

مکان‌یابی QTL‌های اصلی و اپیستاتیک برای شاخص‌های تحمل به خشکی در جمعیت F₅ برنج

Mapping main and epistatic QTLs for drought tolerance indices in F₅ population of rice

مهدی رحیمی^۱، بابک ربیعی^{۲*}، حمید دهقانی^۱، علیرضا ترنگ^۳

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری و دانشیار، دانشگاه تربیت مدرس

۲- دانشیار، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

۳- استادیار، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی، رشت

Rahimi M¹, Rabiei B^{*2}, Dehghani H¹, Tarang AR³

1. PhD Student and Associate Professor, Tarbiat Modares University

2. Associate Professor, University of Guilan

3. Assistant Professor, Agricultural Biotechnology Research Institute, Rasht

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: rabiei@guilan.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۱/۸/۶ - تاریخ پذیرش: ۹۱/۱۰/۲۴)

چکیده

۱۵۰ لاین جمعیت F₅ حاصل از تلاقی بین سپیدرود (*Indica*) و غریب (*Indica*) در شرایط نرمال و تنش خشکی در مزرعه برای شناسایی QTL‌های شاخص‌های تحمل به خشکی و صفات وابسته مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس نقشه پیوستگی شامل ۱۳۱ نشانگر ریزماهواره (SSR) و ۵۲ نشانگر AFLP که ۱۴/۱۰۶۳ سانتی‌مورگان از ژنوم برنج را با فاصله متوسط ۵/۸۱ سانتی‌مورگان بین نشانگرها پوشش دادند، ۳۲ QTL اصلی (M-QTL) و ۲۱ QTL اپیستازی (E-QTL) برای عملکرد دانه و وزن هزار دانه در شرایط نرمال و تنش و هشت شاخص تحمل به خشکی به وسیله نرم افزار IciMapping QTL با استفاده از تجزیه مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب پوششی شناسایی شدند. برای عملکرد در شرایط نرمال و تنش به ترتیب یک QTL اصلی و یک QTL اپیستازی و دو QTL اصلی و دو QTL اپیستازی مکان‌یابی شد. همچنین برای وزن هزار دانه پنج QTL اصلی و یک QTL اپیستازی در شرایط نرمال و چهار QTL اصلی در شرایط تنش شناسایی شد. برای هر کدام از شاخص‌های متوسط بهره‌وری (MP)، شاخص میانگین هندسی بهره‌وری (GMP)، شاخص میانگین هارمونیک (HM) و شاخص تحمل تنش (STI) سه QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۱، ۷ و ۱۱، برای هر کدام از شاخص‌های حساسیت به تنش (SSI)، شاخص پایداری عملکرد (YSI) و شاخص عملکرد (YI) دو QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۱ و ۷ و برای شاخص تحمل (TOL) دو QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۶ و ۷ شناسایی شدند. تنوع فنوتیپی کنترل شده توسط هر یک از QTL‌های اصلی و QTL‌های اپیستازی به ترتیب از ۵/۹۳ تا ۲۱/۱۲ درصد و ۳/۹۸ تا ۱۸/۸۶ درصد متغیر بود. همچنین تنوع فنوتیپی کل QTL‌های اصلی برای صفات عملکرد دانه و وزن هزار دانه در شرایط نرمال و خشکی و شاخص‌های MP، GMP، HM، TOL، SSI، STI، YI و YSI به ترتیب ۷/۴۳ درصد، ۱۸/۶ درصد، ۴۹/۷۱ درصد، ۳۱/۰۹ درصد، ۱۶/۲۷ درصد، ۱۶/۰۱ درصد، ۱۶/۲۰ درصد، ۲۳/۸۴ درصد، ۱۹/۲۶ درصد، ۱۹/۱۱ درصد، ۱۸/۶ درصد و ۱۹/۲۶ درصد بود. نواحی ژنومی بزرگ اثر مرتبط با عملکرد دانه تحت شرایط نرمال و تنش خشکی و شاخص‌های تحمل به تنش برای تولید ارقام با عملکرد بالا و پایداری عملکرد می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی

اپیستازی
برنج
شاخص تحمل به خشکی
DNA
QTL

مقدمه

برنج مهم‌ترین محصول غذایی در جهان و منبع اصلی مواد غذایی برای بیشتر از نصف جمعیت جهان است (Khush 2005). مناطق رشد برنج شامل مناطق گرمسیر، نیمه گرمسیر، نیمه‌خشک نواحی گرمسیری و مناطق معتدل جهان است. عمدتاً مناطق رشد برنج در آسیا (۱۳۰ میلیون هکتار) اغلب با تنش‌های شدید غیرزنده که رایج‌ترین آن‌ها خشکی است، مورد تهدید قرار می‌گیرند. این مناطق، زمین‌های پست آبی و دیمی که روی هم بیش از ۸۵ درصد برنج دنیا را تولید می‌کنند، به خود اختصاص می‌دهند (Gorantla et al. 2007). خشکی اصلی‌ترین مشکلی است که سازگاری ارقام پرمحصول برنج به خصوص در محیط‌های خشک و دیم برنج را محدود می‌کند (Lafitte et al. 2007). تحقیقات نشان داده که حدود ۲۰۰ میلیون تن از محصول برنج در اثر تنش‌های زنده و غیرزنده از بین رفته است (Giri and Laxmi 2000). تنش خشکی تقریباً در ۵۰ درصد از اراضی تولید برنج دنیا اتفاق می‌افتد (Ndjondjop et al. 2010).

ارزیابی عملکرد دانه در محیط‌های با تنش فراوان، معمول‌ترین معیار عملی برای توصیف سازگاری ارقام به شرایط پرتنش است (Fischer and Maurer 1978; Gavuzzi et al. 1997). مهم‌ترین روش بررسی واکنش ارقام به تنش‌های غیرزیستی مانند خشکی ارزیابی عملکرد ارقام در هر دو شرایط نرمال و تنش و سپس ارزیابی شاخص‌های تحمل و حساسیت می‌باشد. سازگاری گیاه به تنش نقش مهمی در تحمل به تنش ایفا کرده به طوری که این رفتارها توسط ژن‌ها کنترل می‌شوند و می‌توانند تحت شرایط تنش و گاهی در شرایط غیرتنش فعالیت کنند (Bouman and Tuong 2001). در صورتی که بتوان با اعمال روش‌های مناسب، تعداد ژن‌ها، جایگاه ژنومی و سهم هر یک از آن‌ها را در کنترل تنوع فنوتیپی عملکرد دانه و این شاخص‌ها مشخص کرد، شاید بتوان همانند صفات تک ژنی به اصلاح این صفات پرداخت. روش‌های تجزیه^۱ QTL راهکاری جدید و مناسب برای رسیدن به این هدف بوده و می‌توان از نتایج آن به خوبی در برنامه‌های به‌نژادی آینده استفاده کرد.

تشخیص پیوستگی بین QTL‌ها و نشانگرها، تعیین جایگاه آن‌ها روی کروموزوم‌ها و برآورد اثر آن‌ها روی عملکرد در شرایط تنش و نرمال به وسیله محققین زیادی در برنج مورد مطالعه قرار گرفته است (Babu et al. 2003; Lafitte et al. 2004; Bernier et al. 2010; Gomez et al. 2010; Liu et al. 2007). اگرچه این مطالعات برای شاخص‌های تحمل به تنش در گیاهان دیگر انجام شده (Dashti et al. 2007; Kirigwi et al. 2007; Guo et al. 2009; Du et al. 2008)، اما تنها در یک تحقیق که با استفاده از ۲۱۳ نشانگر ریزماهواره در ۱۹۵ لاین اینبرد برنج انجام شد، چهار QTL برای شاخص تحمل به خشکی^۲ یا شاخص پایداری عملکرد^۳ روی کروموزوم‌های ۱، ۴، ۵ و ۹ شناسایی شد که به ترتیب ۱۹/۷۹، ۹/۴۳، ۷/۸۳ و ۶/۸۲ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه نمودند (Hu et al. 2007). (Movafegh et al. 2009). استفاده از ۱۱۷ نشانگر AFLP بر روی جمعیت F₂ برنج، یک QTL برای عملکرد دانه در کروموزوم دو شناسایی کردند که حدود ۸/۳ درصد واریانس فنوتیپی را توجیه کرد. در مطالعه‌ای که بر روی ۱۴۰ اینبرد لاین برنج با استفاده از ۱۱۳ نشانگر ریزماهواره انجام شد، یک QTL برای عملکرد دانه در شرایط نرمال بین نشانگرهای RM493-RM486 در کروموزوم یک و یک QTL برای عملکرد دانه در شرایط تنش در کروموزوم ۸ بین نشانگرهای RM38-RM331 مکان‌یابی شد (Srividhya et al. 2011).

هدف از این مطالعه مکان‌یابی QTL‌های کنترل‌کننده عملکرد دانه و وزن هزار دانه در شرایط تنش خشکی و نرمال و همچنین شاخص‌های تحمل به خشکی در جمعیت F₅ برنج بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق شامل ۱۵۰ لاین F₅ حاصل از تلاقی دو رقم برنج ایرانی به اسامی غریب (یک رقم بومی گیلان با ارتفاع بوته متوسط، کیفیت پخت متوسط تا خوب، تعداد پنجه و خوشه کم و عملکرد پایین) به عنوان والد نر و

² Drought resistance index³ Yield stability index¹ Quantitative traits locus

تکرار در هر شرایط آبیاری محاسبه شد و برای مکان یابی QTL و ارزیابی شاخص های تحمل به خشکی استفاده شد.

شاخص های تحمل به خشکی شامل شاخص حساسیت به تنش^۲ (SSI) (Fischer and Maurer 1978)، شاخص تحمل^۳ (TOL)، شاخص متوسط بهره‌وری^۴ (MP) (Hossain et al. 1990)، شاخص میانگین هندسی بهره‌وری^۵ (GMP)، شاخص تحمل تنش^۶ (STI) (Fernandez 1992)، شاخص میانگین هارمونیک^۷ (HM) (Rosielle and Hamblin 1981)، شاخص پایداری عملکرد^۸ (YSI) (Bouslama and Schapaugh 1984) و شاخص عملکرد^۹ (YI) (Gavuzzi et al. 1997) بود و براساس روابط زیر محاسبه شدند:

$$\text{Stress susceptibility index (SSI)} = \frac{1 - (Y_s/Y_p)}{1 - (\bar{Y}_s/\bar{Y}_p)} \quad (1)$$

$$\text{Harmonic mean (HM)} = \frac{2(Y_s \times Y_p)}{(Y_s + Y_p)} \quad (2)$$

$$\text{Yield stability index (YSI)} = \frac{Y_s}{Y_p} \quad (3)$$

$$\text{Tolerance index (TOL)} = Y_p - Y_s \quad (4)$$

$$\text{Mean productivity (MP)} = \frac{Y_p + Y_s}{2} \quad (5)$$

$$\text{Stress tolerance index (STI)} = \frac{Y_p + Y_s}{Y_p^2} \quad (6)$$

$$\text{Geometric mean productivity (GMP)} = \sqrt{Y_p \times Y_s} \quad (7)$$

$$\text{Yield index (YI)} = \frac{Y_s}{Y_s} \quad (8)$$

در این روابط، Y_s عملکرد دانه لاین های F_5 در شرایط تنش خشکی، Y_p عملکرد دانه لاین های F_5 در شرایط نرمال، $\bar{Y}_s$ و $\bar{Y}_p$ به ترتیب میانگین عملکرد دانه همه لاین های F_5 در شرایط تنش خشکی و نرمال می باشد.

استخراج DNA و ارزیابی نشانگرهای مولکولی

سپیدرود (یک رقم اصلاح شده و پاکوتاه ایرانی، کیفیت پخت و تبدیل پایین، تعداد پنجه و خوشه زیاد و عملکرد نسبتاً بالا) به عنوان والد ماده بود. لاین های F_5 از خود باروری افراد نسل F_2 (حاصل از تلاقی والدین خاص و خودباروری افراد نسل F_1) به روش انتخاب تک بذر و بدون انجام گزینش تا نسل F_5 تولید شد. همچنین رقم غریب در مرحله گلدهی و رسیدگی یک رقم حساس و رقم سپیدرود در این مرحله از رشد یک رقم متحمل به خشکی می باشد (Safaei Chaeikar et al. 2008; Abarshahr et al. 2011).

آزمایش مزرعه‌ای و اندازه‌گیری صفات

این آزمایش تحت تنش خشکی و شرایط نرمال بر پایه طرح بلوک های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان در سال ۱۳۸۹ انجام شد. در شرایط تنش خشکی آبیاری مزرعه پژوهشی ۳۰ روز پس از نشا کاری به طور کامل متوقف شد و تا پایان فصل برداشت ادامه داشت، اما در شرایط نرمال آبیاری مزرعه به صورت غرقابی انجام شد به طوری که همیشه حدود ۵ سانتی متر آب در سطح خاک مزرعه وجود داشت. در هر دو شرایط (نرمال و تنش خشکی) لاین های F_5 به همراه والدین در یک ردیف که شامل ۲۰ بوته بود، نشا کاری شدند. ۳۰ روز پس از کاشت در خزانه، نشاهای سالم و قوی به زمین اصلی منتقل شدند و فاصله بوته‌ها روی هر ردیف ۲۰ سانتی متر و بین ردیف‌ها ۳۰ سانتی متر بود. کلیه عملیات زراعی مورد نیاز در طول دوره رشد و نمو بوته‌ها در شرایط تنش و نرمال به طور یکسان انجام شد و فقط از نظر آبیاری متفاوت بودند. اندازه‌گیری ارزش های فنوتیپی عملکرد دانه و وزن هزار دانه در دو شرایط بر اساس دستورالعمل استاندارد ارزیابی صفات در برنج^۱، انجام شد (SES 2002)، به این ترتیب که برای وزن هزار دانه تعداد ۱۰۰۰ شلتوک کامل و رسیده به طور تصادفی از هر لاین انتخاب و با ترازوی حساس بر حسب گرم مورد توزین قرار گرفت و برای عملکرد دانه کل دانه های پر هر لاین در هر تکرار بعد از رسیدن کامل دانه‌ها برداشت شد و سپس با ترازوی حساس مورد توزین قرار گرفت و سپس میانگین سه

^۲ Stress susceptibility index

^۳ Tolerance index

^۴ Mean productivity

^۵ Geometric mean productivity

^۶ Stress tolerance index

^۷ Harmonic mean

^۸ Yield stability index

^۹ Yield index

^۱ Standard evaluation system

دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد و به دنبال آن ۲۳ چرخه با ۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ ثانیه در ۵۶ درجه سانتی‌گراد و یک دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد و سپس پنج دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای بسط نهایی انجام شد و مرحله تکثیر انتخابی با سه باز اضافی انتخابی در انتهای ۳' و همین شرایط واکنش زنجیره‌ای پلیمراز صورت گرفت. نشانگرهای AFLP با نام آنزیم‌های برشی *EcoRI* و *MseI* مربوطه مورد استفاده در تکثیر انتخابی و به دنبال آن سایز آلی بر طبق روش استاندارد نامگذاری آغازگرهای AFLP (http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/keygeneAFLPs.html) انجام شد (جدول ۱). همه محصولات PCR روی ژل پلی اکریل‌آمید ۶ درصد واسرشته‌ساز جداسازی شدند و با روش رنگ‌آمیزی نیترا ت نقره (An et al. 2009) شناسایی شدند.

تهیه نقشه ژنتیکی و مکان‌یابی QTL

برای تهیه نقشه پیوستگی در جمعیت مورد مطالعه، از داده‌های ژنوتیپی ۱۳۱ نشانگر SSR و ۵۲ نشانگر AFLP در ۱۵۰ لاین F_5 استفاده گردید. آزمون کای اسکور (χ^2) برای تفرق ژنوتیپ‌های نشانگر از نسبت مورد انتظار ۱:۱ و همچنین ایجاد گروه‌های پیوستگی با استفاده از نرم‌افزار JoinMap 4 (Van Ooijen 2006) با حداقل LOD برابر ۴ انجام شد. فواصل نشانگری در این نقشه نیز بر اساس تابع کوسمبای (Kosambi 1943) محاسبه شدند. QTL‌های اصلی و اپیستازی کنترل‌کننده عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش خشکی و شاخص‌های تحمل روی نقشه پیوستگی حاصل با استفاده از نرم افزار QTL IciMapping ver. 3.2 (Wang et al. 2012) با روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب پوششی (Li et al. 2007, 2008) مکان‌یابی شدند. همچنین از روش نامگذاری پیشنهاد شده محققین قبلی برای نامگذاری QTL‌ها استفاده شد (McCouch and CGSNL 2008).

نتایج و بحث

تعداد ۵۵۰ نشانگر ریزماهواره در والدین مورد ارزیابی قرار گرفت که از این تعداد ۱۳۱ نشانگر الگوی نواربندی متفاوتی بین دو والد نشان دادند که برای تجزیه QTL مورد استفاده قرار گرفتند.

استخراج DNA از نمونه‌های برگ جوان با استفاده از روش تغییر یافته CTAB (Murray and Thompson 1980) انجام شد. مجموعه‌ای از ۵۵۰ نشانگر ریزماهواره که به خوبی روی ۱۲ کروموزوم برنج پخش شده بودند، از پایگاه اطلاعاتی گرامینه (http://www.gramene.org/) شناسایی شدند و برای تست چندشکلی روی والدین مورد استفاده قرار گرفتند و بر اساس پایگاه عمومی (Temnykh et al. 2000, 2001; McCouch et al. 2002) تنظیم شدند. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با روش مکفرسون و مولر با اندکی تغییرات انجام شد (McPherson and Møller 2006). واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با دستگاه ASTEC-PC818 ترموسایکلر در حجم واکنش ۱۰ میکرولیتر که شامل دو میکرولیتر DNA الگو، ۰/۴ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای پیشرو و پسرو با غلظت ۱۰ پیکومول، ۰/۶ میکرولیتر مخلوط چهار نوکلئوتید (دو میلی‌مولار)، ۰/۱۲ میکرولیتر آنزیم *Taq* پلیمراز (۵ واحد در میکرولیتر)، ۰/۴۸ میکرولیتر کلرید منیزیم (۵۰ میلی‌مولار)، یک میکرولیتر بافر PCR با غلظت ۱۰ برابر (10x) و ۵ میکرولیتر آب مقطر استریل بود، صورت گرفت. این مواد برای تعداد ۹۶ واکنش مخلوط شدند و در پلیت PCR ۹۶ خانه‌ای پخش شدند و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با شرایط پنج دقیقه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته سازی رشته‌ی DNA الگو و به دنبال آن ۳۵ چرخه با ۴۵ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته سازی، ۴۵ ثانیه در ۵۵ تا ۶۵ (دمای اتصال آغازگر) درجه سانتی‌گراد برای اتصال و یک دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای بسط و سپس پنج دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای بسط نهایی انجام شد.

روش AFLP با ۵۰۰ نانوگرم DNA ژنومی در هر واکنش انجام شد. هضم آنزیمی، اتصال سازگار سازها، تکثیر پیش از مرحله انتخاب و تکثیر انتخابی همانند روش Vos et al. (1995) با اندکی تغییرات انجام شد. هضم DNA الگو با آنزیم‌های برشی *EcoRI* و *MseI* بود. مرحله پیش تکثیر DNA الگو با آغازگرهای بدون باز اضافی و با استفاده از شرایط سه دقیقه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته سازی رشته‌ی DNA الگو و به دنبال آن ۱۰ چرخه با ۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ ثانیه در ۶۵ درجه سانتی‌گراد (کاهش یک درجه سانتی‌گراد در هر چرخه) و یک

جدول ۱- توالی آغازگرهای AFLP استفاده شده برای مکان‌یابی QTL در این مطالعه

آغازگر	توالی
MseI ^a	5'-GATGAGTCCTGAGTAA-3'
EcoRI ^a	5'-GTAGACTGCGTACCAATTC-3'
MseI adaptor	5'-GACGATGAGTCCTGAG-3'
MseI adaptor	3'-TACTCAGGACTCAT-5'
EcoRI adaptor	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3'
EcoRI adaptor	3'-CATCTGACGCATGGTTAA-5'
E36 Primer ^b	5'-GTAGACTGCGTACCAATTCACC-3'
E37 Primer ^b	5'-GTAGACTGCGTACCAATTCACG-3'
E38 Primer ^b	5'-GTAGACTGCGTACCAATTCAC-3'
M59 Primer ^b	5'-GATGAGTCCTGAGTAACTA-3'
M61 Primer ^b	5'-GATGAGTCCTGAGTAACTG-3'

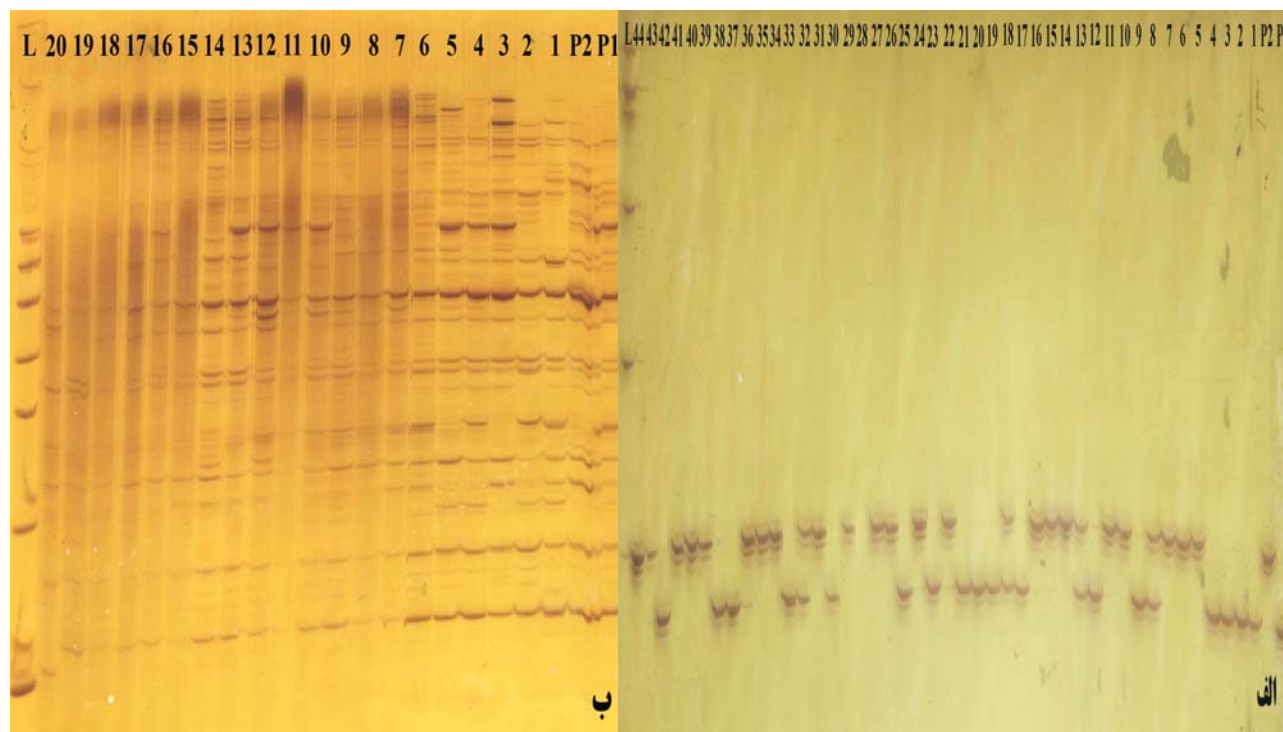
^a آغازگرهای استفاده شده در پیش تکثیر^b آغازگرهای استفاده شده در تکثیر انتخابی

مورد انتظار ۱:۱ بودند. همه این ۱۵ نشانگر روی چهار کروموزوم متفاوت برنج قرار داشتند. از آنجا که نشانگرهای دارای عدم تعادل به نواحی خاصی از ژنوم برنج متعلق بودند، این نتیجه را به یکی از ویژگی‌های آن نواحی از ژنوم در نقشه جمعیت حاصل نسبت داده و برای تهیه نقشه از این نشانگرها استفاده شد (Liu 1998). اگر چنین انحراف‌های ژنوتیپی تولید QTL‌های دروغین نکنند و تاثیری روی موقعیت و اثر QTL‌ها نداشته باشند (اگر این انحراف‌ها خیلی شدید نباشند) می‌توان از آن‌ها در تهیه نقشه و شناسایی QTL‌ها استفاده کرد (Zhang et al. 2010). علاوه بر آن، در اغلب موارد فقط یک عامل گامتی در ناحیه ژنومی مورد نظر انحراف دارد که نمی‌تواند تاثیر معنی‌داری روی تخمین نوترکیبی بین سایر نشانگرها داشته باشد و بنابراین می‌توان از آن‌ها در تهیه نقشه استفاده کرد (Lu et al. 2002).

بعد از تعیین ژنوتیپ کلیه افراد F₅، داده‌های حاصل به صورت یک ماتریس ۱۵۰×۱۸۳ تنظیم و با استفاده از نرم‌افزار JoinMap 4، تعداد ۱۸۳ نشانگر چند شکل SSR و AFLP به دوازده گروه پیوستگی معادل با دوازده کروموزوم برنج منتسب شدند. طول نقشه حاصل بر اساس تابع کوسمبای، ۱۰۶۳/۱۴ سانتی‌مورگان و متوسط فاصله بین نشانگرهای مجاور ۵/۸۱ سانتی‌مورگان بود (شکل ۲).

همچنین، ده ترکیب مختلف از آغازگرهای AFLP مربوط به آنزیم‌های EcoRI و MseI مورد ارزیابی قرار گرفتند که پنج ترکیب آغازگری انتخاب شد. با استفاده از این پنج ترکیب آغازگری، ۵۲ نوار چندشکل در بین والدین مشاهده شد. به این ترتیب، ۱۸۳ نشانگر چندشکل بر اساس اطلاعات حاصل از ۱۵۰ لاین F₅ جهت تهیه نقشه پیوستگی جمعیت مورد استفاده قرار گرفتند. نمونه‌ای از باندهای مشاهده شده از افراد F₅ برای نشانگر ریزماهواره RM6836 و ترکیب آغازگری E36-M59 نشانگر AFLP در شکل ۱ نشان داده شده است.

به دلیل این‌که نسل F₅ نسل تقریباً خالصی است، از اینرو قبل از تهیه نقشه پیوستگی نسبت‌های ژنوتیپی مورد انتظار برای نشانگرهای SSR و AFLP (۱:۱) آزمون شد. برای اکثر نشانگرهای ریزماهواره افراد هتروزیگوت در جمعیت مشاهده شد و بنابراین به منظور بررسی انحراف فراوانی‌های ژنوتیپی نشانگرها از فراوانی مورد انتظار مندلی، آزمون کای‌اسکور (χ^2) برای نشانگرهای ریزماهواره و همچنین نشانگرهای AFLP انجام شد و نتایج نشان داد که ۱۶۸ نشانگر (۹۱/۸ درصد) مطابقت خوبی با نسبت‌های مورد انتظار داشتند و فقط ۱۵ نشانگر (۸/۲ درصد) دارای فراوانی آلی و ژنوتیپی متفاوت و معنی‌داری از فراوانی

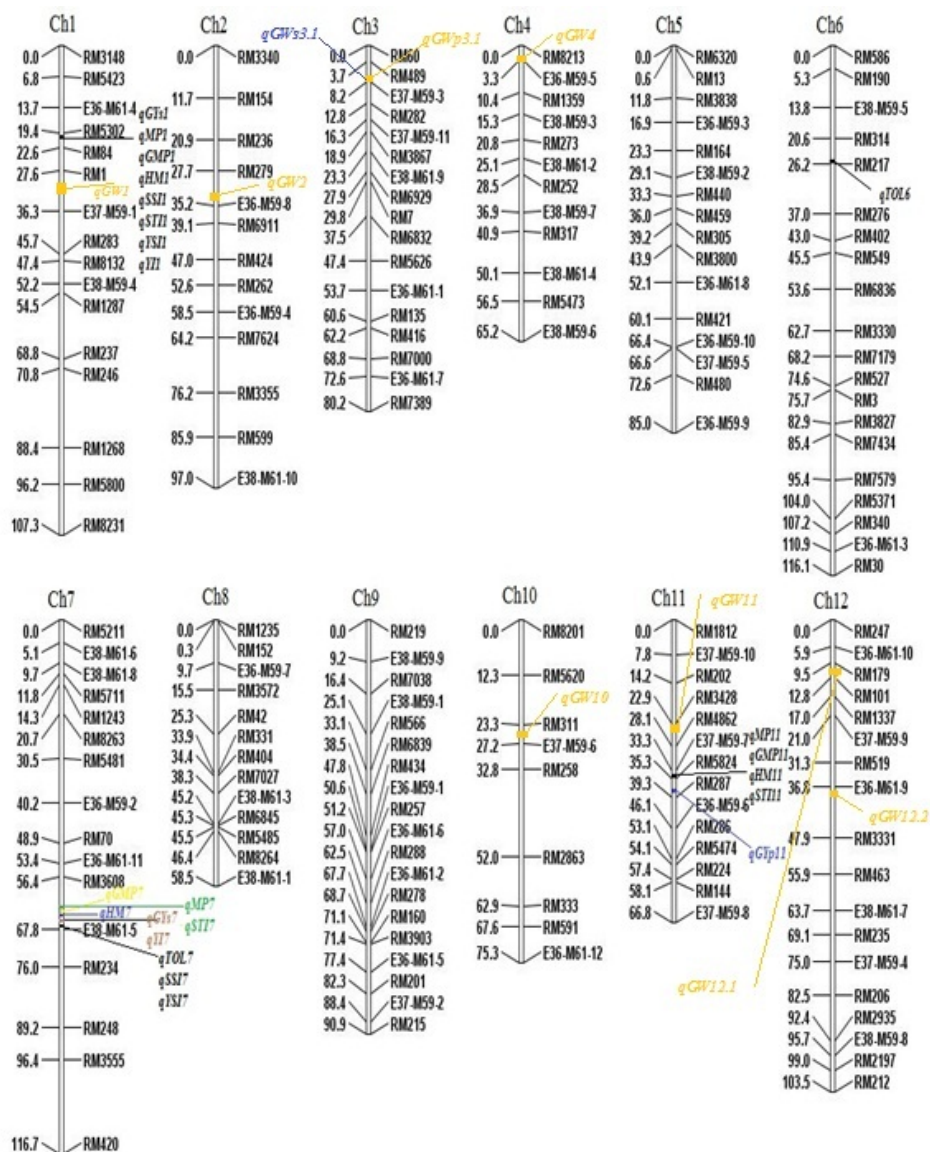


شکل ۱- نمونه‌ای از تصویر ژل پلی‌آکرلامید واسرشته‌ساز ۶ درصد افراد F_5 برای نشانگر ریزماهواره RM6836 (الف) و ترکیب آغازگری E36-M59 نشانگر AFLP (ب).

جدول‌های ۲ و ۳ ارائه شده‌اند. در کل ۳۲ QTL اصلی و ۲۱ QTL اپیستاتیک برای عملکرد و وزن هزار دانه در شرایط تنش و نرمال و هشت شاخص تحمل به خشکی شناسایی شد. برای صفت عملکرد دانه در بوته در محیط نرمال و تنش به ترتیب یک و دو QTL اصلی ($qGYp11$ ، $qGYs1$ و $qGYs7$) روی کروموزوم‌های ۱، ۷ و ۱۱ مکان‌یابی شدند. همچنین در این مطالعه برای وزن هزار دانه پنج QTL اصلی ($qGWp1$ ، $qGWp2$ ، $qGWp3.1$ ، $qGWp11$ و $qGWp12.2$) در شرایط نرمال و چهار QTL اصلی ($qGWS3.1$ ، $qGWS4$ ، $qGWS10$ و $qGWS12.1$) در شرایط تنش خشکی شناسایی شدند. اثر افزایشی این QTL‌ها بین ۲/۹۶ تا ۵/۹۸ گرم و LOD آن‌ها نیز بین ۲/۶۸ تا ۱۰/۴۵ متغیر بود. در QTL‌های $qGWS12.1$ ، $qGWp12.2$ و $qGYp11$ آلل‌های افزایشده از والد غریب به نتاج انتقال می‌یابد ولی در $qGWp1$ ، $qGWp2$ ، $qGWS4$ ، $qGWS10$ ، $qGWp11$ ، $qGYs1$ و $qGYs7$ آلل‌های افزایشده از والد سپیدرود به نتاج منتقل می‌شد. آلل‌های

نقشه پیوستگی را در جمعیت‌های مختلفی از ارقام برنج ایرانی تهیه شده است (Rabiei et al. 2004; Ahmadi et al. 2009; Movafegh et al. 2009). Sabouri et al. (2010) توانستند نقشه پیوستگی شامل ۱۰۵ نشانگر ریزماهواره را در جمعیت $F_{2:3}$ حاصل از تلاقی ارقام غریب و سپیدرود (والدین یکسان با این مطالعه) تهیه نمایند که طول کل نقشه آن‌ها ۱۴۴۰/۷ سانتی‌مورگان با متوسط فاصله ۱۳/۷۳ سانتی‌مورگان بین نشانگرهای مجاور بود. در پژوهش حاضر طول نقشه و فاصله بین نشانگرها در نقشه ژنتیکی ارائه شده با محققین دیگر متفاوت بود که می‌تواند به دلیل استفاده از جمعیت‌های متفاوت و میزان خلوص جمعیت‌ها، نوع نشانگرهای به‌کار رفته، تعداد افراد جمعیت نقشه‌یابی و همچنین تعداد نشانگرهای به‌کار رفته در این مطالعه باشد.

QTL‌های شناسایی شده برای عملکرد دانه، وزن هزار دانه و شاخص‌های مورد مطالعه به همراه فاصله نشانگری، مقدار LOD، جهت و مقدار اثر افزایشی و درصد تغییرات فنوتیپی آن‌ها در



شکل ۲- QTL‌های اصلی شناسایی شده برای شاخص‌های تحمل به خشکی، وزن هزار دانه و عملکرد دانه به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب پوششی (ICIM) در جمعیت F_5 حاصل از تلاقی ارقام سپیدرود و غریب

Brondani et al. 2002; Hua et al. 2002; Cho et al. 2003). همچنین QTL‌های متفاوتی بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۱ و ۱۲ در مطالعات قبلی گزارش شده است (Marri et al. 2005; Tan et al. 2007, 2008; Fu et al. 2010). دلیل این تفاوت می‌تواند نوع جمعیت مورد مطالعه، تعداد و نوع نشانگر، روش مکان‌یابی و شرایط محیطی باشد. اما QTL‌های $qGWp2$ ، $qGWp3.1$ ، $qGWs4$ ، $qGWp11$ ، $qGWp12.2$ ،

والد سپیدرود برای $qGW3.1$ در شرایط نرمال اثر افزایشده داشت در حالی که در شرایط تنش خشکی برای این QTL آل‌های والد غریب اثر افزایشده‌ای داشت. دلیل این تفاوت می‌تواند اثر محیط بر روی این QTL باشد که تاثیر محیط و پیچیدگی این مکان ژنی را نشان می‌دهد. تحقیقات گذشته QTL‌های $qGWp1$ ، $qGWs10$ ، $qGYs1$ و $qGWs12.1$ را در فاصله نشانگری یکسانی نشان داده بودند، هرچند موقعیت آن‌ها یکسان نبود (Yu et al. 1997;

RM58247- شناسایی شد (جدول ۲ و شکل ۲). اگرچه این نوع مطالعات برای بعضی شاخص‌های تحمل به تنش در گیاهان دیگر انجام شده، اما تنها در یک تحقیق که با استفاده از ۲۱۳ نشانگر ریزماهواره در ۱۹۵ لاین اینبرد برنج انجام شد، چهار QTL برای شاخص تحمل به خشکی یا شاخص پایداری عملکرد روی کروموزوم‌های ۱، ۴، ۵ و ۹ شناسایی شد که به ترتیب ۱۹/۷۹، ۹/۴۳، ۷/۸۳ و ۶/۸۲ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه نمودند (Hu et al. 2007). در QTL‌های شناسایی شده روی کروموزوم‌های ۱ و ۷ برای این شاخص‌ها آلل‌های افزایشنده از والد سپیدرود به نتاج انتقال یافت، ولی در QTL‌های شناسایی شده روی کروموزوم ۱۱ آلل‌های افزایشنده از والد غریب به نتاج منتقل شد. این QTL‌ها در نزدیکی همان موقعیتی که QTL‌های عملکرد در شرایط تنش و نرمال شناسایی شدند، مکان‌یابی شدند. اثر افزایشی این QTL‌ها از ۰/۱۲ تا ۴/۴۰ متغیر بود و بین ۷/۱۱ تا ۱۰/۶۰ درصد از واریانس فنوتیپی این شاخص‌ها را توجیه کردند. واریانس فنوتیپی کل توجیه شده توسط این QTL‌ها برای شاخص‌های متوسط بهره‌وری (MP)، میانگین هندسی بهره‌وری (GMP)، میانگین هارمونیک (HM) و تحمل تنش (STI) به ترتیب ۱۶/۲۷، ۱۶/۰۱، ۱۶/۲۰ و ۱۹/۱۱ درصد بود (جدول ۲). برای هر کدام از شاخص‌های حساسیت به تنش (SSI)، عملکرد (YI) و پایداری عملکرد (YSI) دو QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۱ و ۷ به ترتیب در فاصله نشانگری -RM5302 RM84 و RM3608-E38M61-5 در نزدیکی یا همان موقعیتی که QTL‌های عملکرد در شرایط تنش شناسایی شدند، مکان‌یابی شدند (جدول ۲ و شکل ۲). برای QTL‌های شاخص حساسیت به تنش (SSI) آلل‌های افزایشنده از والد غریب به نتاج انتقال یافت، ولی برای QTL‌های شناسایی شده‌ی شاخص‌های عملکرد (YI) و پایداری عملکرد (YSI) آلل‌های افزایشنده از والد سپیدرود به نتاج منتقل شد. برای شاخص تحمل (TOL) دو QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۶ و ۷ به ترتیب در فاصله نشانگری -RM314 RM217 و RM3608-E38M61-5 در موقعیت ۲۶ و ۶۷ سانتی‌مورگانی مکان‌یابی شد. با مقایسه QTL‌های شناسایی شده

qGYs7 و *qGYp11* برای اولین بار در این تحقیق شناسایی شدند که از بین آن‌ها *qGwp3.1* در شرایط نرمال بیش از ۱۵ درصد از تنوع فنوتیپی وزن هزار دانه را توجیه کرد. همچنین *qGwp1* نیز ۲۱/۱۲ درصد واریانس فنوتیپی را به تنهای توجیه کرد و این دو QTL به عنوان بزرگ اثر شناسایی شدند و نشانگرهای RM1، RM489، E37M59-1 و E37M59-3 کمتر از پنج سانتی‌مورگان از این QTL‌ها قرار داشتند و به عنوان نشانگر پیوسته معرفی شدند که می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی و انتخاب به کمک نشانگر (MAS) استفاده کرد. صفت وزن هزار دانه از اجزای اصلی عملکرد دانه به حساب می‌آید، بنابراین ژنوتیپ‌های دارای وزن هزار دانه بیشتر می‌تواند برای رسیدن به ارقام پرمعمکرد مطلوب باشد. لذا می‌توان با هرمی کردن آلل‌های مثبت از منابع مختلف برای این صفت گامی موثر در بهبود و افزایش عملکرد برداشت. همچنین در این پژوهش، QTL‌های *qGYs7* و *qGYs1* در شرایط تنش بیش از ۱۰ درصد از تنوع فنوتیپی عملکرد دانه را توجیه نمودند. به دلیل پیچیدگی صفت عملکرد دانه، در بیشتر مطالعات QTL‌های شناسایی شده دارای اثرات فنوتیپی بسیار کمی بوده‌اند و از اینرو این دو QTL به عنوان بزرگ اثر شناسایی شدند و نشانگرهای RM5302، RM84 و E38M61-5 که در فاصله کمتر از پنج سانتی‌مورگان از این QTL‌ها قرار داشتند به عنوان نشانگرهای نزدیک به آن‌ها معرفی شدند تا احتمالاً بتوان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی به وسیله هرمی کردن ژن‌های مثبت از منابع مختلف و یا انتخاب به کمک نشانگر (MAS) در افزایش عملکرد دانه استفاده کرد. شناسایی تعداد، محل ژنومی و اثرات فنوتیپی QTL‌ها، انتخاب به کمک نشانگر و توسعه ارقام با ویژگی‌های مطلوب را تسهیل می‌کند. در کل ۲۰ QTL اصلی برای شاخص‌های تحمل به خشکی شناسایی شد (جدول ۲). برای هر کدام از شاخص‌های متوسط بهره‌وری (MP)، میانگین هندسی بهره‌وری (GMP)، میانگین هارمونیک (HM) و تحمل تنش (STI) سه QTL اصلی روی کروموزوم‌های ۱، ۷ و ۱۱ به ترتیب بین فاصله نشانگری -RM5302-RM84، RM3608-E38M61-5 و E37M59-

جدول ۲- QTL‌های اصلی (M-QTLs) شناسایی شده برای صفات و شاخص‌های مورد مطالعه به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب پوششی (ICIM) در جمعیت F_5

برنج

صفت	QTL	کروموزوم	موقعیت ^a	فاصله نشانگری	LOD	اثر افزایشی ^b	درصد واریانس فنوتیپی ^c	درصد واریانس فنوتیپی کل ^d
عملکرد در شرایط تنش (GYs)	<i>qGYs1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۳/۹۹	۴/۵۷	۱۰/۸۰	۱۸/۶۰
	<i>qGYs7</i>	۷	۶۵	RM3608-E38M61-5	۴/۰۰	۴/۷۰	۱۱/۸۱	
عملکرد در شرایط نرمال (GYp)	<i>qGYp11</i>	۱۱	۳۷	RM5824-RM287	۲/۶۸	-۳/۳۸	۹/۱۳	۷/۴۳
	<i>qGWs3.1</i>	۳	۷	RM489-E37M59-3	۳/۵۹	-۴/۳۱	۹/۵۳	۳۱/۰۹
وزن هزار دانه در شرایط تنش (GWs)	<i>qGWs4</i>	۴	۳	RM8213-E36M59-5	۲/۷۱	۳/۴۹	۶/۱۳	
	<i>qGWs10</i>	۱۰	۲۴	RM311-E37M59-6	۲/۸۷	۳/۸۷	۷/۶۴	
وزن هزار دانه در شرایط نرمال (GWp)	<i>qGWs12.1</i>	۱۲	۱۰	RM179-RM101	۳/۲۴	-۴/۰۸	۸/۴۳	
	<i>qGWp1</i>	۱	۳۲	RM1-E37M59-1	۹/۷۶	۵/۶۸	۲۱/۱۲	۴۹/۷۱
	<i>qGWp2</i>	۲	۳۵	RM279-E36M59-8	۳/۵۵	۲/۹۶	۵/۹۳	
	<i>qGWp3.1</i>	۳	۸	RM489-E37M59-3	۱۰/۴۵	۵/۲۹	۱۸/۹۲	
	<i>qGWp11</i>	۱۱	۲۴	RM3428-RM4862	۴/۳۱	۳/۳۸	۷/۷۲	
	<i>qGWp12.2</i>	۱۲	۳۷	E36M61-9-RM3331	۴/۸۳	-۳/۳۹	۷/۷۸	
شاخص متوسط بهره‌وری (MP)	<i>qMP1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۲/۵۸	۳/۱۴	۷/۱۱	۱۶/۲۷
	<i>qMP7</i>	۷	۶۱	RM3608-E38M61-5	۲/۷۷	۳/۵۰	۹/۱۴	
	<i>qMP11</i>	۱۱	۳۵	E37M59-7-RM5824	۳/۲۰	-۳/۵۱	۹/۱۲	
	<i>qGMP1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۲/۷۲	۳/۵۳	۷/۳۹	۱۶/۰۱
شاخص میانگین هندسی بهره‌وری (GMP)	<i>qGMP7</i>	۷	۶۲	RM3608-E38M61-5	۳/۰۴	۴/۰۲	۹/۹۱	
	<i>qGMP11</i>	۱۱	۳۵	E37M59-7-RM5824	۲/۸۵	-۳/۶۴	۸/۰۹	
شاخص میانگین هارمونیک (HM)	<i>qHM1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۲/۹۱	۳/۸۷	۷/۹۲	۱۶/۲۰
	<i>qHM7</i>	۷	۶۳	RM3608-E38M61-5	۳/۳۲	۴/۴۰	۱۰/۶۰	
	<i>qHM11</i>	۱۱	۳۵	E37M59-7-RM5824	۲/۵۹	-۳/۶۶	۷/۲۹	
شاخص تحمل (TOL)	<i>qTOL6</i>	۶	۲۶	RM314-RM217	۲/۵۷	۲/۳۹	۶/۶۴	۲۳/۸۴
	<i>qTOL7</i>	۷	۶۷	RM3608-E38M61-5	۳/۷۵	-۲/۹۰	۹/۸۹	
شاخص حساسیت به تنش (SSI)	<i>qSSI1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۴/۳۳	-۰/۲۳	۱۱/۷۵	۱۹/۲۶
	<i>qSSI7</i>	۷	۶۷	RM3608-E38M61-5	۴/۴۰	-۰/۲۳	۱۲/۵۳	
شاخص تحمل تنش (STI)	<i>qSTI1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۳/۳۹	۰/۱۳	۸/۷۷	۱۹/۱۱
	<i>qSTI7</i>	۷	۶۱	RM3608-E38M61-5	۳/۱۴	۰/۱۴	۹/۷۱	
	<i>qSTI11</i>	۱۱	۳۵	E37M59-7-RM5824	۲/۹۳	-۰/۱۲	۷/۹۶	
شاخص عملکرد (YI)	<i>qYI1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۳/۹۹	۰/۱۷	۱۰/۸۰	۱۸/۶۰
	<i>qYI7</i>	۷	۶۵	RM3608-E38M61-5	۴/۰۰	۰/۱۷	۱۱/۸۰	
شاخص پایداری عملکرد (YSI)	<i>qYSI1</i>	۱	۲۰	RM5302-RM84	۴/۳۳	۰/۰۸	۱۱/۷۵	۱۹/۲۶
	<i>qYSI7</i>	۷	۶۷	RM3608-E38M61-5	۴/۴۰	۰/۰۹	۱۲/۵۳	

^a موقعیت QTL شناسایی شده از ابتدای کروموزوم.

^b اثر افزایشی که اثر جایگزینی یک آلل والد سپیدرود برای یک آلل والد غریب هست، ارزش مثبت نشان دهنده این است که والد سپیدرود آلل مثبت دارد در حالی که ارزش منفی عکس این مورد هست.

^c واریانس فنوتیپی قابل توجیه توسط هر QTL.

^d واریانس فنوتیپی قابل توجیه توسط QTL‌های هر صفت.

جدول ۳- QTL های اپیستازی (E-QTLs) شناسایی شده برای شاخص های مورد مطالعه به روش مکان یابی فاصله ای مرکب پوششی (ICIM) در جمعیت F_5 برنج

درصد واریانس فنوتیپی ^b	اثر افزایشی در افزایشی ^a	LOD	مکان ژنی (j)			مکان ژنی (i)			QTL	صفت و شاخص
			فاصله نشانگری	موقعیت	کروموزوم	فاصله نشانگری	موقعیت	کروموزوم		
۱۰/۲۲	-۴/۳۸	۴/۷۰	E36M61-3-RM30	۱۱۶	۶	RM7-RM6832	۳۰	۳	<i>qGYS3-6</i>	عملکرد در شرایط تنش (GYS)
۱۲/۶۶	-۴/۹۳	۴/۵۰	RM5620-RM311	۲۲	۱۰	RM7038-E38M59-1	۲۴	۹	<i>qGYS9-10</i>	
۱۸/۸۶	۴/۹۶	۶/۸۴	RM314-RM217	۲۶	۶	RM5302-RM84	۲۲	۱	<i>qGYp1-6</i>	عملکرد در شرایط نرمال (GYp)
۶/۶۴	۳/۲۰	۴/۴۸	RM1812-E37M59-10	۰	۱۱	RM424-RM262	۵۲	۲	<i>qGWp2-11</i>	وزن هزار دانه در شرایط نرمال (GWp)
۱۷/۰۲	-۴/۷۸	۴/۶۶	RM7434-RM7579	۹۴	۶	RM3867-E38M61-9	۲۰	۳	<i>qMP3-6</i>	شاخص متوسط بهره وری (MP)
۱۳/۵۸	-۴/۷۶	۴/۵۱	RM7579-RM5371	۹۸	۶	RM282-E37M59-11	۱۶	۳	<i>qGMP3-6</i>	شاخص میانگین هندسی بهره وری (GMP)
۱۴/۳۳	-۵/۱۵	۴/۵۲	RM7579-RM5371	۱۰۰	۶	RM282-E37M59-11	۱۶	۳	<i>qHM3-6</i>	شاخص میانگین هارمونیک (HM)
۱۵/۱۹	۳/۷۳	۱۷/۰۸	RM314-RM217	۲۶	۶	E36M61-4-RM5302	۱۸	۱	<i>qTOL1-6</i>	شاخص تحمل (TOL)
۱۱/۰۴	۳/۰۸	۱۳/۷۷	RM314-RM217	۲۶	۶	RM5626-E36M61-1	۵۰	۳	<i>qTOL3-6</i>	
۱۲/۰۲	-۳/۲۳	۱۴/۹۱	RM314-RM217	۲۶	۶	RM6320-RM13	۰	۵	<i>qTOL5-6</i>	
۶/۶۷	-۲/۳۹	۸/۷۰	E36M61-11-RM3608	۵۶	۷	RM6320-RM13	۰	۵	<i>qTOL5-7</i>	
۳/۹۸	۱/۸۶	۴/۸۹	RM311-E37M59-6	۲۴	۱۰	RM7038-E38M59-1	۲۴	۹	<i>qTOL9-10</i>	
۸/۱۹	۰/۱۹	۴/۰۴	RM217-RM276	۳۲	۶	RM135-RM416	۶۲	۳	<i>qSSI3-6</i>	شاخص حساسیت به تنش (SSI)
۱۰/۷۹	-۰/۲۲	۵/۷۶	RM314-RM217	۲۶	۶	RM6320-RM13	۰	۵	<i>qSSI5-6</i>	
۱۰/۵۸	-۰/۲۱	۴/۴۶	RM6839-RM434	۴۴	۹	RM1235-RM152	۰	۸	<i>qSSI8-9</i>	
۱۸/۳۷	-۰/۱۹	۵/۰۳	RM7434-RM7579	۹۴	۶	RM3867-E38M61-9	۲۰	۳	<i>qSTI3-6</i>	شاخص تحمل تنش (STI)
۱۰/۲۲	-۰/۱۶	۴/۷۰	E36M61-3-RM30	۱۱۶	۶	RM7-RM6832	۳۰	۳	<i>qYI3-6</i>	شاخص عملکرد (YI)
۱۲/۶۶	-۰/۱۸	۴/۵۰	RM5620-RM311	۲۲	۱۰	RM7038-E38M59-1	۲۴	۹	<i>qYI9-10</i>	
۸/۱۹	-۰/۰۷	۴/۰۴	RM217-RM276	۳۲	۶	RM135-RM416	۶۲	۳	<i>qYSI3-6</i>	شاخص پایداری عملکرد (YSI)
۱۰/۷۹	۰/۰۸	۵/۷۶	RM314-RM217	۲۶	۶	RM6320-RM13	۰	۵	<i>qYSI5-6</i>	
۱۰/۵۸	۰/۰۸	۴/۴۶	RM6839-RM434	۴۴	۹	RM1235-RM152	۰	۸	<i>qYSI8-9</i>	

^a اثر متقابل افزایشی در افزایشی بین دو مکان: ارزش مثبت (+) نشان دهنده این است که ژنوتیپ های دو مکان ژنی از یک والد مشابه (سپیدرود یا غریب) تظاهر صفت را افزایش می دهد و ارزش منفی (-) نشان دهنده این است که ترکیبات جدید آلی از دو والد متفاوت تظاهر صفت را افزایش می دهد.

^b واریانس فنوتیپی قابل توجه توسط هر QTL.

در اثرات متقابل اپیستازی بازی می کنند و می توانند مستقیماً روی صفات مورد مطالعه تاثیر بگذارند. (Rahman et al. (2007 و Zhao et al. (2010b تعدادی از QTL های اپیستازی را که بر عملکرد و وزن هزار دانه تاثیر می گذارند شناسایی کردند. همچنین در این مطالعه چندین QTL اپیستازی که درصد قابل توجهی (بیش از ۱۵ درصد) از واریانس فنوتیپی صفت مورد مطالعه را توجیه می کردند، شناسایی شد. بنابراین باید تاثیر اثرات اپیستازی را در کاربرد انتخاب به کمک نشانگر (MAS) در برنامه های اصلاحی برنج مدنظر قرار داد. علاوه بر آن، مطالعات مکان یابی QTL در سال های اخیر آشکار کرد که اثرات متقابل اپیستازی بین مکان های مختلف نقش مهمی را برای صفات کمی مثل عملکرد و اجزای عملکرد بازی می کنند و باید آن ها را مدنظر قرار داد.

در این پژوهش، اثرات اپیستازی مثبت و منفی به ترتیب در ۸ و ۱۳ مکان مشاهده شد (جدول ۳). اثرات مثبت نشان دهنده این است که آلل های دو مکان ژنی از یک والد مشابه (سپیدرود یا غریب) در تعامل مکانی اثر افزایش دهنده دارند و اثرات منفی نشان دهنده این است که آلل های دو مکان ژنی از والد های متفاوت در تعامل مکانی اثر افزایش دهنده دارد. نتایج نشان داد که اپیستازی می تواند نقش مهمی در کنترل عملکرد دانه و حتی شاخص های تحمل به تنش بازی کند. با مقایسه QTL های اپیستاتیک برای شاخص های مورد مطالعه مشاهده شد که QTL های اپیستاتیک متفاوتی برای این شاخص ها مکان یابی شده است و تنها بعضی از این QTL ها در بعضی ها شاخص ها مشترک می باشند. بنابراین می توان پیشنهاد کرد که QTL های اپیستاتیک نقش مهمی در تحمل به خشکی در برنج دارند. به ویژه QTL های اپیستاتیکی که درصد قابل توجهی (بیش از ۱۵ درصد) از واریانس فنوتیپی عملکرد و شاخص های مورد مطالعه را توجیه کردند.

QTL های اپیستاتیک *qGYp1-6*، *qMP3-6*، *qTOL1-6* و *qSTI3-6* به ترتیب ۱۸/۸۶ درصد، ۱۷/۰۲ درصد، ۱۵/۱۹ درصد و ۱۸/۳۷ درصد از تنوع فنوتیپی عملکرد دانه در شرایط نرمال، شاخص متوسط بهره وری (MP)، شاخص تحمل (TOL) و تحمل تنش

برای عملکرد دانه در شرایط تنش و نرمال و شاخص های تحمل و حساسیت به تنش مشاهده شد که QTL های شناسایی شده برای همه شاخص ها در همان موقعیت یا در ناحیه ای در نزدیکی QTL های شناسایی شده برای عملکرد دانه قرار داشتند. این نتیجه یک نتیجه بسیار مهم برای انجام برنامه های به ژنرادی به منظور افزایش عملکرد دانه است و بنابراین می توان از این QTL ها و همچنین نشانگرهای نزدیک به آن ها برای اصلاح ژنوتیپ های متحمل به خشکی در برنامه های به ژنرادی و انتخاب به کمک مارکر استفاده کرد.

در این مطالعه ۲۱ QTL اپیستاتیک برای شاخص ها، وزن هزار دانه و عملکرد در شرایط نرمال و تنش مکان یابی شد که شامل دو QTL اپیستاتیک برای عملکرد در شرایط تنش، یک QTL اپیستاتیک برای عملکرد در شرایط نرمال، یک QTL اپیستاتیک برای وزن هزار دانه در شرایط نرمال، یک QTL اپیستاتیک برای شاخص متوسط بهره وری، یک QTL اپیستاتیک برای شاخص میانگین هندسی بهره وری، یک QTL اپیستاتیک برای شاخص میانگین هارمونیک، پنج QTL اپیستاتیک برای شاخص تحمل، سه QTL اپیستاتیک برای شاخص حساسیت به تنش، یک QTL اپیستاتیک برای شاخص تحمل تنش، دو QTL اپیستاتیک برای شاخص عملکرد و سه QTL اپیستاتیک برای شاخص پایداری عملکرد بود (جدول ۳). درصد واریانس فنوتیپی این QTL های اپیستاتیک بین ۳/۹۸ تا ۱۸/۸۶ درصد متغیر بود. لغت اپیستاتیک اولین بار به وسیله (Bateson 1909) برای ژن های که اثرات سایر ژن ها را پنهان می کنند یا پوشش می دهند، به کار برده شد. سه نوع اثر اپیستازی که بر صفات کمی اثر می گذارند، پیشنهاد شده است (Li 1998): الف) اثر متقابل بین دو QTL با اثرات افزایشی (AA)؛ ب) اثر متقابل بین یک QTL با اثر افزایشی و یک مکان دیگر بدون اثر افزایشی یا اپیستازی زمینه (AN یا NA)؛ ج) اثر متقابل بین دو مکان فقط با اثر اپیستازی یا اپیستازی تکمیلی (NN). در این مطالعه دو نوع اپیستازی تکمیلی و زمینه برای صفات و شاخص های مورد مطالعه مشاهده شد. این نتایج نشان داد که مکان های بدون اثرات افزایشی معنی دار نقش مهمی

نشانگرهای نزدیک به آن‌ها معرفی می‌شوند تا احتمالاً بتوان از این QTL‌های اپیستاتیک برای بهبود ژنوتیپ‌های مقاوم به خشکی در برنامه‌های اصلاحی و انتخاب به کمک نشانگر (MAS) استفاده کرد.

(STI) را کنترل کردند و به عنوان QTL‌های اپیستاتیک بزرگ اثر سنسایشی شدند و نشانگرهای RM5302، RM84، RM7579، RM217، RM3867 و E38M61-9 که در فاصله کمتر از پنج سانتی‌مورگان از این QTL‌های اپیستاتیک قرار داشتند به عنوان

منابع

- Abarshahr M, Rabiei B, Samizadeh-Lahigi H (2011) Assessing genetic diversity of rice varieties under drought stress conditions. *Notulae Scientia Biologicae* 3: 114-123.
- Ahmadi J, Fotokian MH, FabrikiOurang S (2009) The study on linkage between SSR markers and yield components QTLs in rice (*Oryza sativa*). *Modern Genetics Journal* 3: 45-55.
- An ZW, Xie LL, Cheng H, Zhou Y, Zhang Q, He XG, Huang HS (2009) A silver staining procedure for nucleic acids in polyacrylamide gels without fixation and pretreatment. *Analytical Biochemistry* 391: 77-79.
- Babu RC, Nguyen BD, Chamarerk V, Shanmugasundaram P, Chezhian P, Jeyaprakash P, Ganesh SK, Palchamy A, Sadasivam S, Sarkarung S, Wade LJ, Nguyen HT (2003) Genetic analysis of drought resistance in rice by molecular markers: Association between secondary traits and field performance. *Crop Science* 43: 1457-1469.
- Bateson W (1909) *Mendel's principles of heredity*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Bernier J, Kumar A, Ramaiah V, Spaner D and Atlin G (2007) A large-effect QTL for grain yield under reproductive-stage drought stress in upland rice. *Crop Science* 47: 507-518.
- Bouman BAM, Tuong TP (2001) Field water management to save water and increase its productivity in irrigated lowland rice. *Agricultural Water Management* 49: 11-30.
- Bousslama MS, Schapaugh WT (1984) Stress Tolerance in soybeans. I. evaluation of three screening techniques for heat and drought tolerance. *Crop Science* 24: 933.
- Dashti H, Yazdi-Samadi B, Ghannadha M, Naghavi M, Quarri S (2007) QTL analysis for drought resistance in wheat using doubled haploid lines. *International Journal of Agriculture and Biology* 9: 98-101.
- Du W, Wang M, Fu S, Yu D (2009) Mapping QTLs for seed yield and drought susceptibility index in soybean (*Glycine max* L.) across different environments. *Journal of Genetics and Genomics* 36: 721-731.
- Fernandez GCJ (1992) Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. In: Kuo, C.G. (Ed.), *Adaptation of vegetables and other food crops in temperature and water stress*. AVRDC Staff Publication, Shanhuah, pp. 257-270.

- Fischer RA, Maurer R (1978) Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. *Australian Journal of Agricultural Research* 29: 897-912.
- Fu Q, Zhang P, Tan L, Zhu Z, Ma D, Fu Y, Zhan X, Cai H, Sun C (2010) Analysis of QTLs for yield-related traits in Yuanjiang common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Journal of Genetics and Genomics* 37: 147-157.
- Gavuzzi P, Rizza F, Palumbo M, Campanile RG, Ricciardi GL, Borghi B (1997) Evaluation of field and laboratory predictors of drought and heat tolerance in winter cereals. *Canadian Journal of Plant Science* 77: 523-531.
- Giri CC, Laxmi GV (2000) Production of transgenic rice with agronomically useful genes: an assessment. *Biotechnology Advances* 18: 653-683.
- Gomez SM, Boopathi NM, Kumar SS, Ramasubramanian T, Chengsong Z, Jeyaprakash P, Senthil A, Babu RC (2010) Molecular mapping and location of QTLs for drought-resistance traits in indica rice (*Oryza sativa* L.) lines adapted to target environments. *Acta Physiologiae Plantarum* 32: 355-364.
- Gorantla M, Babu PR, Reddy Lachagari VB, Reddy AMM, Wusirika R, Bennetzen JL, Reddy AR (2007) Identification of stress-responsive genes in an indica rice (*Oryza sativa* L.) using ESTs generated from drought-stressed seedlings. *Journal of Experimental Botany* 58: 253-265.
- Guo J, Su G, Zhang J, Wang G (2008) Genetic analysis and QTL mapping of maize yield and associate agronomic traits under semi-arid land condition. *African Journal of Biotechnology* 7: 1829-1838.
- Hossain ABS, Sears RG, Cox TS, Paulsen GM (1990) Desiccation tolerance and its relationship to assimilate partitioning in winter wheat. *Crop Science* 30: 622-627.
- Hu SP, Yang H, Zou GH, Liu HY, Liu GL, Mei HW, Cai R, Li MS, Luo LJ (2007) Relationship between coleoptile length and drought resistance and their QTL mapping in Rice. *Rice Science* 14: 13-20.
- Hua JP, Xing YZ, Xu CG, Sun XL, Yu SB, Zhang Q (2002) Genetic dissection of an elite rice hybrid revealed that heterozygotes are not always advantageous for performance. *Genetics* 162: 1885-1895.
- Khush GS (2005) What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030. *Plant Molecular Biology* 59: 1-6.

- Kirigwi F, Van Ginkel M, Brown-Guedira G, Gill B, Paulsen G, Fritz A (2007) Markers associated with a QTL for grain yield in wheat under drought. *Molecular Breeding* 20: 401-413.
- Kosambi DD (1943) The estimation of map distances from recombination values. *Annals of Human Genetics* 12: 172-175.
- Lafitte HR, Price AH and Courtois B (2004) Yield response to water deficit in an upland rice mapping population: associations among traits and genetic markers. *Theoretical and Applied Genetics* 109: 1237-1246.
- Lafitte HR, Yongsheng G, Yan S and Li ZK (2007) Whole plant responses, key processes, and adaptation to drought stress: the case of rice. *Journal of Experimental Botany* 58: 169-175.
- Li H, Ribaut JM, Li Z and Wang J (2008) Inclusive composite interval mapping (ICIM) for digenic epistasis of quantitative traits in biparental populations. *Theoretical and Applied Genetics* 116: 243-260.
- Li H, Ye G and Wang J (2007) A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping. *Genetics* 175: 361-374.
- Li Z (1998) Molecular analysis of epistasis affecting complex traits. In: Paterson, A.H. (Ed.), *Molecular dissection of complex traits*, CRC Press LLC, pp. 119-130.
- Liu BH (1998) *Statistical genomics: linkage, mapping, and QTL analysis*. CRC Press.
- Liu G, Mei H, Liu H, Yu X, Zou G and Luo L (2010) Sensitivities of rice grain yield and other panicle characters to late-stage drought stress revealed by phenotypic correlation and QTL analysis. *Molecular Breeding* 25: 603-613.
- Lu H, Romero-Severson J and Bernardo R (2002) Chromosomal regions associated with segregation distortion in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 105: 622-628.
- McCouch SR and CGSNL (2008) Gene nomenclature system for rice. *Rice* 1: 72-84.
- McCouch SR, Teytelman L, Xu YB, Lobos KB, Clare K, Walton M, Fu B, Maghirang R, Li ZK, Xing YZ, Zhang QF, Kono I, Yano M, Fjellstrom R, DeClerck G, Schneider D, Cartinhour S, Ware D and Stein L (2002) Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). *DNA Research* 9: 199-207.
- McPherson MJ and Møller SG (2006) PCR. Second edn. Taylor & Francis Group.
- Movafegh S, Rabiei B, Zare FA and Taheri G (2009) Mapping QTLs controlling yield in two Iranian rice cultivars-F₂ populations. *Iranian Journal of Field Crops Research* 7: 673-683.
- Murray MG and Thompson WF (1980) Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8: 4321-4326.
- Ndjiondjop MN, Cisse F, Futakuchi K, Lorieux M, Manneh B, Bocco R and Fatondji B (2010) Effect of drought on rice (*Oryza spp.*) genotypes according to their drought tolerance level. *Innovation and Partnerships to Realize Africa's Rice Potential*, Second Africa Rice Congress, Bamako, Mali, 22-26 March 2010.
- Rabiei B, Valizadeh M, Ghareyazie B, Moghaddam M, Ali A (2004) Identification of QTLs for rice grain size and shape of Iranian cultivars using SSR markers. *Euphytica* 137: 325-332.
- Rahman ML, Chu SH, Choi M, Li Qiao Y, Jiang W, Piao R, Khanam S, Cho Y, Jeung J, Jena KK (2007) Identification of QTLs for some agronomic traits in rice using an introgression line from *Oryza minuta*. *Molecules and Cells* 24: 16.
- Rosielle AA, Hamblin J (1981) Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. *Crop Science* 21: 943-946.
- Sabouri A, Toorchi M, Rabiei B, Aharizad S, Moumeni A, Singh RK (2010) Identification and mapping of QTLs for agronomic traits in *indica-indica* cross of rice (*Oryza sativa* L.). *Cereal Research Communications* 38: 317-326.
- Safaei Chaeikar S, Rabiei B, Samizadeh HA and Esfahani M (2008) Evaluation of tolerance to terminal drought stress in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences* 9: 315-331.
- SES (2002) Standard evaluation system for rice. International Rice Research Institute Manila, Philippines.
- Srividhya A, Vemireddy LR, Sridhar S, Jayaprada M, Ramanarao PV, Hariprasad AS, Reddy HK, Anuradha G and Siddiq E (2011) Molecular mapping of QTLs for yield and its components under two water supply conditions in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Crop Science and Biotechnology* 14: 45-56.
- Tan L, Liu F, Xue W, Wang G, Ye S, Zhu Z, Fu Y, Wang X, Sun C (2007) Development of *Oryza rufipogon* and *O. sativa* introgression lines and assessment for yield-related quantitative trait loci. *Journal of Integrative Plant Biology* 49: 871-884.
- Tan L, Zhang P, Liu F, Wang G, Ye S, Zhu Z, Fu Y, Cai H, Sun C (2008) Quantitative trait loci underlying domestication- and yield-related traits in an *Oryza sativa* × *Oryza rufipogon* advanced backcross population. *Genome* 51: 692-704.
- Temnykh S, DeClerck G, Lukashova A, Lipovich L, Cartinhour S, McCouch S (2001) Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. *Genome Research* 11: 1441-1452.
- Temnykh S, Park WD, Ayres N, Cartinhour S, Hauck N, Lipovich L, Cho YG, Ishii T, McCouch SR (2000) Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 100: 697-712.
- Van Ooijen J (2006) JoinMap 4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma B. V., Wageningen, Netherlands.

Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, van De Lee T, Hornes M, Friters A, Pot J, Paleman J, Kuiper M, Zabeau M (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23: 4407-4414.

Wang J, Li H, Zhang L, Meng L (2012) Users' manual of QTL IciMapping version 3.2. The Quantitative Genetics Group, Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Beijing 100081, China, and Genetic Resources Program, International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Apdo. Postal 6-641, 06600 Mexico, D.F., Mexico.

Yu SB, Li JX, Xu CG, Tan YF, Gao YJ, Li XH, Zhang Q, Maroof MA (1997) Importance of epistasis as the

genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA* 94: 9226-9231.

Zhang L, Wang S, Li H, Deng Q, Zheng A, Li S, Li P, Li Z, Wang J (2010) Effects of missing marker and segregation distortion on QTL mapping in F_2 populations. *Theoretical and Applied Genetics* 121: 1071-1082.

Zhao X, Qin Y, Sohn JK (2010) Identification of main effects, epistatic effects and their environmental interactions of QTLs for yield traits in rice. *Genes and Genomics* 32: 37-45.