparison of M-QTLs for rice appearance quality traits between two RIL populations in two environments

Trait	Chr	ALIR population			ALSA population		
		QTL	Marker interval	Positive allele ^a	QTL	Marker interval	Positive allele ^a
طول دانه	3	qGL3	RM3441-RM5955	AL	qGL3	RM5955-RM1164	AL
عرض دانه	3	qGW3	RM3441-RM5955	AL	qGW3	RM5955-RM1164	AL
عرض دانه	5	qGW5	RM5410-RM1237	AL	qGW5	RM3419-RM5410	SA
شکل دانه	3	qGSh3	RM3441-RM5955	AL	qGSh3	RM5955-RM1164	AL

a، آللهایی که برای صفات خوشه از والد علی‌کاظمی، IR و صالح ناشی می‌شوند. GL: طول دانه، GW: عرض دانه، GSh: شکل دانه، Chr: کروموزوم

خوشه های QTL

پدري IR به ترتیب ۱۱/۸ درصد و ۱۱/۲ درصد از واریانس فنوتیپی صفات مرتبط را تبیین کردند (جدول ۵). بنابراین می توان گفت که این دو صفت نیز تحت تاثیر پلیوتروپی یا چند اثری ژنی این خوشه QTL بر روی کروموزوم هفت کنترل شده اند. ربیعی و قره یاضی (۱۶) دو QTL (gl5 و gb5) روی کروموزوم پنج در بین نشانگرهای RM437-RM289 و دو QTL (gl7 و gb7) روی کروموزوم هفت در بین نشانگرهای RM481-RM12 مکان یابی کردند که هر دو صفت طول و عرض دانه را با اثرات آلی متفاوت تحت تاثیر قرار دادند. فلهیانی و همکاران (۲) سه QTL (qBRL-4، qBRW-4 و qBRSH-4) روی کروموزوم چهار نزدیک به آغازگر RM16937 گزارش کردند که در کنترل سه صفت طول، عرض و شکل دانه قهوه ای برنج نقش داشتند. در مطالعه ای روی یک جمعیت RIL (نسل هشتم) شامل ۲۸ لاین حاصل از تلاقی یک واریته اندیکا (Chuan7) و یک واریته ژاپونیکا (Nanyangzhan)، گزارش گردید که یک QTL با اثر اصلی پلیوتروپی بین نشانگرهای RM16 و RM3204 روی کروموزوم سه بر روی سه صفت طول دانه، نسبت طول به عرض دانه و نسبت برنج سالم اثر داشت و به ترتیب ۴۶، ۳۶/۱ و ۲۹/۷ درصد از واریانس فنوتیپی این صفات را توجیه نمود (۱۰).

نتایج حاصل از مقایسه QTL های اصلی برای هر یک از صفات کیفیت ظاهری دانه برنج در داخل هر جمعیت نشان داد که در این مطالعه در مجموع سه خوشه QTL شامل دو خوشه برای جمعیت ALIR روی کروموزوم های سه و هفت و یک خوشه برای جمعیت ALSA روی کروموزوم سه شناسایی گردید (جدول ۵). دو خوشه QTL روی کروموزوم سه در کنترل هر سه صفت طول دانه، عرض دانه و شکل دانه با دارا بودن آللهایی از والد مشترک علی کاظمی در هر دو جمعیت موثر بودند. همانطوری که در نتایج همبستگی بین این صفات نیز اشاره شد، وجود همبستگی شدید بین این سه صفت مؤید پیوستگی بین QTL های کنترل کننده آن ها در خوشه QTL های مرتبط بوده است. یک خوشه در جمعیت ALIR (qGL3، qGW3-2 و qGSh3) روی کروموزوم سه به ترتیب با واریانس توجیه شده ۲۰/۴، ۱۰/۸ و ۱۰/۸ درصد بین دو نشانگر RM3441-RM5955 و یک خوشه در جمعیت ALSA (qGL3، qGW3 و qGSh3) با واریانس ۲۰/۱، ۸/۵ و ۱۰/۵ درصد بین دو نشانگر RM5955-RM1164 شناسایی گردید. سومین خوشه QTL روی کروموزوم هفت (qGSh7 و qGW7) در بین دو نشانگر RM1048-RM6344 در جمعیت ALIR برای دو صفت عرض دانه و شکل دانه مشخص گردید که با آللهایی از والد

جدول ۶- خوشه های QTL برای صفات کیفیت ظاهری دانه برنج شناسایی شده در دو جمعیت لاین خالص نوترکیب
Table 6. Clusters of QTL for rice grain appearance quality traits detected in two RIL populations

Trait	QTL	Chr	Marker interval	population	Positive allele ^a	Range of variance explained
GL+GW+GSh	qGL3+qGW3-2+qGSh3	3	RM3441-RM5955	ALIR	AL + AL + AL	10.8-20.4
GW+GSh	qGW7+qGSh7	7	RM1048-RM6344	ALIR	IR+IR	10.5-11.8
GL+GW+GSh	qGL3+qGW3+qGSh3	3	RM5955-RM1164	ALSA	AL + AL + AL	8.5-20.1

a: آللهایی که برای صفات خوشه از والد علی کاظمی، IR و صالح ناشی می شوند، GL: طول دانه، GW: عرض دانه، GSh: شکل دانه، Chr: کروموزوم

از طول دانه را کاهش داد. همچنین برهمکنش بین دو مکان ژنی qGL3 و qGL5 سبب بروز یک اثر اپیستازی مثبت و معنی دار شد که ۸/۱ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کرد و آللهای والد علی کاظمی طول دانه را به مقدار ۰/۴۵ میلی متر افزایش دادند.

در جمعیت ALSA نیز دو برهمکنش اپیستازی برای طول دانه وجود داشت (جدول ۶). مکان ژنی qGL3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM5955-RM1164 با qGL5 روی کروموزوم پنج بین دو نشانگر RM421-RM178 دارای اثر اپیستازی منفی بود که با انتقال آللهای دو والد صالح و علی کاظمی، طول دانه را ۰/۸۰ میلی متر کاهش داد و با تبیین ۱۱/۵ درصد از واریانس فنوتیپی، بیشترین مقدار تنوع را در بین سه صفت کیفیت ظاهری در این جمعیت به خود اختصاص داد. همچنین تعامل بین دو مکان ژنی qGL4-1 و qGL4-2 روی کروموزوم چهار، به ترتیب در بین نشانگرهای RM8212-RM3417 و RM3648-RM124 منجر به بیان یک اثر اپیستازی مثبت و معنی دار شد که ۱۰/۸ درصد از واریانس فنوتیپی را پوشش داد که با انتقال آللهایی از والد مشترک علی کاظمی باعث افزایش ۰/۵۰ میلی متر از طول دانه شد. در یک تحقیق یک

QTL های اپیستاتیک با اثرات افزایشی × افزایشی
در این تحقیق ده جفت QTL اپیستاتیک افزایشی × افزایشی (AA) شامل پنج جفت QTL اپیستاتیک برای جمعیت ALIR و پنج جفت QTL اپیستاتیک برای جمعیت ALSA برای صفات کیفیت ظاهری دانه شناسایی گردید. به طوری که در هر جمعیت دو جفت QTL اپیستاتیک برای طول دانه، دو جفت برای عرض دانه و یک جفت برای شکل دانه مکان یابی شدند (جدول ۶). دو اثر اپیستازی معنی دار برای طول دانه در هر دو جمعیت وجود داشت که نتیجه برهمکنش بین چهار QTL روی کروموزوم های سه، چهار و پنج بود. به هرحال در هر یک از دو جمعیت یک اثر اپیستازی بین QTL های روی دو کروموزوم سه و پنج واقع شده است که دارای یک نشانگر مشترک RM5955 روی کروموزوم سه بود.

در جمعیت ALIR، برهمکنش اپیستازی بین مکان های ژنی qGL3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM3441-RM5955 با qGL4 روی کروموزوم چهار بین دو نشانگر RM8212-RM3417 منفی بود. این برهمکنش اپیستازی، ۱۰/۳ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه نمود و با آللهایی از دو والد علی کاظمی و IR، ۰/۷ میلی متر

جفت QTL اپیستاتیک (qGL3/qGL4) با اثر افزایشی × افزایشی ۰/۸۹ و واریانس فنوتیپی توجیه شده ۲/۸ درصد برای طول دانه در جمعیت Ha/IR شناسایی شد، در حالی که در جمعیت Ha/Neda هیچ اثر اپیستازی معنی داری مشاهده نگردید (۶).

برای صفت عرض دانه، دو اثر اپیستازی منفی و معنی دار براساس تعامل بین چهار QTL روی کروموزوم های سه، پنج و هفت در جمعیت ALIR شناسایی شد (جدول ۶). یک اثر اپیستازی مابین مکان ژنی qGW7 روی کروموزوم هفت بین دو نشانگر RM1048-RM6344 و مکان ژنی qGW5 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM5410-RM1237 شناسایی شد که با انتقال آللهایی از دو والد علی کاظمی و IR، عرض دانه را به مقدار ۰/۹ میلی متر کاهش داد. این اثر اپیستازی، ۳/۴۰ درصد از تنوع فنوتیپی عرض دانه را توجیه کرد. به علاوه یک اثر اپیستازی دیگر ناشی از آللهای هر دو والد بین دو مکان ژنی qGW7 و qGW3-2 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM3441-RM5955 اتفاق افتاد که ۴/۲۰ درصد از تنوع فنوتیپی این صفت را توجیه نمود و عرض دانه را به مقدار ۰/۰۸ میلی متر کاهش داد.

در جمعیت ALSA برای صفت عرض دانه، دو اثر اپیستازی معنی دار با تعامل دو به دوی چهار QTL روی کروموزوم های سه، هشت و ۱۱ شناسایی شد (جدول ۶). از این چهار QTL به جز qGW3، بقیه فاقد اثرات اصلی افزایشی معنی دار بودند. یک اثر اپیستازی افزایشی × افزایشی مابین مکان ژنی qGW3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM5955-RM1164 و مکان ژنی qGW11 روی کروموزوم ۱۱ بین دو نشانگر RM1812-RM1124 مشخص گردید. این اثر اپیستازی با پوشش تنوع فنوتیپی ۴/۱۰ درصد و آللهایی از والد علی کاظمی، عرض دانه را به مقدار ۰/۰۷ میلی متر افزایش داد. همچنین تعامل بین دو مکان ژنی فاقد اثر افزایشی اصلی یعنی qGW8 و qGW11، منتج به بروز یک اثر اپیستازی منفی شد که ۳/۳۰ درصد از تنوع فنوتیپی صفت را توجیه نمود و با انتقال آللهایی از هر دو والد، عرض دانه را به مقدار ۰/۰۶ میلی متر کاهش داد. گائو و همکاران (۴)، دو اثر اپیستازی برای عرض دانه یکی بین دو مکان ژنی qGW5.1 و qGW5.2 و دیگری بین qGW2 و qGW8 گزارش کردند که به ترتیب با ۴/۶ و ۴/۴۸ درصد از واریانس، باعث ۰/۱۰ و ۰/۰۲ میلی متر افزایش در این صفت شدند.

برای صفت شکل دانه در دو جمعیت مورد مطالعه، دو اثر اپیستازی منفی و معنی دار بین چهار QTL روی کروموزوم های ۳ و ۱۱ شناسایی شد (جدول ۶). در جمعیت ALIR، یک اثر اپیستازی بین مکان ژنی qGW3 روی کروموزوم سه بین دو نشانگر RM3441-RM5955 و مکان ژنی qGW11 روی کروموزوم ۱۱ بین دو نشانگر RM1341-RM5474 مشخص گردید که دارای پوشش تنوع فنوتیپی ۱۱/۵ درصد بود و با آللهای هر دو والد علی کاظمی و IR، عرض دانه را به مقدار ۰/۲ میلی متر کاهش داد. این اثر اپیستازی، بیشترین مقدار واریانس تبیین شده را در بین سه صفت کیفیت ظاهری در جمعیت ALIR به خود اختصاص داد.

در جمعیت ALSA، یک اثر اپیستازی منفی و معنی دار بین مکان ژنی qGSh3 روی کروموزوم سه بین نشانگرهای RM5955-RM1164 و مکان ژنی qGSh11 بین نشانگرهای RM1812-RM1124 شناسایی شد که با توجیه تنوع فنوتیپی ۳/۷ درصد و انتقال آللهایی از والد علی کاظمی باعث کاهش شکل دانه به ترتیب به مقدار ۰/۵ میلی متر شد. در یک مطالعه بر روی جمعیت لاین های اینتروگرسیون (MH63) دو اثر اپیستازی برای نسبت طول به عرض دانه در منطقه SZ گزارش شد که یکی از آنها بین دو مکان ژنی qLWR3.1 و qLWR5 و دیگری بین qLWR8 و qLWR3 باعث به ترتیب با ۹/۹ و ۱/۱۰ درصد از واریانس باعث افزایش این صفت شدند (۱۵).

در مطالعه حاضر برای سه صفت طول، عرض و شکل دانه هیچ یک از اثرات اپیستازی افزایشی × افزایشی دارای تعامل معنی دار با محیط (AAE) نبودند (جدول ۶). همچنین در یک مطالعه قبلی برای سه صفت متناظر در جمعیت Ha/IR، اثرات متقابل AAE برای دو صفت طول و عرض دانه مشابه تحقیق حاضر معنی دار نشد (۶). در مطالعه ای دیگر، از بین هفت اثر اپیستازی گزارش شده برای سه صفت ظاهری دانه برنج تنها یک اثر اپیستازی با ۴/۶۰ درصد واریانس تحت تاثیر محیط قرار گرفت (۴).

مقایسه QTL های اپیستاتیک در بین دو جمعیت نشان داد که هیچ کدام از جفت QTL های اپیستازی برای سه صفت ارزیابی شده مشابه نبودند.

مقایسه QTL های اصلی با اپیستاتیک نشان داد که از مجموع پنج جفت QTL اپیستاتیک در جمعیت ALIR، تعداد هشت QTL اصلی با اثر افزایشی (۸۰٪) در بیان برهمکنش اپیستازی صفات نقش داشتند. به علاوه نقش QTL های اصلی در بروز اثرات اپیستازی برای عرض دانه بیشتر و برای شکل دانه کمتر بوده است. در جمعیت ALSA، از مجموع پنج جفت QTL اپیستاتیک، تعداد چهار QTL (۴۰٪)، اصلی بودند. این موضوع نشان می دهد که سهم QTL های اصلی و QTL های غیرمعنی دار در اثرات اپیستازی برای بیان صفات، در جمعیت های مختلف متفاوت است و یا به عبارت دیگر به نوع جمعیت و صفت مورد مطالعه بستگی دارد. مثلا اثرات اپیستازی در برخی جمعیت ها مانند ALSA بیشتر با القای QTL های با اثر افزایشی غیرقابل شناسایی یا غیرمعنی داری بیان می شوند که ممکن است به عنوان عوامل تعدیل کننده، عمل کنند (۳). در حالی که اثرات اپیستازی در جمعیت ALIR بیشتر تحت تاثیر QTL های با اثرات اصلی بروز یافته است. در این مطالعه، بعضی از QTL های اصلی مانند qGL3 و qGW7 در جمعیت ALIR در بیش از یک برهمکنش اپیستازی نقش آفرینی کردند که نشان دهنده امکان ارتباط و تعامل بین چند مکان ژنی در پردازش ژنتیکی یک صفت می باشد که با نتایج یی و همکاران (۲۷) مطابقت دارد. به علاوه QTL های روی کروموزوم سه در هر دو جمعیت در بروز و بیان هر سه صفت طول، عرض و شکل دانه موثر بوده اند.

در این مطالعه دامنه تغییرات واریانس فنوتیپی توجیه شده صفات کیفیت ظاهری دانه برای QTL های اصلی ۲/۲۵-۸/۵ درصد و برای QTL های اپیستاتیک ۵/۱۱-۳/۳ درصد بود که نشان داد سهم QTL های اصلی در کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه بیشتر از اپیستاتیک بوده است. در مطالعات دیگران نیز سهم اثرات QTL های اصلی غالباً بیشتر از اپیستاتیک گزارش شد (۴،۶). برهمکنش افزایشی در محیط (AE) به جز برای مکان ژنی طول دانه (qGL5) در جمعیت

ALSA، برای سایر QTL های شناسایی شده برای صفات کیفیت ظاهری دانه معنی دار نبود. همچنین هیچ یک از اثرات متقابل اپیستازی افزایشی-افزایشی با محیط (AAE) معنی دار نبودند که احتمالاً حاکی از پایداری این مکان های ژنی و استقلال آن‌ها از تاثیر محیط می باشد. در مطالعات قبلی نیز برهمکنش اپیستازی و محیط برای شکل دانه (۱۵) و برای طول و عرض دانه (۱۰) معنی دار نگردید.

جدول ۷- اثرات متقابل اپیستازی و اپیستازی در محیط در مکان‌های ژنی شناسایی شده صفات کیفیت ظاهری دانه برنج در دو محیط برای دوجمعیت لاین خالص نوترکیب
Table 7. Interaction effect Epistasis (AA) and epistasis × environment (AAE) of detected QTLs of grain appearance quality traits in two regions for two RIL populations

Trait	QTL _i	Marker interval	QTL position (cM)	Parent	QTL _j	Marker interval	QTL position	Parent	AA	R ² _{aa}
Alikazemi/IR RIL population										
طول دانه	qGL3	RM3441-RM5955	45.7	AL	qGL4	RM8212-RM3417	15.7	IR	-0.7	10.3
(میلی‌متر)	qGL3	RM3441-RM5955	45.7	AL	qGL5	RM5410-RM1237	60.7	AL	0.45	8.1
عرض دانه	qGW7	RM1048-RM6344	85.5	IR	qGW5	RM5410-RM1237	67.5	AL	-0.09	3.4
(میلی‌متر)	qGW7	RM1048-RM6344	85.5	IR	qGW3-2	RM3441-RM5955	45.5	AL	-0.08	4.2
شکل دانه	qGSh3	RM3441-RM5955	45.5	AL	qGSh11	RM1341-RM5474	95.5	IR	-0.2	11.5
Alikazemi/Saleh RIL population										
طول دانه	qGL3	RM5955-RM1164	65.3	AL	qGL5	RM421-RM178	102.8	SA	-0.8	11.5
(میلی‌متر)	qGL4-1	RM8212-RM3417	15.5	AL	qGL4-2	RM3648-RM124	110.5	AL	0.5	10.8
عرض دانه	qGW3	RM5955-RM1164	64.9	AL	qGW11	RM1812-RM1124	17.5	AL	0.07	4.1
	qGW8	RM447-RM281	120.6	SA	qGW11	RM1812-RM1124	17.5	AL	0.06-	3.3
شکل دانه	qGSh3	RM5955-RM1164	65.5	AL	qGSh11	RM1812-RM1124	18.2	AL	-0.5	3.7

QTL_i: مکان ژنی در جایگاه i، Marker interval: نشانگرهای مجاور، QTL position: موقعیت مکان ژنی (سانتی‌مورگان)، Parent: والد توزیع‌کننده آلل‌ها در مکان ژنی، QTL_j: مکان ژنی در جایگاه j، AA: اثرات متقابل اپیستازی (افزایشی در افزایشی)، R²_{aa}: تنوع پوشش داده شده توسط اثرات اپیستازی.

صفت کیفیت ظاهری دانه شناسایی گردید. اثرات اپیستاتیک در جمعیت ALIR عمدتاً تحت تاثیر QTL های اصلی معنی دار (۸۰ درصد) بیان شدند، در حالی که در جمعیت ALSA بیشتر توسط QTL های غیرمعنی دار (۶۰ درصد) بروز یافتند. نتایج نشان داد که تاثیر QTL های اصلی و QTL های غیرمعنی دار در بیان اثرات اپیستازی صفات کیفیت ظاهری دانه به نوع جمعیت و صفت مورد مطالعه بستگی دارد. در این مطالعه سهم واریانس فنوتیپی توجیه شده QTL های اصلی در کنترل ژنتیکی صفات کیفیت ظاهری دانه بیشتر از QTL های اپیستاتیک بوده است. بررسی برهمکنش QTL با محیط نشان داد که فقط یک QTL اصلی دارای برهمکنش معنی دار با محیط بود، درحالی که هیچ یک از جفت QTL های اپیستازی دارای برهمکنش افزایشی × افزایشی معنی دار با محیط نبودند. مکان های ژنی مطلوب و نشانگرهای پیوسته این تحقیق می توانند بعد از ریز نقشه یابی و اعتبارسنجی، در برنامه به نژادی به ویژه انتخاب به کمک نشانگرها و تلاقی های برگشتی هدفمند جهت بهبود کیفیت ظاهری دانه برنج استفاده شوند.

تشکر و قدردانی

نگارندگان از همکاران محترم موسسه تحقیقات برنج کشور به ویژه بخش تحقیقات اصلاح و تهیه بذر و ایستگاه تحقیقات برنج چپر س تشکر و قدردانی می نمایند.

سه صفت طول دانه، عرض دانه و شکل دانه در این تحقیق توسط ۱۳ QTL اصلی در دو جمعیت کنترل شدند که روی کروموزوم های سه، چهار، پنج و هفت قرار داشتند. این QTL ها شامل دو QTL برای هر صفت در هر جمعیت به جز صفت عرض دانه در جمعیت ALIR با سه QTL بود. دو مکان ژنی qRGL4 و qSGL5 به ترتیب با بیشترین واریانس فنوتیپی توجیه شده (۲۵/۲ و ۱۸/۴ درصد) و اثر افزایشی مثبت باعث افزایش طول دانه شدند. در مجموع سه خوشه QTL شامل دو خوشه برای جمعیت ALIR روی کروموزوم های سه و هفت و یک خوشه برای جمعیت ALSA روی کروموزوم سه شناسایی گردید. دو خوشه QTL روی کروموزوم سه با دارابودن آل هایی از والد مشترک علی کاظمی در کنترل هر سه صفت ارزیابی شده در دو جمعیت موثر بودند. سومین خوشه QTL روی کروموزوم هفت (qGSh7 و qGW7) برای دو صفت عرض دانه و شکل دانه در جمعیت ALIR مشخص گردید. بنابراین می توان گفت که این دو صفت نیز تحت تاثیر پلیوتروپی یا چند اثری ژنی این خوشه QTL بر روی کروموزوم هفت کنترل شده اند. یک نشانگر مشترک RM5955 در جمعیت ALIR با QTL های مرتبط با هر سه صفت طول دانه، عرض دانه و شکل دانه دارای فاصله ژنتیکی به ترتیب ۳/۷، ۳/۸ و ۳/۸ سانتی مورگان بود و در نتیجه می تواند به عنوان نشانگر پیوسته با این سه صفت مورد توجه به نژادگران قرار بگیرد.

در این تحقیق در مجموع ده جفت QTL اپیستاتیک شامل پنج جفت برای هر جمعیت با اثرات مثبت و منفی برای سه

منابع

- Bai, X., L. Luo, W. Yan, M.R. Kovi, W. Zhan and Y. Xing. 2010. Genetic dissection of rice grain shape using a recombinant inbred line population derived from two contrasting parents and fine mapping a pleiotropic quantitative trait locus qGL7. BMC genetics, 11: 16.
- Fahliani, R., M. Khoddambashi, S. Houshmand and A. Asl. 2014. Heritability of some morphological and qualitative traits of rice and identification of their related quantitative trait loci (QTLs) using microsatellite marker. Seed and Plant Improvement Journal, 30 (In persian).
- Fan, C., Y. Xing, H. Mao, T. Lu, B. Han, C. Xu, X. Li and Q. Zhang. 2006. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. Theoretical and Applied Genetics, 112: 1164-1171.
- Gao, F.Y., L.H. Zeng, Q. Ling, X.J. Lu, J.S. Ren, X.T. Wu, X.W. Su, Y.M. Gao and G.J. Ren. 2016. QTL mapping of grain appearance quality traits and grain weight using a recombinant inbred population in rice (*Oryza sativa* L.). Journal of integrative agriculture, 15: 1693-1702.
- Ge, X., Y.Z. Xing, C. Xu and Y. He. 2005. QTL analysis of cooked rice grain elongation, volume expansion, and water absorption using a recombinant inbred population. Plant Breeding, 124: 121-126.
- Hosseini, M., S. Houshmand, S. Mohamadi, A. Tarang, M. Khodambashi and H. Rahimsorush. 2012. Detection of QTLs with main, epistatic and QTL × environment interaction effects for rice grain appearance quality traits using two populations of backcross inbred lines (BILs). Field crops research, 135: 97-106 (In persian).
- Kepiro, J., A. McClung, M. Chen, K. Yeater and R. Fjellstrom. 2008. Mapping QTLs for milling yield and grain characteristics in a tropical japonica long grain cross. Journal of Cereal Science, 48: 477-485.
- Kumar, K., M. Kumar, S.R. Kim, H. Ryu and Y.G. Cho. 2013. Insights into genomics of salt stress response in rice. Rice, 6: 27.
- LI, S.Q., G.K. CUI, C.R. GUAN, W. Jun and G.H. LIANG. 2011. QTL detection for rice grain shape using chromosome single segment substitution lines. Rice Science, 18: 273-278.
- Lou, J., L. Chen, G. Yue, Q. Lou, H. Mei, L. Xiong and L. Luo. 2009. QTL mapping of grain quality traits in rice. Journal of cereal science, 50: 145-151.

11. Luo, Y., Z. Zhu, N. Chen, B. Duan and L. Zhang. 2004. Grain types and related quality characteristics of rice in China. *Zhongguo shuidao kexue*, 18: 135-139.
12. Manly, K.F., R.H. Cudmore Jr and J.M. Meier. 2001. Map Manager QTX, cross-platform software for genetic mapping. *Mammalian Genome*, 12: 930-932.
13. McCouch, S.R., L. Teytelman, Y. Xu, K.B. Lobos, K. Clare, M. Walton, B. Fu, R. Maghirang, Z. Li and Y. Xing. 2002. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). *DNA research*, 9: 199-207.
14. Murray, M. and W.F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic acids research*, 8: 4321-4326.
15. Qiu, X., K. Chen, W. Lv, X. Ou, Y. Zhu, D. Xing, L. Yang, F. Fan, J. Yang and J. Xu. 2017. Examining two sets of introgression lines reveals background-independent and stably expressed QTL that improve grain appearance quality in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and applied genetics*, 130: 951-967.
16. Rabiei, B. and B. Ghareyazi. 2005. Linkage map construction of SSR markers and QTL mapping of days to maturity in an F2 rice population. *Proceeding of the 4th National Conference of Biotechnology*, Tehran, Iran, pp: 15-17.
17. Rahimsouroush, H., B. Rabiei, M. Nahvi and M. Ghodsi. 2007. Study Of Some Morphological, Qualitative Traits And Yield Stability Of Rice Genotypes (*Oryza Sativa* L). *Pajouhesh and Sazandegi*, 75, 25-32 (In persian).
18. Sabouri, H., A. Dadras, A. Sabouri and M. Katouzi. 2015. Molecular-genetic analysis of rice grain dimension in recombinant inbred lines of cross of Anbarbu× Sepidroud. *Agricultural Biotechnology*, 2: 67-85 (In persian).
19. Satagopan, J.M., B.S. Yandell, M.A. Newton and T.C., Osborn. 1996. A Bayesian approach to detect quantitative trait loci using Markov chain Monte Carlo. *Genetics*, 144: 805-816.
20. Wan, X., J. Wan, J. Weng, L. Jiang, J. Bi, C. Wang and H. Zhai. 2005. Stability of QTLs for rice grain dimension and endosperm chalkiness characteristics across eight environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 110: 1334-1346.
21. Wang, L., A. Wang, X. Huang, Q. Zhao, G. Dong, Q. Qian, T. Sang and B. Han. 2011. Mapping 49 quantitative trait loci at high resolution through sequencing-based genotyping of rice recombinant inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 122: 327-340.
22. Wang, S., K. Wu, Q. Yuan, X. Liu, Z. Liu, X. Lin, R. Zeng, H. Zhu, G. Dong and Q. Qian. 2012. Control of grain size, shape and quality by OsSPL16 in rice. *Nature genetics*, 44: 950.
23. Wang, X., Y. Pang, J. Zhang, Q. Zhang, Y. Tao, B. Feng, T. Zheng, J. Xu and Z. Li. 2014. Genetic background effects on QTL and QTL× environment interaction for yield and its component traits as revealed by reciprocal introgression lines in rice. *The Crop Journal*, 2: 345-357.
24. Yan, B., R. Liu, Y. Li, Y. Wang, G. Gao, Q. Zhang, X. Liu, G. Jiang and Y. He. 2014. QTL analysis on rice grain appearance quality, as exemplifying the typical events of transgenic or backcrossing breeding. *Breeding science*, 64: 231-239.
25. Yang, J., C. Hu, H. Hu, R. Yu, Z. Xia, X. Ye and J. Zhu. 2008. QTLNetwork: mapping and visualizing genetic architecture of complex traits in experimental populations. *Bioinformatics*, 24: 721-723.
26. Yang, J. and J. Zhu. 2005. Methods for predicting superior genotypes under multiple environments based on QTL effects. *Theoretical and Applied Genetics*, 110: 1268-1274.
27. Ye, Z., J. Wang, Q. Liu, M. Zhang, K. Zou and X. Fu. 2009. Genetic relationships among panicle characteristics of rice (*Oryza sativa* L.) using unconditional and conditional QTL analyses. *Journal of Plant Biology*, 52: 259-267.
28. Yu, Y., R.A. Wing and J. Li. 2013. Grain quality. *Genetics and genomics of rice*. Springer, pp. 237-254.
29. Yun, Y.T., C.T. Chung, Y.J. Lee, H.J. Na, J.C. Lee, S.G. Lee, K.W. Lee, Y.H. Yoon, J.W. Kang and H.S. Lee. 2016. QTL mapping of grain quality traits using introgression lines carrying *Oryza rufipogon* chromosome segments in japonica rice. *Rice*, 9: 62.
30. Zhang, J., X. Ou, H. Hu, B. Du, W. Lv, L. Yang, D. Xing, J. Xu, X. Qiu and T. Zheng. 2018. Identification of QTLs for yield-related traits using two sets of introgression lines with a common donor parent in rice. *Int J Agric Biol*, 20: 15-24.
31. Zhao, D., P. Li, L. Wang, L. Sun, D. Xia, L. Luo, G. Gao, Q. Zhang and Y. He. 2017. Genetic dissection of large grain shape in rice cultivar 'Nanyangzhan' and validation of a grain thickness QTL (qGT3. 1) and a grain length QTL (qGL3. 4). *Molecular breeding*, 37: 42.

Detection of QTLs and Their Environmental Interactions for Appearance Quality Traits using two RIL Populations in Rice

Hossein Rahim-Sorush¹, Maryam Hosseini Chaleshtori², Farad Nazarian Firouzabadi³, Ahmad Esmaeili⁴ and Ali Akbar Ebadi⁵

1- Ph. D. Student, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran, Department of Agronomy and Plant Breeding

2- Research Assistant, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran, Rice Research Institute of Iran, (Corresponding author: mhkhossieni@gmail.com)

3 and 4- Professor and Associate Professor, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran, Department of Agronomy and Plant Breeding

5- Research Assistant, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran, Rice Research Institute of Iran

Received: January 31, 2020 August: November 1, 2020

Abstract

Rice grain appearance quality traits (APQ) affect consumer preference and marketing acceptance and long grain rice has many customers on the international markets. In order to identify QTLs controlling grain length, width and length to width ratio (shape) and QTL by environment interactions a study was conducted on two set of recombinant inbred lines (RILs) of two rice populations derived from crosses of Alikazemi / IR67017-180-2-1-2 (ALIR population) and Alikazemi / Saleh (ALSA) cultivars. The treatments of each RIL population with five check varieties were evaluated in augmented based on randomized complete block design with 5 replications in two regions of Rasht and Tonekabon in northern of Iran. Linkage map of the two populations using 87 polymorph microsatellite markers (SSR) covered 1356.0 cM of rice genome with an average distance of 15.58 cM between two markers. In this study, a total of 13 main QTLs (M-QTLs) and 10 pairs of epistatic QTLs (E-QTLs) were identified for three above mentioned traits, including seven M-QTLs and five pairs of E-QTLs for the ALIR population and six M-QTLs and five pairs of E-QTLs for the ALSA population. Two QTLs, qRGL4 (1.1) and qSGL5 (1.01), were increased the grain length with positive additive effect and the highest justified phenotypic variance of 25.2 and 18.4%, respectively. In this study, three QTL clusters were identified for APQ traits. Of these, two clusters were identified on chromosome 3 that was effective in controlling all APQ traits in two populations with alleles from a common Alikazemi parent. The third QTL cluster was determined on chromosome 7 consisting of qGW7 and qGSh7 for grain width and shape in the ALIR population. Therefore it could be stated that the QTLs on each cluster were either tightly linked or had pleiotropic effects with considerable influences in controlling rice APQ traits. A common marker of RM5955 was found in the ALIR population with a genetic distance of about 3.7 centimeters with QTLs of all three traits, and could be considered as a linked marker in breeding program. In this study, ten pairs of E-QTL were identified for three traits including five pairs per population. The epistatic effects in the ALIR population were mostly expressed by significant main QTLs (80%), while they were expressed in the ALSA population more by non-detected main QTLs (60%). The contribution of explained phenotypic variances of M-QTLs in controlling APQ traits were more than epistatic QTLs. QTL by environment interactions revealed that only one main QTL had significant interaction with environment, while no epistatic QTLs with additive $\times$ additive effect were found to be interacted with environment. The appropriate QTLs and linked markers in this study can be used in the breeding program to improve the appearance quality of rice grains after fine-mapping and validation.

Keywords: Epistasis, Environment, Grain Shape, QTL, Rice