qGW، یک QTL پایدار و بزرگ اثر برای افزایش وزن دانه برنج (*Oryza sativa* L.)

محمدرضا جعفرزاده رزمی[1]، سعید نواب‌پور[2]، حسین صبوری[3,*] و سیده ساناز رمضان‌پور[2]

١- دانشجوی دکتری، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

٢- دانشیار، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

٣- دانشیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، گنبد کاووس

(تاریخ دریافت: ١٣٩٨/٠٧/١٥ - تاریخ پذیرش: ١٣٩٨/١٠/٢١)

چکیده

به‌منظور تجزیه ژنتیکی صفات زراعی در برنج، آزمایشی با ١١٦ رگه خویش آمیخته نوترکیب F9 حاصل از تلاقی ارقام اهلمی‌طارم × سپیدرود در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه گنبدکاووس با سه تکرار در سال‌های ١٣٩٥ و ١٣٩٦ اجرا شد. نقشه پیوستگی جمعیت با ٨٠ نشانگر SSR، ٢٨ آلل چندشکل iPBS (٧٩ آلل چند شکل)، ٧ نشانگر IRAP (١٧ آلل) و ٢٦ نشانگر ISSR (٧٠ آلل) تهیه شد که ١٢٧٥/٤ سانتی مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد. تجزیه QTL به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) انجام شد و در مجموع دو سال، پانزده QTL برای صفات مورد مطالعه مکان‌یابی شد. اثر افزایشیQTL های ردیابی شده بین ٦/٧٢٥ گرم برای وزن دانه تا ٨٥/٦٢٦- گرم برای وزن دانه متغیر بود. واریانس فنوتیپی توجیه شده توسط این QTLها نیز از ١١/٣تا ٢٠ درصد متغیر بود. بیشترین میزان توجیه، مربوط به QTL وزن دانه در سال اول آزمایش بود. از بینQTLهای ردیابی شده، qGWهای روی کروموزوم یک به‌عنوان QTLهای پایدار و بزرگ اثر برای افزایش وزن دانه برنج (*Oryza sativa* L.) شناسایی شد که پس از تعیین اعتبار می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی و انتخاب به کمک نشانگر مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: برنج، نشانگرهای مولکولی، نقشه لینکاژی، وزن دانه، وزن ساقه، QTL

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **hossein.sabouri@gonbad.ac.ir**

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]

[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

مقدمه

برنج یکی از مهم‌ترین غلات و مواد غذایی برای بیش از نیمی از مردم جهان (Courtois *et al*., 2009) و غذای اصلی و منبع تأمین کالری برای حدود یک‌سوم از آنهاست (Xu *et al*., 2015). افزایش عملکرد دانه همواره یکی از اهداف اصلی برنامه‌های اصلاحی برنج بوده که با معرفی ارقام نیمه‌پاکوتاه آسیایی از سال ۱۹۶۰ تا حدودی تأمین شده است. اما به‌نظر می‌رسد که با وجود اطلاعات محدود در زمینه صفات مرتبط، نیل به عملکرد بالاتر با کمک روش‌های کلاسیک بسیار مشکل باشد (Li *et al*., 2006). کاربرد روش‌های انتخاب به کمک نشانگر (MAS) راه‌حل مناسبی برای برون‌رفت از این تنگنا خواهد بود که مستلزم شناسایی QTLهای جدید برای عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن است (Xu *et al*., 2015). وزن دانه به‌عنوان یکی از مهم‌ترین اجزای عملکرد، نقش مهمی در ایجاد عملکرد دانه برنج ایفا می‌کند. به‌طوری که افزایش وزن هزاردانه منجر به افزایش عملکرد می‌گردد (Bai *et al*., 2010). این صفت از طریق تقسیم سلولی کنترل می‌شود (Xing and Zhang, 2010). مکان‌یابی QTLهایی که با این صفت و صفات مرتبط با شکل و مورفولوژی دانه که رابطه علت و معلولی با وزن دانه دارند بسیار حائز اهمیت است. GS3 و qGL3 اثر افزایشی منفی روی تقسیم‌سلولی در گلوم دارند. بنابراین کاهش فعالیت آنها عملکرد دانه را افزایش می‌دهد (Fan *et al*., 2006; Qi *et al*., 2012). در اندام‌های مخزن آلل‌های tgw6 با تأثیر روی زمان انتقال مواد، عرضه IAA برای سلول‌ها و در نتیجه مقدار تقسیم‌سلولی را کنترل می‌نماید و بدین وسیله با کنترل تعداد نهایی سلول‌ها طول دانه را کنترل می‌نمایند (Ishimaru *et al*. 2013). Gw2، GW5 (qsw5) و GS6 اثر کنترلی منفی روی عرض دانه دارند (Song *et al*., 2007; Shomura *et al*., 2008). در مقابل Gs5 و Gw8 اثر کنترلی مثبت روی این صفت دارند (Li *et al*., 2011; Wang *et al*., 2012). GIF1 ژن دیگری است که انتقال مواد کربنی از دیواره سلولی در جهت معکوس غلظت در طول زمان پر شدن دانه را کنترل می‌کند (Wang *et al*., 2008). پژوهشگران دیگری با تجزیه QTL در جمعیت‌های F2 و F3 حاصل از تلاقی یک موتانت طبیعی (sgw) با وزن دانه کم و رقم هندی ۹۳۱۱ با وزن دانه زیاد دریافتند که یک QTL بزرگ‌اثر روی بازوی کوچک کروموزوم ۷ با وزن دانه در ارتباط است. تجزیه لاین‌های ایزوژن نزدیک به qsgw7 (NIL qsgw7) نشان داد که طول، عرض و حجم دانه در این لاین‌ها به‌طور معنی‌داری کمتر از ۹۳۱۱ است. این پژوهشگران از نتایج به‌دست آمده، استنباط کردند که ژن qsgw7 ممکن است که ژن جدیدی باشد که روی وزن هزار دانه و شکل دانه به‌ویژه چاقی آن اثر می‌گذارد (Bian *et al*., 2013). هدف پژوهش حاضر تهیه نقشه پیوستگی نشانگرهای SSR، iPBS، ISSR و IRAP در جمعیت لاین‌های خویش‌آمیخته نوترکیب نسل F9 حاصل از تلاقی رقم‌های اهلمی طارم × سپیدرود بود. هم‌چنین از اهداف دیگر این پژوهش، تعیین موقعیت کروموزومی QTLهای کنترل‌کننده صفات زراعی، برآورد سهم هر یک از QTLهای شناسایی شده در تبیین تنوع فنوتیپی صفات مورد مطالعه و نیز شناسایی نشانگرهای پیوسته با QTLهای بزرگ اثر و پایدار برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی آینده بود.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه بذرهای لاین‌های F9 (۱۱۶لاین) به همراه والدین طی دو سال زراعی ۱۳۹۵ و ۱۳۹۶ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه گنبدکاووس با طول جغرافیایی ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه شمالی کشت شدند. از صفات برتر والد اهلمی طارم می‌توان عملکرد کمتر و حساس به ورس و والد سپیدرود عملکرد بالاتر و مقاوم به ورس اشاره کرد (Allagholipor and Mohamadsalehi, 2015). هر تکرار به طول یک متر در دو ردیف و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود. صفات زراعی شامل وزن بوته، ارتفاع

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

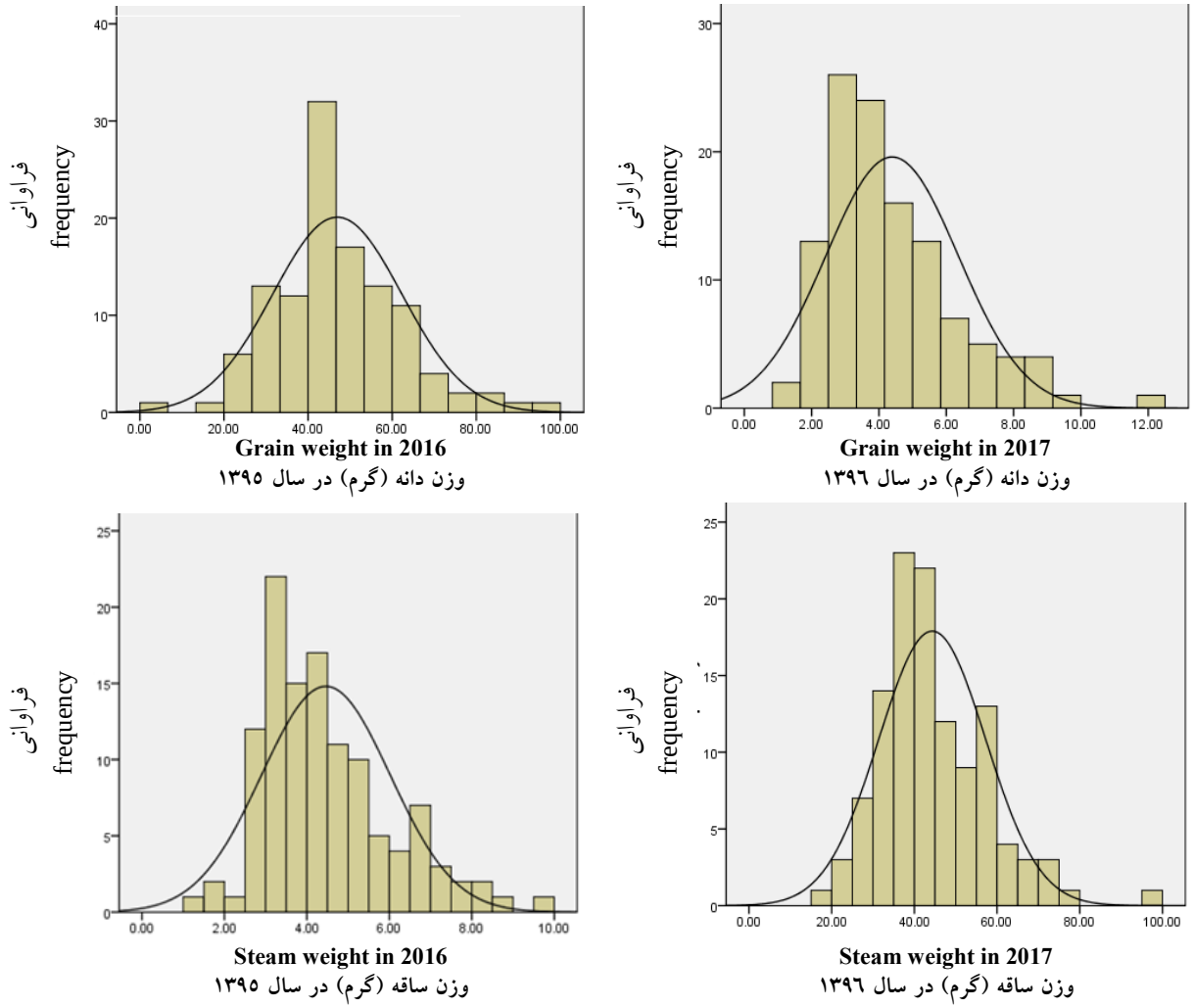
بوته، تعداد پنجه، تعداد پنجه بارور، مساحت برگ پرچم، طول خروج خوشه از غلاف، قطر ساقه، وزن ساقه، طول خوشه اصلی، وزن خوشه اصلی، تعداد دانه پر در خوشه اصلی، تعداد دانه پوک در خوشه اصلی، وزن دانه پر در خوشه اصلی، وزن دانه پوک در خوشه اصلی، تعداد خوشچه اولیه در خوشه اصلی، تعداد خوشچه ثانویه در خوشه اصلی و وزن ١٠٠ دانه بودند که در دو سال زراعی در نسل F9 اندازه‌گیری شدند. ثبت ارزش فنوتیپی برای کلیه صفات براساس واحد آزمایشی روی ٥ بوته تصادفی از هر واحد آزمایشی بود که از میانگین سه تکرار آن‌ها در تجزیه مکان‌یابی استفاده شد. جهت اجرای تجزیه و تحلیل آماری صفات فنوتیپی از نرم‌افزار SPSS 23 استفاده شد. برای استخراج DNA ژنومی نمونه برگی از ٣ بوته تصادفی از هر خانواده F9 و والدین تهیه و DNA با روش CTAB تغییریافته استخراج گردید (Saghai Maroof *et al.*, 1994). کیفیت DNA استخراج شده با انجام الکتروفورز با ژل آگارز ٠/٨درصد تعیین شد. برای ظهور و جداسازی باندها از ژل آگارز ١/٥درصد و ژل آکریل‌آمید ٦ درصد استفاده شد. از بین ٣٦٠ نشانگر مورد بررسی، ٨٠ نشانگر SSR برای والدین چندشکلی نشان داده و جهت تعیین ژنوتیپ افراد جمعیت استفاده شدند. برای اشباع نقشه حاصل از نشانگرهای SSR، از ٢٨ نشانگر iPBS (٧٩ آلل چندشکل) و ٧ نشانگر IRAP (١٧ آلل) و ٢٦ نشانگر ISSR (٧٠ آلل) استفاده شد. معیار انتخاب آغازگرها، میزان اطلاعات چندشکل (PIC) و چندشکلی مشاهده شده در مطالعات قبلی بود (Basten *et al.*, 2001). واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز در دستگاه ترموسایکلر مدل iCycler (BIORAD ساخت کشور آمریکا)، با بلوک ٩٦ تایی برای تیوب‌های PCR به حجم ٠/٢ میلی‌لیتر استفاده شد. برای تهیه نقشه ژنتیکی از نرم‌افزار Map Manager QTX 17 (Manly and Olson, 1999) استفاده شد. فواصل نشانگری در این نقشه نیز براساس تابع کوزامبی (Kosambi, 1994) محاسبه گردید. در نهایت برای پیدا کردن QTLها از QGENE (Nelson, 1997) استفاده شد. برای تعیین QTLها و برآورد اندازه اثرات آن‌ها، از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) استفاده گردید و نقطه‌ای که دارای بالاترین مقدار LOD بود به‌عنوان ناحیه با بیشترین احتمال وجود QTL شناسایی شد (Liu, 1998; Rabiei and Sabouri, 2008). در کلیه موارد از آزمون جایگشت و Resampling، ١٠٠٠٠ استفاده شد و برای هر پایش ٠/٥سانتی‌مورگان در نظر گرفته شد. جهت تهیه نقشه ژنتیکی از اسکورهای A (برای وجود باند شبیه والد اهلمی‌طارم) و B (برای وجود باند شبیه والد سپیدرود) در نشانگرهای ریزماهواره استفاده شد. در مورد نشانگرهای iPBS، ISSR و IRAP از اسکورهای ١ (برای وجود باند) و ٣ (برای عدم وجود باند) در مواقعی که باند در والد اول تکثیر یافته بود، استفاده شد. هم‌چنین در مورد نشانگرهای iPBS، ISSR و IRAP از اسکورهای ٢ (برای وجود باند) و ٤ (برای عدم وجود بند) در مواقعی که باند در والد دوم تکثیر یافته بود استفاده شد. خاطر نشان می‌شود که انکور کردن نشانگرهای تصادفی به نشانگرهای ریزماهواره برای کروموزوم‌ها جداگانه انجام شد.

نتایج و بحث

برای تهیه نقشه پیوستگی، از اطلاعات ٨٠ نشانگرSSR، ٢٨ نشانگر iPBS (٧٩ آلل چندشکل)، ٧ نشانگر IRAP (١٧ آلل) و ٢٦ نشانگر ISSR (٧٠ آلل) استفاده شد. نقشه حاصل، ١٢٧٥/٤ سانتی‌مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد. میانگین فاصله بین نشانگرها، ٥/١٨٤ سانتی‌مورگان برآورد شد و از این نظر برای مکان‌یابی مناسب تشخیص داده شد (شکل ٢).

برای بررسی نرمال بودن داده‌ها، چولگی و کشیدگی آن‌ها محاسبه شد که مطابق آن کلیه داده‌ها نرمال بودند (شکل ١). به‌منظور بالا بردن دقت نتایج از روش حداکثر درست‌نمایی برای کلیه محاسبات QTL استفاده شد. بررسی فنوتیپی صفات مورد مطالعه در لاین‌های خویش آمیخته F9 نشان داد که این صفات تغییرات کمی و پیوسته دارند.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]



شکل ۱- توزیع فراوانی صفات در لاین‌های نوترکیب خویش آمیخته F9 حاصل از تلاقی بین اهلمی طارم × سپید رود

Figure 1. Distribution of traits frequencies in F9 rice RILs derived from Ahalamitarom × Sepidroud cross

برای هر دو صفت وزن ساقه و وزن دانه ارزش‌های بیشتر از والد دارای حداکثر مقدار صفت و کمتر از والد دارای حداقل صفت دیده شد که حاکی از وجود تفکیک متجاوز در وراثت آن‌هاست. این نتیجه احتمالاً به‌خاطر ماهیت چندژنی بودن کنترل صفات مربوطه و تجمع آلل‌های مطلوب از هر دو والد در جمعیت RILها می‌باشد. کاون و همکاران (Kwon *et al.*, 2008)، موافق و همکاران (Movafegh *et al.*, 2009)، احمدی و همکاران (Ahmadi *et al.*, 2009)، فتوکیان و همکاران (Fotokian *et al.*, 2009)، صبوری و همکاران (Sabouri *et al.*, 2011)، صبوری و همکاران (Sabouri *et al.*, 2012)، عبادی و همکاران (Ebadi *et al.*, 2013)، صبوری و کاتوزی (Sabouri and Katouzi, 2014)، ربیعی و همکاران (Rabiei *et al.*, 2013)، شیخ‌پورآهندانی و همکاران (Sheykhpour Ahandani *et al.*, 2013) و احمدی‌زاده و همکاران (Ahmadizadeh *et al.*, 2017) نیز پدیده تفکیک متجاوز را در صفات مختلف در گیاه برنج از جمله عملکرد بیولوژیک و وزن دانه گزارش کرده‌اند. این نتیجه می‌تواند به‌خاطر ماهیت چندژنی بودن کنترل این صفات و تجمع آلل‌های مطلوب از هر دو والد، اپیستازی، اثر متقابل ژنوتیپ با محیط و جهش در طول فرآیند کشت‌بافت برای تولید جمعیت هاپلوئید مضاعف شده باشد (Tian *et al.*, 2005; Sheykhpour Ahandani *et al.*, 2013). تجزیه همبستگی بین صفات نشان داد که همبستگی معنی‌داری بین وزن ساقه و وزن دانه وجود ندارد.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

در مجموع دو سال آزمایش، QTLهای متعددی برای صفات مورد بررسی ثبت شد؛ ولی چون LOD آنها اندکی کمتر از ٣ بود، در این مقاله مورد بحث قرار نگرفت. در این میان دوازده QTL که کنترل دو صفت وزن ساقه و وزن دانه را به‌عهده داشتند، به‌عنوان QTLهای تاثیرگذار و مهم شناسایی شدند. برای وزن ساقه در سال اول آزمایش فقط یک QTL بزرگ‌اثر روی کروموزوم هشت ((2015) qSHW-8 در فاصله iPBS2221-1800- RM337) مکان‌یابی شد که ١٢/٤ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه کرد. اثر افزایشی این QTL برابر ٨/٥٦٣- بود که جهت منفی آن نشان می‌دهد که آلل افزایش‌دهنده از والد سپیدرود به نتاج منتقل شده است (جدول ١). در حالی‌که در سال دوم برای این صفت QTLای ردیابی نشد.

تفرق صفات و تغییرات شرایط محیطی (آب و هوا) از دلایل عدم پایدری QTLهای شناسایی شده بیان شده است (Kaviani Charati *et al.*, 2016).

جدول ١- مکان‌های ردیابی شده برای صفات زراعی در جمعیت F9 اهلمی طارم × سپیدرود

Table 1. QTLs identified for agronomical traits in RILs derived from Ahalamitarom × Sepidroud cross

صفات Traits	QTL	کروموزوم Chromosome	نشانگرهای مجاور Flanking markers	نقطه اوج Position (cM)	LOD	اثر افزایشی Additive effect	F اثر افزایشی F-Additive effect	واریانس بیان‌شده Explaining facto	جهت آلل Allele direction
			1395 (2016)						
وزن ساقه Stem weight	qSHW-8 (2015)	8	iPBS2221-1800- RM337	56	3.342	−8.563	16.176	12.4	سپیدرود Sepidroud
وزن دانه Grain weight	qGW-1a (2015)	1	RM10772- IRAP53-1300	10	4.871	0.841	24.322	17.6	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1b (2015)	1	RM10825-iPBS2079-1300	30	5.605	0.928	28.412	20	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1c(2015)	1	RM10852–IRAP54-1300	44	4.405	1.046	21.783	16	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1d (2015)	1	ISSR43-2000–RM1287	110	4.158	0.86	20.459	15.2	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-3 (2015)	3	ISSR52-1300-RM5172	84	3.772	0.799	18.416	13.9	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-6 (2015)	6	ISSR43-1800-iPBS2079-2000	34	3.345	1.427	16.188	12.4	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-12 (2015)	12	iPBS2076-1500–RM6693	40	3.741	6.725	18.252	13.8	اهلمی طارم Ahlamitarom
			1396 (2017)						
وزن دانه Grain weight	qGW-1a (2016)	1	IRAP53-1300-RM10800	12	4.043	1.986	19.847	14.8	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1b (2016)	1	RM10825-iPBS2079-1300	30	3.894	0.532	19.06	14.3	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1c(2016)	1	RM10852-IRAP54-1300	44	3.445	0.631	16.706	12.8	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-1d (2016)	1	ISSR43-2000–RM1287	108	3.264	0.615	15.773	12.2	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-8a (2016)	8	ISSR16-1100–iPBS2221-1800	42	3.068	0.687	14.767	11.5	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-8a (2016)	8	iPBS2221-1800–RM337	54	3.068	1.6	14.766	11.5	اهلمی طارم Ahlamitarom
	qGW-8a (2016)	8	iPBS2080-1500–RM6429	78	3.035	0.67	14.596	11.3	اهلمی طارم Ahlamitarom

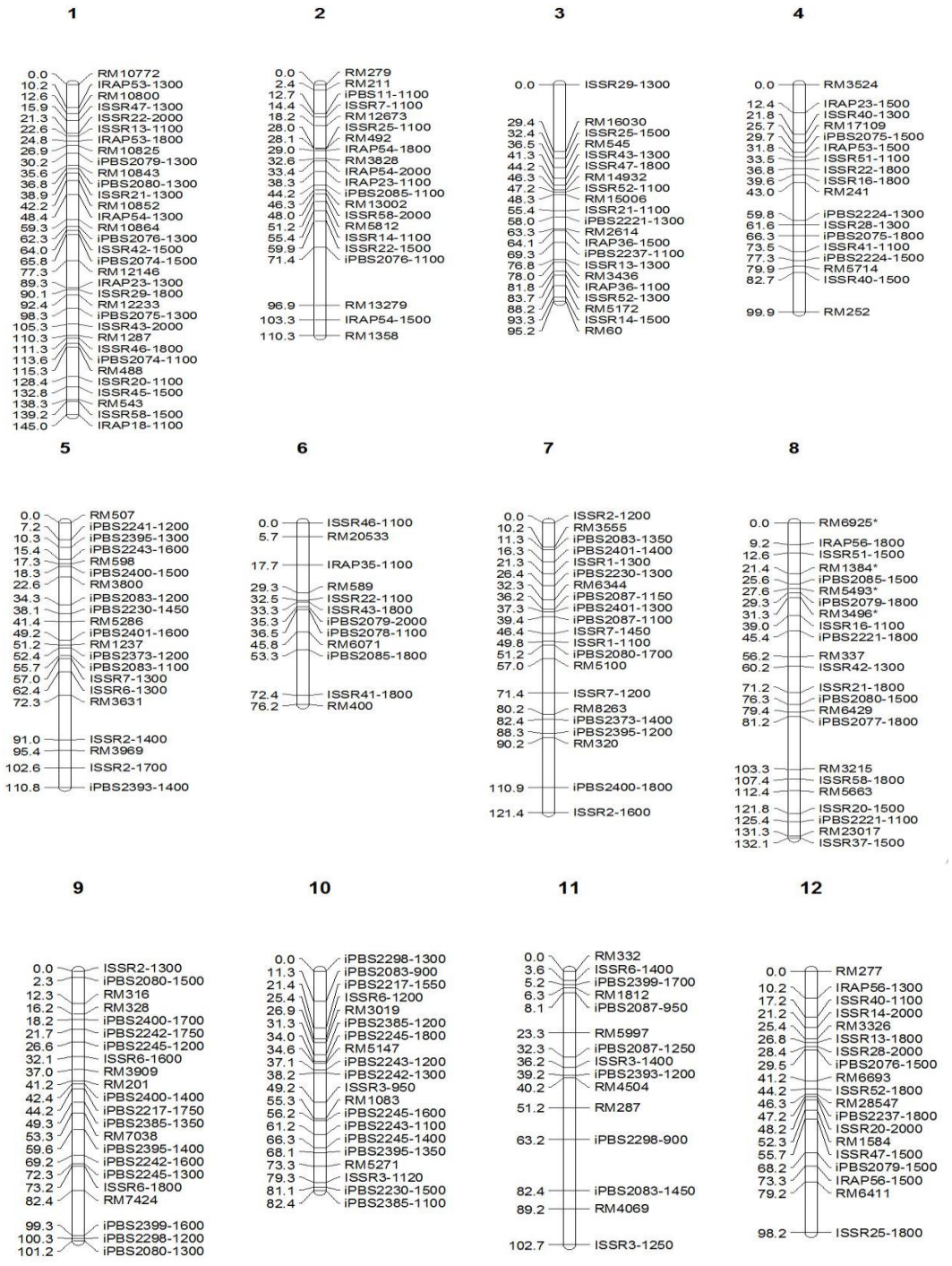
علامت منفی اثر افزایشی نشان‌دهنده این است که آلل انتقال یافته از والدی که دارای ارزش کمتر برای آن صفت است منتقل شده است.

Negative sign of additive effect indicates that alleles transmitted from parent with lower values for the trait of interest.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]

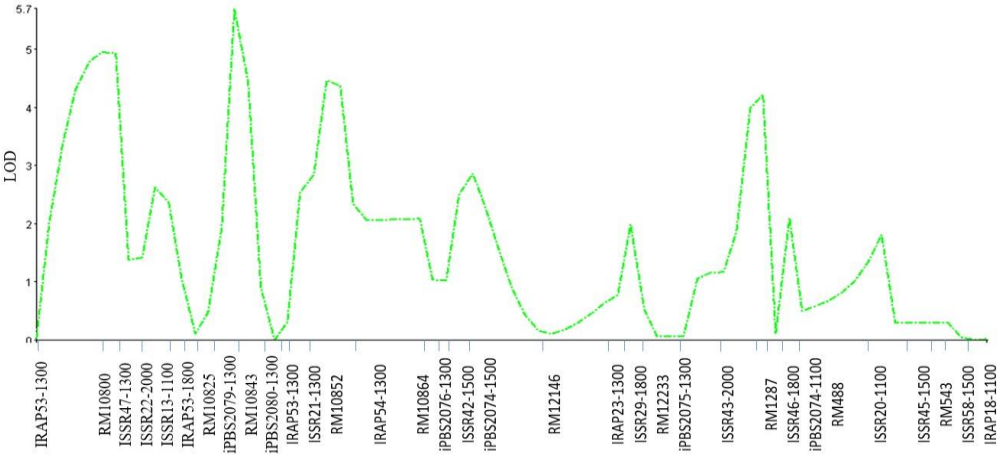
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]



شکل ۲- نقشه پیوستگی نشانگرهای SSR، iPBS، ISSR و IRAP در لاین‌های نوترکیب خویش آمیخته F9 حاصل از تلاقی اهلمی طارم × سپیدرود

Figure 2. Linkage map produced by SSR, iPBS, ISSR and IRAP markers in F9 RIL individuals derived from the cross between Ahalamitarom × Sepidroud

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]



شکل ٣- QTLهای شناسایی شده مربوط به وزن دانه روی کروموزوم شماره یک سال ١٣٩٥

Figure 3. Detected QTLs for grain weight on chromosome 1 in 2016

در پژوهش حاضر از آن‌جایی‌که مواد گیاهی، لاین‌های نوترکیب خویش‌آمیخته نسل ٩ بودند، به‌نظر می‌رسد که سهم تفرق صفات ناچیز بوده و دلیل عمده برای عدم پایداری برخی QTLها تفاوت شرایط آب و هوایی در دو سال آزمایش باشد. نی و همکاران (Ni *et al.*, 1998) در پژوهشی روی جمعیت لاین‌های نوترکیب خالص حاصل از تلاقی IR20 و IR55178-3B-9-3 توانستند چهار QTL برای وزن خشک ساقه روی کروموزوم‌های ١ و ٦ و ٩ و ١٢ شناسایی کنند. برای صفت وزن دانه در سال اول، در مجموع هفت QTL شناسایی شد. چهار مورد آن روی کروموزوم یک در فاصله‌های RM10772-IRAP53-1300، iPBS2079-1300 -RM10825، RM10852-IRAP54-1300 و RM1287-ISSR43-2000 قرار داشتند که مجموعاً ٦٨/٨ درصد از واریانس فنوتیپی این صفت را شامل می‌شوند. اثر افزایشی این چهار QTL مثبت و روی هم ٣/٦٧٥ گرم بود. علاوه بر آن سه QTL دیگر به‌ترتیب روی کروموزوم‌های ٣، ٦ و ١٢ با LOD مساوی ٣/٧٧٢، ٣/٣٤٥ و ٣/٧٤١ در موقعیت‌های ٨٤، ٣٤ و ٤٠ سانتی‌مورگان نقشه با اثرات افزایشی ٠/٧٩٩، ١/٤٢٧ و ٦/٧٢٥ شناسایی شد که ١٣/٩، ١٢/٤ و ١٣/٨ درصد از واریانس فنوتیپی را شامل شدند.

در سال دوم نیز در مجموع هفت QTL برای صفت وزن دانه پیدا شد که چهار QTL روی کروموزوم یک بود. سه مورد از این QTLها ((2016) qSW-1b، (2016)qSW-1c و qSW-1d (2016)) مشابه QTLهای شناسایی شده در سال اول آزمایش بودند. QTLهای مذکور علیرغم تفاوت‌های آب و هوایی در دو سال آزمایش، پایداری داشتند. احمدی‌زاده و همکاران (Ahmadizadeh *et al.*, 2017) برای وزن دانه دو QTL یکی در فاصله نشانگرهای ٣١١٧١٨٤-٢٩٧٦٩٠٤ روی بازوی بلند کروموزوم ٣ و دیگری در فاصله ٧٩٧٦٩٠٤-٩٦٢٨٨٢ روی بازوی بلند کروموزوم ٧ شناسایی کردند. صبوری و همکاران (Sabouri *et al.*, 2012) با استفاده از ١٩٢ بوته از جمعیت F2 حاصل از تلاقی ارقام شاه‌پسند و IR28 برخی از صفات مرتبط با تحمل به خشکی را در برنج به کمک نشانگر ریزماهواره مورد بررسی قرار دادند. در این بررسی سه مکان‌ژنی کمی برای وزن دانه روی کروموزوم‌های یک و شش شناسایی شدند. که در هر سه مورد آلل‌های شاه‌پسند باعث افزایش وزن دانه شدند. این مکان‌های ژنی در مجموع بیش از ٢٠ درصد از تنوع فنوتیپی موجود در این صفت را توجیه نمودند. در جمعیت F2 حاصل از تلاقی بینام و کادوس، یک QTL بزرگ اثر روی کروموزوم سه برای وزن دانه شناسایی شد که به‌تنهایی ١٨ در صد از کل واریانس فنوتیپی را توجیه کرد واز نشانگر RM60 به اندازه ٣ سانتی‌مورگان فاصله داشت (Rabiei *et al.*, 2013). مشاهدات مک‌کوچ و همکاران (Mc Couch *et al.*, 2002) و تامسون و همکاران (Thomson *et al.*, 2003) با نتایج این تحقیق مشابهت داشت.

در صورتی که یک QTL نسبت به QTLهای شناسایی شده دیگر برای یک صفت، واریانس فنوتیپی بیشتری را کنترل کند و مقیاس LOD بیشتری داشته باشد، بهتر است که آن را به‌عنوان یک ژن بزرگ اثر اصلی کنترل‌کننده آن صفت در نظر گرفت

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]
[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

(Lin *et al*., 2004). در بیشتر منابع مقدار واریانس فنوتیپی برای یک ژن بزرگ اثر را ۲۰ درصد عنوان کرده‌اند، اما برخی منابع مقدار درصد توجیه برای یک ژن بزرگ‌اثر را کمتر از این مقدار نیز می‌دانند به شرطی که تعداد QTLهای کمتری برای آن صفت ردیابی شده باشد.

مکان‌ژنی qGW-1b (2015) در فاصله RM10825- iPBS2079-1300 در سال اول و مکان‌های ژنی qGW-1a (2016) در فاصله IRAP53-1300- RM10800 و qGW-1b (2016) در فاصله RM10825 - iPBS2079-1300 به‌ترتیب با تبیین ۲۰، ۱٤/۸ و ۱٤/۳درصد از تنوع فنوتیپی، چنین ویژگی را داشتند؛ بنابراین می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر در پروژه‌های اصلاحی استفاده نمود.

سپاسگزاری

بدینوسیله از معاونت علمی و فناوری ریاست جمهوری، دانشگاه گنبد کاووس و دانشگاه علوم کشاورزی و منابع‌طبیعی گرگان بابت حمایت‌های مالی و معنوی تشکر و قدردانی می‌گردد.

.

References

Ahmadi, J., Fotukian, M.H. and Fabriki Urang, S. (2009). Study of the association between microsatellite markers (SSRs) and yield components QTLs in rice (*Oryza sativa* L.). *Modern Genetics*, **3(4):** 45-55 (In Persian).

Ahmadizadeh, M., Babaeian-Jelodar, N., Mohammadi-Nejad, G.H., Bagheri, N. and Singh, R.K. (2017). Identification of QTLs for rice yield and yield-related traits using high density SNPs linkage map. *Journal of Agricultural Biotechnology*, **9(3):** 1-24 (In Persian).

Allagholipor, M. and Mohamadsalehi, M.S. (2015*). Characteristics of Some Local Rice Cultivars in Guilan Province conditions.* Ministry of Jihad-Agriculture, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Rice Research Institute of Iran. Tehran, IR (In Persian).

Bai, X., Luo, L., Yan, W., Kovi, M.R., Zhan, W. and Xing, Y. (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**: 1-16.

Basten, C.J., Weir, B.S. and Zeng, Z.B. (2001). *QTL Cartographer: A Reference Manual and Tutorial for QTL Mapping*. North Carolina State University Press, Rigley, North Carolina, USA.

Bian, J.M., He, H.H., Li, C.J., Shi, H., Zhu, C.L., Peng, X.S., Fu, J.R., He, X.P., Chen, X.R., Hu, L.F. and Ouyang, L.J. (2013). Identification and validation of a new grain weight QTL in rice. *Genetics Molecular Research*, **12(4):** 5623-5633.

Courtois, B., Ahmadi, N., Khowaja, F., Price, A.H., Rami, J.F., Frouin, J., Hamelin, C.H. and Ruiz, M. (2009). Rice root genetic architecture: meta-analysis from a drought QTL database. *Rice*, **2:** 115-128.

Ebadi, A.A., Farshadfar, E. and Rabiei, B. (2013). Analysis of quantitative trait loci for rice cooking and eating quality based on an Iranian RILs population. *Crop Biotechnology*, **3(2):** 59-72 (In Persian).

Fan, C., Xing, Y., Mao, H., Lu, T., Han, B. and Xu, C. (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.

Fotokian, M.H., Ahamadi, G., Amiri Oghan, H., Sadatnori, A., Naji, A.M., Mohammadinejad, G., Mohaddes, A. and Agahi, K. (2009). Introduction of quantitative trait loci related to plant height, number of tiller and flag leaf length and width in rice (*Oryza sativa* L.) using microsattelite markers. *Iranian Journal of Biology*, **23(2):** 488-497 (In Persian).

Ishimaru, K., Hirotsu, N., Madoka, Y., Murakami, N., Hara, N. and Onodera, H. (2013). Loss of V function of the IAAglucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield. *Nature Genetics*, **45:** 707-711.

Kaviani Charati, A., Sabouri, H., Fallahi, H.A. and Jorjani, E. (2016). QTL mapping of spike characteristics in barley using F3 and F4 families derived from Badia × Komino cross. *Plant Genetic Researches*, **3(1):** 13-28 (In Persian).

Kosambi, D.D. (1944). The estimation of map distances from recombination values. *Annual Eugen*, **12:** 172-175.

Kwon, S.J., Cho, Y.C., Kwon, S.W., Oh, C.S., Suh, J.P., Shin, Y.S., Kim, Y.J., Holligan, D., Wessler, S.R., Hwang, H.G. and Ahn, S.N. (2008). QTL mapping of agronomic traits using an RIL population derived from a cross between temperate *japonica* cultivars in rice (*Oryza sativa* L.). *Breeding Science*, **58:** 271-279.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]

[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

Li, S.B., Zhang, Z.H., Hu, Y., Li, C.Y., Jiang, X., Mao, T., Li, Y.S. and Zhu, Y.G. (2006). Genetic dissection of developmental behavior of crop growth rate and its relationships with yield and yield related traits in rice. *Plant Science*, **170:** 911-917.

Li, Y., Fan, C., Xing, Y., Jiang, Y., Luo, L. and Sun, L. (2011). Natural variation in GS5 plays an important role in regulating grain size and yield in rice. *Nature Genetics*, **43:** 1266-1269.

Lin, H.X., Zhu, M.Z., Yano, M., Gao, J.P., Liang, Z.W., Su, W.A., Hu, X.H., Ren, Z.H. and Chao, D.Y. (2004). QTLs for Na and K uptake of the shoots and roots controlling rice salt tolerance. *Theoretical and Applied. Genetics*, **108:** 253-260.

Liu, B.H. (1998). *Statistical Genomics; Linkage, Mapping and QTL Analysis*. CRC Press, Florida, USA.

Manly, K.F. and Olson, J.M. (1999). Overview of QTL mapping software an introduction to map manager QT. *Mammalian Genome*, **10:** 327-334.

Mc Couch, S.R., Teytelman, L., Xu, Y., Lobos, K., Clare, K. and Walton, M. (2002). Development of 2243 new SSR markers for rice by the international rice microsatellite initiative. *Proceeding of the First International Rice Congress*, Shanghai, China.

Movafegh, S., Rabiee, B., Zare Feizabadi, A. and Taheri, G. (2009). Mapping QTLs controlling yield in two Iranian rice cultivars-F_2 populations. *Iranian Journal of Agricultural Research*, **7(2):** 673-683 (In Persian).

Nelson, J.C. (1997). QGENE: software for marker-based genomic analysis and breeding. *Molecular Breeding*, **3(3):** 239-245.

Ni, J.J., Wu, P., Senadhira, D. and Huang, N. (1998). Mapping QTLs for phosphorus deficiency tolerance in rice. *Theoretical and Applied Genetics*, **97:** 1361-1369.

Qi, P., Lin, Y., Song, X., Shen, J., Huang, W. and Shan, J. (2012). The novel quantitative trait locus GL3. 1 controls rice grain size and yield by regulating Cyclin-T1;3. *Cell Research*, **22:** 1666-1680.

Rabiei, B. and Sabouri, H. (2008). *Mapping Genes Controlling Quantitative Traits*. University of Guilan Press, Guila, IR (In Persian).

Rabiei, B., Masaeli, M. and Torang, A.R. (2013). Identification Loci for controlling of seed yield and yield components of rice. *Iranian Journal of Crop Science*, **44(2):** 293-304 (In Persian).

Sabouri, H. and Katouzi, M. (2014). Detection of chromosomal regions controlling drought osmotic stress in rice. *Journal of Agricultural Biotechnology*, **6(2):** 91-100 (In Persian).

Sabouri, H., Katouzi, M. and Khataminejad, R. (2011). Role of 1 and 6 chromosomes in genetic control of farm traits in rice. *Modern science of Sustainable Agriculture*, **7(3):** 29-35 (In Persian).

Sabouri, H., Sabouri, A. and Khataminejad, R. (2012). QTL locating of some traits related to drought tolerance in rice. *Production and Processing of Agricultural and Horticultural Products*, **2(4):** 1-11 (In Persian).

Saghai Maroof, M.A., Biyashev, R.M., Yang, G.P., Zhang, Q. and Allard, R.W. (1994). Extraordinarily polymorphic microsatellites DNA in barely species diversity, chromosomal location, and population dynamics. *Proceeding of National Academy Science USA*, **91:** 5466-5570.

Sheykhpour Ahandani, M., Rabiee, B. and Shirzadian Khoramabad, R. (2013). Identification of QTLs linked to plant height and maturity time in rice. *Iranian Journal of Crop Sciences*, **15(2):** 107-120 (In Persian).

Shomura, A., Izawa, T., Ebana, K., Ebitani, T., Kanegae, H. and Konishi, S. (2008). Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication. *Nature Genetics*, **40:** 1023-1028.

Song, X.J., Huang, W., Shi, M., Zhu, M.Z. and Lin, H.X. (2007). A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. *Nature Genetics*, **39:** 623-630.

Thomson, M.J., Tai, T.H., McClung, A.M., Lai, X.H., Hinga, M.E., Lobos, K.B., Xu, Y., Martinez, C.P. and McCouch, S.R. (2003). Mapping quantitative trait loci for yield, yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza rufipogon* and the *Oryza sativa* cultivar Jefferson. *Theoretical and Applied Genetics*, **107:** 479-493.

Tian, R., Jiang, G.H., Shen, L.H., Wang, L.Q. and He, Y.Q. (2005). Mapping quantitative trait loci underlying the cooking and eating quality of rice using a DH population. *Molecular Breeding*, **15:** 117-124.

Wang, E., Wang, J., Zhu, X., Hao, W., Wang, L. and Li, Q. (2008). Control of rice grain-filling and yield by a gene with a potential signature of domestication. *Nature Genetics*, **40:** 1370-1374.

Wang, S., Wu, K., Yuan, Q., Liu, X., Liu, Z. and Lin, X. (2012). Control of grain size, shape and quality by OsSPL16 in rice. *Nature Genetics*, **44:** 950-954.

Xing, Y. and Zhang, Q. (2010). Genetic and molecular bases of rice yield. *Annual Review Plant Biology*, **61:** 421-442.

Xu, F., Sun, X., Chen, Y., Huang, Y., Tong, C. and Bao, J. (2015). Rapid identification of major QTLs associated with rice grain weight and their utilization. *PLoS ONE*, **10(3):** e0122206.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]

[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]

qGW, a Stable and Major QTL for Increasing of Grain Weight in Rice (*Oryza sativa* L.)

Mohammad Reza Jafarzadeh Razmi[1], Saeed Navabpour[2], Hossein Sabouri[3,*] and Seyedeh Sanaz Ramazanpour[2]

1- Ph.D. Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
3- Associate Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran

(Received: October 7, 2019 – Accepted: January 11, 2020)

Abstract

In order to analyze the genetic components of agronomic traits among 116 F9 recombinant lines derived from crosses of Ahlamitarom × Sepidroud rice cultivars, an experiment was conducted as a randomized complete block design in research farm of Gonbad Kavous University of Agriculture with three replications in 2016 and 2017. Genetic linkage map provided with 80 SSR markers, 28 iPBS Markers (79 polymorphic alleles), 7 IRAP markers (17 polymorphic alleles) and 26 ISSR markers (70 polymorphic alleles), which covered 1275.4 cM of the rice genome. QTL analysis was performed by Composite Interval Mapping. In two years, 15 QTLs detected for the studied traits. The additive effected varied from 6.725 g for grain weight up to -85.626 g for grain weight. Also, R^2 for the detected QTLs explained from 11.3% to 20% of the total variation. The highest R^2 was related to grain weight in the first year of experiment. Among the detected QTLs, qGWs on chromosome 1, were found to be stable and large effector QTLs for rice (*Oryza sativa* L.) grain weight, and can be used in marker-assisted breeding and selection programs after validation.

Keywords: Rice, Molecular markers, Linkage map, Grain weight, Shoot weight, QTL

[*]**Corresponding Author, E-mail: hossein.sabouri@gonbad.ac.ir**

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2025-05-08]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1398.6.2.1.3]

[DOI: 10.29252/pgr.6.2.173]