

ردیابی ژنهای کنترل کننده صفات مورفولوژیک ریشه و اندامهای هوایی برنج در رگه‌های نو ترکیب جمعیت برنج ایرانی حاصل از تلاقی عنبربو × سپیدرود

حسین صبوری^{۱*}، شریفه محمدآلق^۲، رضا کریم کشته^۳ و محبوبه نجار عجم^۴

^۱ گنبد کاووس، دانشگاه گنبد کاووس، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، گروه تولیدات گیاهی

^۲ گنبد کاووس، دانشگاه گنبد کاووس، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، گروه بیوتکنولوژی

^۳ کرج، دانشگاه پیام نور کرج، گروه بیوتکنولوژی

^۴ رشت، دانشگاه گیلان، دانشکده کشاورزی، گروه زراعت و اصلاح نباتات

تاریخ دریافت: ۹۳/۱۰/۱۶ تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۲/۱۴

چکیده

به منظور ردیابی مکانهای ژنی کنترل کننده صفات (QTLs) مورفولوژیک ریشه و اندام هوایی، تعداد ۹۶ لاین نسل هشتم تلاقی عنبربو × سپیدرود از تلاقی بین دو رقم سپیدرود و عنبربو در مزرعه تحقیقاتی واقع در شهرستان علی‌آباد در سال زراعی ۱۳۹۰ کشت شدند. صفات مورد بررسی شامل میانگین طول ریشه‌ها، مجموع طول ریشه‌ها، تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتیمتر، تعداد ریشه‌های بین ۶-۷ سانتیمتر، تعداد ریشه‌های بین ۸-۲۰ سانتیمتر، تعداد ریشه‌های بیشتر از ۳۰ سانتیمتر، تعداد کل ریشه، ارتفاع گیاه، وزن تر ریشه، وزن خشک ریشه، حجم ریشه، وزن خوشه‌ها، تعداد خوشه‌ها، وزن کاه، طول خوشه، تعداد دانه پر در خوشه و تعداد خوشه‌چه اولیه در خوشه بودند. نقشه پیوستگی با استفاده از ۱۲۴ نشانگر ریزماهواره و ۲۶۴ نشانگر AFLP در طی سالهای ۱۳۹۰ تا ۱۳۹۲ در آزمایشگاه ژنتیک و اصلاح نباتات دانشگاه گنبد کاووس تشکیل شد که ۱۹۵۰/۴ سانتی‌مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد. در این مطالعه مناطقی از کروموزوم ۱، ۴ و ۶ به ترتیب در فواصل نشانگری E100-M140-7-RM3520، E060-M160-3-RM1359 و RM276-E120-M160-3 شناسایی شد که چندین صفت را در شرایط نرمال تحت کنترل داشتند. نتایج نشان داد که QTLهای کنترل کننده وزن خشک، وزن تر و تعداد ریشه روی کروموزوم ۷ با همدیگر همپوشانی دارند. QTLهای حجم ریشه (qRVN-2a، qRVN-4a و qRVN-4b) و تعداد ریشه (qRNN-4) با توجه بیش از ۲۰ درصد از تنوع فنوتیپی صفات، بزرگ اثر تشخیص داده شدند. از QTLهای بزرگ اثر ردیابی شده در این مطالعه پس از تعیین اعتبار می‌توان در برنامه‌های اصلاحی انتخاب به کمک نشانگر استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: برنج، AFLP، ریزماهواره، مکان‌یابی QTL، انتخاب به کمک نشانگر

* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۱۷۳۳۲۲۸۸۸۳، پست الکترونیکی: Hos.sabouri@gmail.com

مقدمه

آسیا تولید و مصرف می‌شود (۲۸). از آنجایی که فنوتیپ صفات کمی به دلیل کنترل آنها بوسیله چندین ژن و اثر محیط، اطلاعات کافی از ژنوتیپ آنها به دست نمی‌دهد، از این‌رو اصلاح این‌گونه صفات مشکل می‌باشد و بهبود آنها صرفاً با استفاده از روشهای اصلاح نباتات کلاسیک زمان

برنج (*Oryza sativa* L.)، در چرخه غذایی جهان نقش مهمی دارد، بطوری که غذای اصلی بیش از ۵۰ درصد مردم جهان را تأمین می‌کند و تقریباً زنده ماندن سه چهارم فقیرترین مردم دنیا وابسته به برنج است. برنج از گیاهان زراعی مهم در قاره آسیاست و بیش از ۹۰ درصد آن در

کردند و پنج صفت مورفولوژیکی ساختار خوشه را در دو سال مورد تجزیه QTL قرار دادند. در بررسی آنها ۳۸ QTL برای این پنج صفت روی ۱۱ کروموزوم شناسایی شد. همچنین این محققین لاینهای نسبی همزن را برای دو QTL بزرگ اثر (qPBN6 و qSBN1) به ترتیب برای تعداد خوشه‌های اولیه و ثانویه) تشکیل دادند و تجزیه فنوتیپی این لاینها نشان داد این QTLها مستقلاً روی عملکرد خوشه نقش دارند و لاینی که دارای هر دو QTL بود تعداد خوشه‌چه بیشتری تولید نمود. آنها اذعان داشتند اثرات تجمعی QTLهای توزیع شده در سراسر ژنوم اساس ژنتیکی اصلی ساختار خوشه را در برنج تشکیل می‌دهد. صبوری و همکاران (۲) برای بررسی اثر ژنها و تهیه نقشه پیوستگی در جمعیت برنج ایرانی از ۱۹۲ فرد حاصل از تلاقی ارقام غریب و خزر استفاده نمودند. این محققین تجزیه QTL را برای هشت صفت زراعی از جمله زیست توده، تعداد روز تا گلدهی، تعداد خوشه، طول خوشه، ارتفاع بوته، عرض برگ پرچم، طول خروج خوشه از غلاف و وزن دانه در بوته انجام دادند و بیان کردند qHD1b (QTL کنترل کننده روز تا گلدهی) احتمالاً برای دستیابی به ارقام زودرس مؤثر می‌باشد. مک میلان و همکاران (۱۷) با استفاده از ۱۶۸ لاین خالص نوترکیب حاصل از تلاقی ارقام Bala و Auzena اهمیت اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را برای صفات مرتبط با ریشه در برنج را بررسی کردند و نقشه پیوستگی را با استفاده از ۱۰۲ نشانگر RFLP، ۳۲ نشانگر AFLP و ۱۷ نشانگر SSR با طول ۱۹۱۶ سانتی‌مورگان تهیه نمودند. آنها توانستند در مجموع ۱۴۵ QTL روی ۳۷ ناحیه از کروموزومهای برنج شناسایی کنند که از این تعداد فقط پنج QTL با محیط اثر متقابل نشان دادند. همچنین Qu و همکاران (۲۱) مکانهای مرتبط با صفات ریشه (ضخامت، تعداد، بیشترین طول، وزن تر و خشک ریشه) را در ۵ مرحله رشدی مختلف برنج مانند گیاهچه، پنجه‌زنی، گلدهی، پر شدن دانه و رسیدگی تشخیص دادند. همبستگی فنوتیپی در مطالعه آنها نشان داد

بر بوده و همچنین پتانسیل این روشها دیگر جواب‌گوی نیاز کنونی نیست (۱۲). امروزه به‌نژادگران با استفاده از روشهای مولکولی تا حدودی به این مشکل فائق آمده‌اند. پیشرفت سریع در ژنتیک مولکولی به ویژه در زمینه نشانگرهای مولکولی به محققان در فهم اساس ژنتیکی صفات کمی مانند صفات مرتبط با عملکرد و اجزای آن، صفات زراعی و مورفولوژیک و صفات مرتبط با کیفیت دانه و اصلاح واریته‌های برنج با عملکرد و کیفیت دانه برتر کمک شایانی کرده است (۱۱). شناسایی QTLها یا جایگاههای ژنومی کنترل کننده صفات کمی و تعیین پارامترهای ژنتیکی آنها در تعیین عمل ژن، تنظیم و بیان ژن و افزایش اطلاعات در زمینه ژنوم کمک می‌کند و به به-نژادگر این امکان را می‌دهد تا ارزیابی دقیقی از ژنهای کنترل کننده این صفات داشته و روشهای صحیحی را در اصلاح این‌گونه صفات به کار گیرد (۸، ۱۰ و ۱۲). هیتالمانی و همکاران (۱۳) با استفاده از یک جمعیت هاپلوئید مضاعف شامل ۱۲۵ لاین حاصل تلاقی لاینهای IR64 (*Indica*) و Azucena (*Japonica*)، تجزیه QTL ۱۱ صفت مهم را در سه مکان مختلف در هند انجام دادند. در کل ۳۴ QTL برای ۱۱ صفت شامل صفات زراعی و صفات وابسته به عملکرد و اجزای آن شناسایی شد. هفت QTL برای صفت طول خوشه، شش QTL برای ارتفاع گیاه، یک QTL برای عملکرد دانه در بوته و چهار QTL برای وزن هزار دانه شناسایی شد. آنها در بررسی خود نقاطی از ژنوم را شناسایی نمودند که در برگیرنده QTLهایی برای چند صفت مختلف از جمله ارتفاع بوته، طول خروج خوشه از غلاف، تعداد خوشه، طول کل خوشه و عملکرد بیولوژیک بود و پلیوتروپی و یا پیوستگی ژنهای کنترل کننده صفات مختلف را دلیل تجانس این QTLها عنوان نمودند. آندو و همکاران (۸) به منظور فهم اساس ژنتیکی صفات مرتبط با عملکرد از ۳۹ لاین جایگزین با قطعات کروموزومی حاصل از تلاقی بین رقم Sasanishiki (*Japonica*) و Habataki (*Indica*) استفاده

۱۵ بوته کشت شده به طور تصادفی انتخاب شد و با استفاده از بیل اطراف هر بوته به شعاع ۲۵ سانتیمتر مشخص شد و با عمق ۵۰ سانتیمتر بوته‌ها از خاک خارج شدند. پس از خارج سازی بوته‌ها از خاک با استفاده از روش شوولومیکس (Shovelomics) (۲۵) ابتدا بوته به مدت ۷ روز در آب غوطه‌ور گردید سپس تحت فشار آب، خاکهای اطراف ریشه‌ها خارج و سپس بوته‌ها به آزمایشگاه منتقل شد و کاملاً بخش ریشه و بخش اندام هوایی از هم جدا شد. برای ثبت خصوصیات ریشه، تک تک ریشه‌های گیاه جدا شد و نظر به نقش طول و عمر ریشه در میزان جذب آب توسط ریشه در برنج (۲۹)، تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتیمتر، تعداد ریشه بین ۷-۶ سانتیمتر، تعداد ریشه بین ۲۰-۸ سانتیمتر، تعداد ریشه‌های بین ۳۰-۲۱ سانتیمتر و تعداد ریشه‌های بیشتر از ۳۰ سانتیمتر جدا و طول آنها اندازه‌گیری شد. حجم ریشه‌ها از غوطه‌ور کردن ریشه‌ها در استوانه مدرج ۱۰۰۰ میلی‌لیتر اندازه‌گیری شد. وزن خشک ریشه‌ها پس از قرار دادن در آون به مدت ۴۸ ساعت اندازه‌گیری شد. با استفاده از اندامهای هوایی صفات مرتبط مانند تعداد خوشه، ارتفاع گیاه، وزن ساقه، وزن کاه، طول خوشه، تعداد دانه پر، وزن دانه‌های پر و تعداد خوشه‌چه ثبت گردیدند (شکل ۱).

مواد گیاهی: در این بررسی از تعداد ۹۶ لاین خالص نوترکیب نسل هشتم برنج حاصل از تلاقی ارقام عنبربو و سپیدرود استفاده شد. در این جمعیت همچنین واکنش لاینهای مذکور نسبت به اثرات اسمتیک ناشی از مانیتول، سوربیتول و ساکارز در مرحله جوانه‌زنی در مطالعات گذشته بررسی شده است و مکانهای ژنی مرتبط با صفات تأثیر گذار در جوانه‌زنی برنج ردیابی شده است (۲، ۵ و ۶). عنبربو در شرایط تنش خشکی دارای میانگین طول ریشه، تعداد ریشه، ارتفاع، طول خوشه، تعداد دانه پر و تعداد خوشه‌چه اولیه بیشتر و وزن کاه، وزن ریشه، حجم ریشه، وزن خوشه، تعداد خوشه کمتر می‌باشد (۳، ۴ و ۵). این لاینهای در حال تفکیک در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه

که ضخامت ریشه در اکثر مراحل رشدی با بیشترین طول ریشه همبستگی مثبت داشته و با تعداد ریشه ارتباطی نداشته است. یوگا و همکاران (۲۶) برای مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده عمیق‌ترین ریشه (*Dro I*) از ۱۱۷ لاین خالص نوترکیب حاصل از تلاقی ارقام IR64 (رقم با ریشه‌های عمیق) و Kinandang Patong (رقم با ریشه‌های بلند) استفاده نمودند. QTL کنترل‌کننده ریشه‌های عمیق روی کروموزوم ۹ شناسایی شد که ۶۶/۶ درصد از واریانس فنوتیپی کل را توجیه کرد. علاوه بر این آنها نقشه‌یابی ظریف این QTL را با استفاده از هشت لاین نوترکیب BC₂F₃ انجام دادند که نشان داد QTL موردنظر در فاصله نشانگرهای RM24393 و RM7424 قرار داشت. نظر به اینکه امروزه از اطلاعات مربوط به مکان‌یابی QTL در بسیاری از تحقیقات، انتخاب به کمک نشانگر و تلاقی برگشتی به کمک نشانگر استفاده کاربردی شده است ولی به دلیل حجم و سختی کار در سطح مزرعه مطالعات اندکی در زمینه خصوصیات ریشه صورت گرفته است. این پژوهش به منظور تعیین مکانهای ژنی کنترل‌کننده این صفات و نشانگرهای مولکولی پیوسته با آنها در برنجهای بومی ایران طراحی شد و امید می‌رود بتوان از نتایج این تحقیق در برنامه‌های به‌نژادی آینده مثل روش انتخاب به کمک نشانگر در جمعیت‌های بومی ایران استفاده نمود.

مواد و روشها

به منظور ردیابی مکانهای ژنی کنترل‌کننده صفات (QTLs) مورفولوژیک ریشه و اندام هوایی، تعداد ۹۶ لاین نسل هشتم تلاقی عنبربو × سپیدرود از تلاقی بین دو رقم سپیدرود و عنبربو در مزرعه تحقیقاتی واقع در شهرستان علی‌آباد با عرض جغرافیایی ۳۷ درجه، ۸ دقیقه و ۲۱ ثانیه و طول جغرافیایی ۵۵ درجه، ۱ دقیقه و ۸ ثانیه در سال زراعی ۱۳۹۰ کشت شدند. از هر لاین ۱۵ بوته با فاصله ۳۰ سانتی متر روی ردیف و فاصله ۴۰ سانتی متر بین ردیف کشت شدند. به منظور ثبت داده‌های فنوتیپی، ۱۰ بوته از

CTAB (۲۳) در آزمایشگاه ژنتیک دانشگاه گنبد کاووس انجام شد.

گنبد کاووس تا نسل F₈ به روش بالک تک بذری در طی هشت سال توسعه یافتند. پس از تهیه نمونه‌های برگ، استخراج DNA از برگ بوته‌های نسل هشتم و به روش



الف: خزانه کشت

ب: لاین‌ها در مرحله گیاهچه

ب: لاین‌ها در مرحله رویش

ت: کندن بوته‌ها از مزرعه

ث: گذاشتن بوته‌ها در ظرف‌های آب

ج: تمیز کردن ریشه‌ها پس از ۲ روز گذاشتن در آب

ج: شستن گل‌های ریشه‌ها زیر فشار آب

ح: تنوع ژنتیکی لاین‌های مورد مطالعه برای اندام‌های هوایی و ریشه

خ: جدا کردن بخش ریشه و ساقه

د: اندازه‌گیری حجم ریشه

ذ: ثبت صفات مربوط به ریشه

ز: ثبت صفات مربوط به اندام هوایی

شکل ۱- مراحل ثبت داده‌های فنوتیپی

پلی‌اکریل‌آمید ۶ درصد به منظور تعیین ژنوتیپ افراد الکتروفورز شدند.

اجرای مراحل AFLP: آزمایشات AFLP بر اساس روش وس و همکاران (۲۷) انجام شد. پس از هضم DNA ژنومی با استفاده از آنزیمهای محدودگر *EcoRI* و *MseI* و اتصال سازگارسازها، در مرحله پیش تکثیر از آغازگرهای *EcoRI* و *MseI* دارای یک نوکلئوتید انتخابی در انتهای ۳، $5\text{-GATGAGTCCTGAGTAAA-3}$ و $5\text{-GACTGCGTACCAATTCA-3}$ استفاده گردید. اجزای واکنش برای تکثیر DNA و برنامه دمایی در مرحله پیش تکثیر در جدول ۲ و شکل ۲ آمده است.

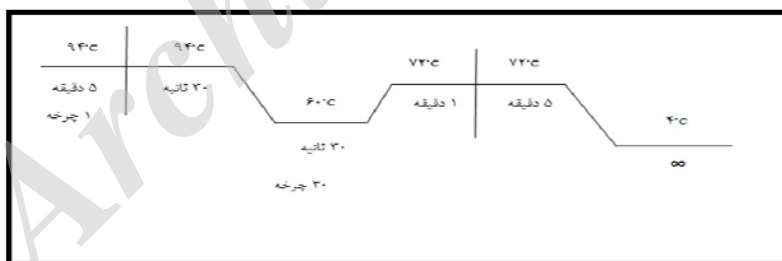
نشانگرهای ریزماهوره: نشانگرهای SSR از نقشه‌های ژنتیکی پایه چن و همکاران (۱۰)، تمنیخ و همکاران (۲۴) مک کوچ و همکاران (۱۸) بطور تصادفی بر روی ژنوم انتخاب شدند. اطلاعات مربوط به پرایمرها در پایگاه اطلاعاتی Gramene (<http://gramene.org>) موجود است. از مجموع نشانگر ۳۶۵ SSR که بر روی والدین آزمایش شدند، ۱۳۶ نشانگر چندشکلی تشخیص داده شدند و در مرحله بعد نمونه‌های DNA لاینهای نوترکیب با استفاده از ۱۲۴ آغازگر چندشکل که نواربندی واضح‌تری داشتند، تکثیر شدند (جدول ۱) و فرآورده‌های حاصل روی ژل

جدول ۱- مقادیر بهینه شده مواد در واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)

ماده	غلظت	واکنش (میکرولیتر)	واکنش (میکرولیتر)
کلرید منیزیم	۱۵ میلی مول	۱۵۶/۷	۱/۶
بافر PCR	۱۰ برابر (۱۰X)	۹۸	۱/۰
مخلوط دی اکسی نوکلئوتید تری فسفات‌ها [dNTPs]	۱ میلی مول	۱۱۷	۱/۲
آغازگر همسو	۱۰ میکرومول (۶۰ نانوگرم در میکرولیتر)	۳۹/۲	۰/۴
آغازگر معکوس	۱۰ میکرومول (۶۰ نانوگرم در میکرولیتر)	۳۹/۲	۰/۴
آنزیم Taq پلیمرز	۱ واحد	۱۹/۶	۰/۲
DNA الگو	۱۰ نانوگرم در میکرولیتر	۲	۲/۰
آب دوبار تقطیر استریل	-	۳۱۳/۸	۳/۲۰
حجم کل واکنش	-	-	۱۰

جدول ۲- اجزای واکنش برای تکثیر DNA در مرحله پیش تکثیر

اجزاء	برای یک واکنش (میکرولیتر)	غلظت نهایی
DNA رقیق شده	۳	—
بافر PCR (10X)	۲/۵	یک برابر
MgCl ₂ (۱۰۰ میلی مولار)	۰/۵	۲ میلی مولار
آغازگر <i>MseI</i> با یک نوکلئوتید انتخابی	۱	۶۰ نانوگرم
آغازگر <i>EcoRI</i> با یک نوکلئوتید انتخابی	۱	۶۰ نانوگرم
dNTPs (۲ میلی مولار)	۲/۵	۰/۲ میلی مولار
Taq DNA Pol. (۵ واحد در میکرولیتر)	۰/۲	یک واحد
آب دو بار تقطیر	۱۴/۳	—
جمع	۲۵	—



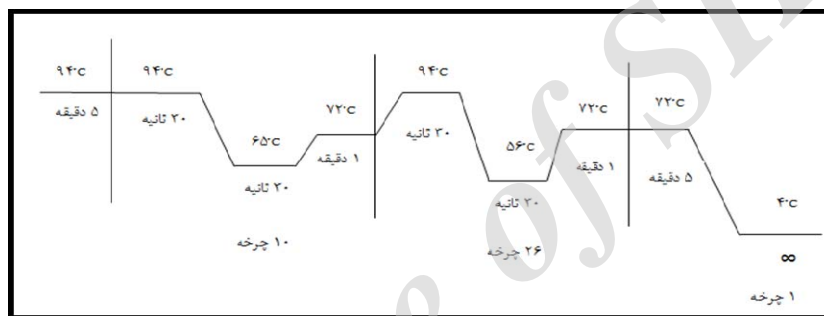
شکل ۲- برنامه دمایی برای مرحله پیش تکثیر

در این مرحله در جدول ۳ و شکل ۳ آمده است. ترکیبات آغازگری استفاده شده در تجزیه AFLP را نشان می‌دهد (جدول ۴). فراورده‌های واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با استفاده از الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌امید واسرشته‌ساز شش درصد تفکیک و با روش نیترات نقره رنگ آمیزی شدند (شکل ۴).

محصولات حاصل از تکثیر پیش انتخابی به نسبت ۱۰:۱ رقیق شده و با ۲۱ ترکیب (از ۳۵ ترکیب آغازگری) دارای ۲ نوکلئوتید انتخابی دیگر در انتهای ۳' (علاوه بر یک نوکلئوتید در پیش تکثیر) تحت چرخه حرارتی Touch down شامل سه مرحله دمایی مختلف تکثیر شدند (شکل ۳). اجزای واکنش برای تکثیر DNA و برنامه دمایی

جدول ۳- اجزای واکنش برای تکثیر DNA در مرحله پیش تکثیر

اجزاء	برای یک واکنش (میکرولیتر)	غلظت نهایی
DNA رقیق شده تکثیر مقدماتی	۲	—
بافر PCR (10X)	۱/۵	یک برابر
MgCl ₂ (۱۰۰ میلی مولار)	۰/۶	۲ میلی مولار
آغازگر <i>MseI</i>	۱	۶۰ نانوگرم
آغازگر <i>EcoRI</i>	۱	۶۰ نانوگرم
dNTPs (۲ میلی مولار)	۱/۵	۰/۲ میلی مولار
Taq پلی مراز (۵ واحد در میکرولیتر)	۰/۲	یک واحد
آب دو بار تقطیر	۷/۲	—
جمع	۱۵	



شکل ۳- برنامه دمایی برای مرحله تکثیر انتخابی.



الف



ب

شکل ۴- نمونه‌ای از زل‌های حاصل از ترکیب آغازگری E080-M150 برای تعیین ژنوتیپ افراد ۱ تا ۴۸ (الف) و نشانگر RM128 برای تعیین ژنوتیپ افراد ۱ تا ۹۶ (ب)

جدول ۴- ترکیبات آغازگری استفاده شده در تجزیه AFLP

آغازگرهای <i>EcoRI</i>		آغازگرهای <i>MseI</i>	
نام	توالی DNA	نام	توالی DNA
E060	GACTGCGTACCAATTCAAG	M140	GATGAGTCCTGAGTAAAAC
E070	GACTGCGTACCAATTCAAT	M150	GATGAGTCCTGAGTAAAGA
E080	GACTGCGTACCAATTCACG	M160	GATGAGTCCTGAGTAAAGT
E090	GACTGCGTACCAATTCACT		
E100	GACTGCGTACCAATTCAGT		
E110	GACTGCGTACCAATTCATC		
E120	GACTGCGTACCAATTCATT		

حاصل از تلاقی عنبربو × سپیدرود ۱۹۵۰/۴ سانتی‌مورگان از ژنوم برنج را پوشش داد که متوسط فاصله بین نشانگرها ۵/۲۰ سانتی‌مورگان به دست آمد (جدول ۲). هر ۱۲ کروموزوم برنج واجد QTL بودند (شکل ۴ و ۵).

در مجموع تعداد ۵۴ ناحیه ژنومی حامل QTL برای ۱۸ صفت مورد مطالعه شناسایی گردید (جدول ۵). از این تعداد یک QTL برای تعداد ریشه، ۱۱ QTL برای میانگین طول ریشه‌ها، یک QTL برای مجموع طول ریشه‌ها، یک QTL برای تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتیمتر، دو QTL

گروه‌های پیوستگی اولیه با استفاده از نرم افزار Map Manager QTbX17 (۱۹) با استفاده از تابع کوزامبی (۱۴) ایجاد شدند. پارامترهای ژنتیکی مرتبط با هر کدام از QTL‌های ردیابی شده با استفاده از نرم افزار Composite Interval Mapping v 2.5 (۹) و با روش Mapping (۳۱ و ۳۲) تخمین زده شدند.

نتایج و بحث

نقشه پیوستگی به دست آمده از ۲۶۴ نوار چندشکل AFLP، ۱۲۴ نشانگر SSR و ۹۶ فرد نسل F₈ جمعیت

QTL‌های شناسایی شده برای تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتیمتر روی کروموزوم ۴ در حد فاصل نشانگری E110-11-M150-E080-11-M150 قرار داشت. آلل‌های سپیدرود باعث افزایش تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتیمتر به میزان ۱۰/۸۱ سانتیمتر شدند.

برای تعداد ریشه‌های بین ۶-۷ سانتیمتر، دو QTL شناسایی شد که بر روی کروموزومهای ۳ و ۸ قرار داشتند. اثر افزایشی این QTL‌ها به ترتیب ۷/۰۶ و ۱۳/۶۲ سانتیمتر بود که در دو QTL آلل سپیدرود باعث افزایش تعداد ریشه‌های بین ۶-۷ سانتیمتر شد.

تنها یک QTL برای تعداد ریشه‌های بین ۸-۲۰ سانتیمتر مکان‌یابی شد که بر روی کروموزوم ۲ و بین نشانگرهای E070-M150-13-RM262 قرار داشت. اثر افزایشی آن ۹/۶۴ و LOD آن برابر با ۲/۰۳۶ بود. در این QTL آللهای والد سپیدرود باعث افزایش مقدار صفت مذکور شدند. این QTL فقط ۹/۳ درصد از تنوع فنوتیپی صفت تعداد ریشه‌های بین ۸-۲۰ سانتیمتر را توجیه نمود.

برای تعداد ریشه‌های بیشتر از ۳۰ سانتیمتر سه QTL روی کروموزومهای ۲، ۳ و ۹ با اثر افزایشی آلل سپیدرود ردیابی شد. این مکانهای ژنی کمی به ترتیب ۱۰/۲، ۱۲/۶ و ۱۵ درصد از تغییرات فنوتیپی تعداد ریشه‌های بیشتر ۳۰ سانتیمتر را توجیه نمودند (جدول ۲).

QTL‌های مکان‌یابی شده برای تعداد ریشه بر روی کروموزومهای ۲، ۴، ۶ و ۹ قرار داشتند که همه این QTL‌های شناسایی شده اثر نسبتاً بزرگی بر روی تعداد ریشه داشتند. به غیر از qRNN-9 در سایر QTL‌ها آللهای عنبربو تعداد ریشه را کاهش دادند.

برای وزن تر ریشه، دو QTL بر روی کروموزومهای ۶ و ۹ مکان‌یابی شد. QTL‌های مکان‌یابی شده به ترتیب عبارت بودند از: qRWB-6 که روی کروموزوم ۶ در فاصله نشانگری E120-M160-9-RM276 مکان‌یابی گردید و با

برای تعداد ریشه‌های بین ۶-۷ سانتیمتر، یک QTL برای تعداد ریشه‌های بین ۸-۲۰ سانتیمتر، سه QTL برای تعداد ریشه‌های بیشتر از ۳۰ سانتیمتر، چهار QTL برای ارتفاع گیاه، دو QTL برای وزن تر ریشه، دو QTL برای وزن خشک ریشه، هفت QTL برای حجم ریشه، چهار QTL برای تعداد ریشه، یک QTL برای وزن خوشه، ۸ QTL برای تعداد خوشه، دو QTL برای وزن کاه، یک QTL برای طول خوشه، دو QTL برای تعداد دانه پر در خوشه و دو QTL برای تعداد خوشه‌چه اولیه در خوشه شناسایی شدند.

یازده QTL برای میانگین طول ریشه‌ها شناسایی شد که این QTL‌ها بر روی همه کروموزومها به غیر از کروموزوم ۱۰ قرار داشتند. از بین QTL‌های شناسایی شده دو QTL بزرگ اثر تشخیص داده شد. qRMN-4 با $LOD=3/914$ که در فاصله نشانگری E060-M160-3-RM1359 قرار داشت ۱۷/۱ درصد از واریانس فنوتیپی صفت مذکور را توجیه نمود. همچنین qRMN-6 که در مجاورت نشانگر RM276 قرار داشت با $LOD=4/304$ ، ۱۸/۷ درصد از واریانس فنوتیپی میانگین طول ریشه‌ها را توجیه کرد. اثر افزایشی هر QTL منفرد ۹/۶۲ تا ۲۱/۵۵ متغیر بود و در QTL‌های شناسایی شده آلل سپیدرود به طور متوسط ۱۵/۱۰ سانتیمتر میانگین طول ریشه‌ها را افزایش دادند. مک میلان و همکاران (۱۷) برای بیشترین طول ریشه دو QTL روی کروموزوم ۱ و روی کروموزومهای ۲، ۳، ۷ و ۹ نیز یک QTL در شرایط نرمال شناسایی کردند.

برای مجموع طول ریشه‌ها یک QTL روی کروموزوم ۲ و در جهت افزایش آن به اندازه ۱۶/۵۵ سانتیمتر ردیابی شد. این QTL به تنهایی توانست ۱۵ درصد از تغییرات فنوتیپی را توجیه نماید. ونگ و همکاران (۲۸) در مطالعه‌ای که برای مکان‌یابی QTL‌های مرتبط با طول ریشه برنج در شرایط نرمال با کشت هیدروپونیک داشتند، یک QTL برای طول ریشه روی کروموزوم هفت شناسایی کردند.

qPHN-1 آلل عنبربو به اندازه ۱۴/۲۲ سانتیمتر ارتفاع گیاه را افزایش داد. مشابه QTL ردیابی شده در این مطالعه که روی کروموزوم ۶ در فاصله نشانگرهای-RM7434 RM5371 قرار داشت در مطالعه صبوری و همکاران (۲) نیز شناسایی شد که در فاصله نشانگرهای RM5371 و RM5814 واقع بود. تنها QTL شناسایی شده برای وزن خوشه‌ها روی کروموزوم ۵ در فاصله نشانگری قرار داشت. این QTL ۱۱/۵ درصد از تنوع فنوتیپی وزن خوشه‌ها را توجیه کرد.

QTL‌های برای تعداد خوشه‌ها روی کروموزوم‌های ۱، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹ و ۱۲ قرار داشتند. در QTL‌های qEN-12، qEN-5 و qEN-8 آلل سپیدرود باعث افزایش تعداد خوشه‌ها شد. در حالی که در خصوص سایر QTL‌های ردیابی شده آللهای عنبربو باعث کاهش تعداد خوشه‌ها شدند. صبوری و همکاران (۲) برای تعداد خوشه پنچ QTL روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۷ و ۱۱ شناسایی کردند. QTL ردیابی شده برای تعداد خوشه روی کروموزوم ۱ در این مطالعه از نظر موقعیت مکانی با QTL ردیابی شده در مطالعه آنها مطابقت داشت.

برای وزن کاه دو QTL بر روی کروموزوم‌های ۳ و ۶ ردیابی شد در هر دو QTL آللهای کاهش دهنده صفت از والد عنبربو منتقل شدند.

یک QTL برای طول خوشه شناسایی شد که روی کروموزوم ۱ در فاصله نشانگری -E100-M140-7 RM3520 قرار داشت و آللهای سپیدرود باعث کاهش طول خوشه شدند. صبوری و همکاران (۲) نیز یک QTL روی کروموزوم ۱ در فاصله نشانگری RM8115-RM466 برای طول خوشه شناسایی کردند. می و همکاران (۲۰) برای صفت طول خوشه سه QTL به نامهای qPL-2، qPL-8 و qPL-10 به ترتیب با میزان توجیه تغییرات فنوتیپی ۸/۵، ۱۱/۲ و ۱۵/۶ درصد روی کروموزوم‌های ۲، ۸ و ۱۰ مکان‌یابی نمودند.

LOD برابر با ۲/۱۴۲ مقدار ۹/۸ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه کرد. qRWB-9 روی کروموزوم ۹ در فاصله نشانگری E120-M140-9-E090-M150-2 شناسایی شد و با LOD برابر با ۲/۲۵۷، ۱۰/۳ درصد از واریانس فنوتیپی صفت را توجیه کرد. کیو و همکاران (۲۱) ۱۱ QTL برای وزن تر ریشه با اثر افزایشی روی کروموزوم-های ۱، ۲ (سه مورد)، ۳ (دو مورد)، ۶، ۷، ۸ و ۹ برنج شناسایی کردند.

برای وزن خشک ریشه، دو QTL بر روی کروموزوم‌های ۲ و ۹ شناسایی شد که در آنها آلل سپیدرود باعث افزایش وزن خشک ریشه شد. این QTL‌ها به ترتیب ۱۰/۲ و ۱۱/۹ درصد از تنوع صفت مذکور را توجیه نمودند. ونگ و همکاران (۲۸) یک QTL بر روی کروموزوم هفت در فاصله نشانگری RM3859-RM5436 برای وزن خشک ریشه شناسایی کردند.

هفت QTL کنترل‌کننده حجم ریشه بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲ (دو مورد)، ۳، ۴ (دو مورد) و ۹ قرار داشتند. QTL‌های qRVN-2a، qRVN-4a و qRVN-4b به ترتیب با LOD برابر با ۵/۱۵۱، ۵/۹۵۶ و ۶/۰۳۳ اثر نسبتاً بزرگی بر روی حجم ریشه داشتند و به ترتیب ۲۱/۹، ۲۴/۹ و ۲۵/۱ درصد از تنوع فنوتیپی را تبیین نمودند. در QTL‌های qRVN-1، qRVN-3 و qRVN-9 آللهای عنبربو باعث کاهش حجم ریشه شدند. در حالی که در سایر QTL‌ها آللهای سپیدرود حجم ریشه را افزایش دادند. یو و همکاران (۳۰) با استفاده از جمعیت لاینهای خالص نوترکیب حاصل از تلاقی ارقام Zhenshan 97 و IRAT109، برای صفت حجم ریشه در شرایط نرمال QTL‌هایی روی کروموزوم‌های ۱، ۳، ۴ و ۶ شناسایی کردند.

چهار QTL ردیابی شده برای ارتفاع گیاه بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۴ و ۶ قرار داشتند. در تمام این QTL‌ها آللهای عنبربو باعث افزایش ارتفاع گیاه شد. در

جدول ۵- نشانگرهای مجاور، LOD، موقعیت QTL، فاصله QTL به نزدیکترین نشانگر، اثر افزایشی، ضریب تبیین و جهت آلل برای

QTL‌های کنترل‌کننده صفات مربوط به خصوصیات ریشه و اندام‌های هوایی

صفت	QTL	نشانگرهای مجاور*	کروموزوم	LOD	موقعیت(سانتی‌مورگان)	فاصله QTL نزدیکترین نشانگر(سانتی‌مورگان)	اثر افزایشی	ضریب تبیین	جهت آلل
میانگین طول ریشه‌ها	<i>qRMN-1</i>	RM128-E070-M160-6	۱	۳/۸۴	۱۲۲	۳	۱۹/۰۱۳	۱۶/۸	سیلدرد
	<i>qRMN-11</i>	E060-M150-6-E070-M160-1	۱۱	۳/۲۲۲	۷۴	۰/۱	۱۵/۸۱۶	۱۴/۴	سیلدرد
	<i>qRMN-12</i>	E090-M140-3-E090-M140-9	۱۲	۲/۳۸	۹۴	۱۸	۱۱/۳۶۷	۱۰/۸	سیلدرد
	<i>qRMN-2</i>	E110-M160-6-E070-M160-11	۲	۳/۶۰۶	۵۰	۰/۵	۱۷/۷۵	۱۵/۹	سیلدرد
	<i>qRMN-3</i>	E090-M140-1-E110-M160-2	۳	۲/۳۴۴	۱۹۲	۴/۸	۱۱/۱۸۹	۱۰/۶	سیلدرد
	<i>qRMN-4</i>	E060-M160-3-RM1359	۴	۳/۹۱۴	۲۴	۰/۹	۱۹/۴۱۷	۱۷/۱	سیلدرد
	<i>qRMN-5</i>	E090-M140-5-E090-M160-6	۵	۲/۶۳	۱۸	۰/۸	۱۲/۶۴	۱۱/۹	سیلدرد
	<i>qRMN-6</i>	RM276-E120-M160-3	۶	۲/۳۰۴	۲۲	۰/۲	۲۱/۵۵۵	۱۸/۷	سیلدرد
	<i>qRMN-7</i>	RM420-RM5720	۷	۳/۳۷۹	۷۰	۲/۴	۱۱/۳۲۲	۱۰/۸	سیلدرد
	<i>qRMN-8</i>	E100-M140-5-RM515	۸	۲/۳۵۸	۹۲	۰/۶	۱۶/۴۲۹	۱۴/۹	سیلدرد
	<i>qRMN-9</i>	E070-M150-11-E090-M150-12	۹	۲/۰۳۱	۲۲	۰/۳	۹/۶۲	۹/۳	سیلدرد
مجموع طول ریشه‌ها	<i>qRLN-2</i>	RM262-E080-M150-2	۲	۳/۳۸۲	۱۳۶	۱۵	۱۶/۵۵۵	۱۵	سیلدرد
تعداد ریشه‌های کمتر از ۵ سانتی‌متر	<i>qRNN-4</i>	E110-M150-11-E080-M150-11	۴	۲/۲۷	۷۶	۱/۳	۱۰/۸۱۲	۱۰/۳	سیلدرد
تعداد ریشه‌های بین ۶ تا ۷ سانتی‌متر	<i>qRNN-3</i>	E120-M150-2-E090-M160-3	۳	۳/۴۷۷	۲۶	۰/۴	۱۷/۰۶۱	۱۵/۴	سیلدرد
تعداد ریشه‌های بین ۸ تا ۹ سانتی‌متر	<i>qRNN-8</i>	E120-M150-11-E110-M160-11	۸	۳/۸۱۱	۷۰	۱/۶	۱۳/۶۳۲	۱۲/۷	سیلدرد
تعداد ریشه‌های بیشتر از ۸ تا ۱۰ سانتی‌متر	<i>qRNN-2</i>	E070-M150-13-RM262	۲	۲/۰۳۶	۱۳۶	۵	۹/۶۴۳	۹/۳	سیلدرد
تعداد ریشه‌های بیشتر از ۱۰ تا ۱۲ سانتی‌متر	<i>qRNN-2</i>	E070-M140-1-E070-M150-13	۲	۲/۲۴۱	۱۲۰	۱	۱۰/۶۶۹	۱۰/۲	سیلدرد
	<i>qRNN-3</i>	E090-M140-1-E110-M160-2	۳	۲/۸۰۶	۱۹۶	۰/۸	۱۳/۵۴۴	۱۲/۶	سیلدرد
	<i>qRNN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۳/۳۸۲	۱۰۲	۱۸/۱	۱۶/۵۵۶	۱۵	سیلدرد
تعداد ریشه	<i>qRNN-2</i>	E070-M140-1-E070-M150-13	۲	۲/۵۱۹	۱۰۸	۱۳	۲۶/۰۴۵	۱۹/۵	عنبربو
	<i>qRNN-4</i>	E060-M160-3-RM1359	۴	۲/۹۱۱	۲۲	۲/۹	-۳۸/۱۳۸	۲۱	عنبربو
	<i>qRNN-6</i>	RM276-E120-M160-3	۶	۲/۰۲۹	۲۴	۲/۲	-۳۳/۹۸۹	۱۷/۷	عنبربو
	<i>qRNN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۲/۵۸۴	۱۰۰	۱۹/۹	۲۵/۸۲۱۶	۱۹/۷	عنبربو
ارتفاع گیاه	<i>qPHN-1</i>	E100-M140-7-RM3520	۱	۲/۹۳۸	۱۰۴	۵	۱۴/۲۲۶	۱۳/۱	عنبربو
	<i>qPHN-2</i>	RM6843-E070-M150-10	۲	۲/۰۶۹	۱۶۸	۲	۹/۸۱	۹/۵	عنبربو
	<i>qPHN-4</i>	E060-M160-3-RM1359	۴	۲/۰۶۸	۱۸	۶/۸	۹/۸۰۱	۹/۴	عنبربو
	<i>qPHN-6</i>	RM7434-RM5371	۶	۲/۶۲۱	۷۰	۱۰	۱۲/۵۹۱	۱۱/۸	عنبربو
وزن ریشه تر	<i>qRWBN-6</i>	E120-M160-9-RM276	۶	۲/۱۲۲	۴۰	۱/۸	۱۰/۱۷۳	۹/۸	سیلدرد
	<i>qRWBN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۲/۲۵۷	۱۰۰	۱۹/۹	۱۰/۷۵۱	۱۰/۳	سیلدرد
وزن ریشه خشک	<i>qRWAN-2</i>	RM221-RM258	۲	۲/۳۴۴	۲۵۸	۲	۱۰/۶۳۱	۱۰/۲	سیلدرد
	<i>qRWAN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۲/۶۳۱	۱۰۰	۱۹/۹	۱۲/۶۴۳	۱۱/۹	سیلدرد
حجم ریشه	<i>qRVN-1</i>	E100-M140-7-RM3520	۱	۳/۳۸۶	۱۰۴	۵	-۱۹۶/۰۰۲	۱۵	عنبربو
	<i>qRVN-2a</i>	E070-M140-1-E070-M150-13	۲	۵/۱۵۱	۱۰۶	۱۵	۲۲۶/۶۳۳	۲۱/۹	سیلدرد
	<i>qRVN-2b</i>	E070-M140-1-E070-M150-13	۲	۲/۱۷۵	۱۱۴	۷	۱۱۸/۵۹۶	۹/۹	سیلدرد
	<i>qRVN-3</i>	E110-M160-2-E110-M150-6	۳	۲/۳۹۸	۱۹۸	۱/۲	-۲۶۸/۶۸۷	۱۰/۹	عنبربو
	<i>qRVN-4a</i>	E060-M160-3-RM1359	۴	۵/۹۵۶	۱۶	۸/۹	۴۸۲/۳۱۶	۲۴/۹	سیلدرد
	<i>qRVN-4b</i>	RM1359-E070-M150-4	۴	۶/۰۳۳	۲۶	۰/۷	۳۶۳/۴۶۶	۲۵/۱	سیلدرد
	<i>qRVN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۲/۵۵۱	۱۰۶	۱۴/۱	-۳۳۱/۰۱۶	۱۱/۵	عنبربو
وزن خوشه‌ها	<i>qEW-5</i>	E090-M140-5-E090-M160-6	۵	۲/۵۳۵	۱۸	۱۸	۱۱۵/۱۷۸	۱۱/۵	عنبربو
تعداد خوشه‌ها	<i>qEN-1</i>	E060-M150-8-E060-M160-11	۱	۲/۸۶	۲۲۸	۲/۱	-۱۳۸/۳۶۹	۱۲/۴	عنبربو
	<i>qEN-12</i>	E080-M150-9-E080-M160-5	۱۲	۲/۸۲۳	۶۲	۱/۲	۱۳۳/۸	۱۲/۷	سیلدرد
	<i>qEN-4</i>	E060-M160-3-RM1359	۴	۲/۸۵	۱۴	۱۰/۹	-۲۵/۳۰۷	۱۲/۸	عنبربو
	<i>qEN-5</i>	E080-M150-10-E120-M150-8	۵	۲/۵۷۷	۲۴	۰/۱	۱۲/۴۹۳	۱۱/۶	سیلدرد
	<i>qEN-6</i>	RM276-E120-M160-3	۶	۲/۲۷۴	۲۲	۰/۲	-۵/۶۸۸	۱۰/۳	عنبربو
	<i>qEN-7</i>	RM420-RM5720	۷	۳/۰۲۹	۶۸	۴/۴	-۷/۱۱۹	۱۳/۵	عنبربو
	<i>qEN-8</i>	E060-M150-7-E080-M160-4	۸	۲/۰۴۱	۲۶	۳/۶	۶/۸۰۳	۹/۳	سیلدرد
	<i>qEN-9</i>	E120-M140-9-E090-M140-14	۹	۲/۰۲۹	۸۶	۵/۹	-۱۹/۶۶۱	۹/۳	عنبربو
وزن کاه	<i>qCW-3</i>	E120-M150-2-E090-M160-3	۳	۲/۴۳۳	۲۸	۰/۵	-۲۵/۷۶۹	۱۱/۱	عنبربو
	<i>qCW-6</i>	RM5088-E090-M160-11	۶	۲/۱۵۸	۸	۰/۳	-۲۲۶/۸۹۹	۹/۸	عنبربو
طول خوشه	<i>qEL-1</i>	RM128-E070-M160-6	۱	۲/۳۹۷	۱۲۲	۳/۱	-۱/۶۷	۱۰/۹	سیلدرد
تعداد دانه پر در خوشه	<i>qSFN-1</i>	E100-M140-7-RM3520	۱	۲/۱۲۱	۱۰۶	۶/۷	-۲۰/۷۶	۱۰/۲	سیلدرد
	<i>qSFN-10</i>	E060-M160-4-E060-M160-5	۱۰	۲/۳۵۵	۱۰۸	۳/۵	-۳۹/۹۸۶	۱۰/۷	سیلدرد
تعداد خوشه‌ها به اولیه خوشه	<i>qPPN-6</i>	RM5088-E090-M160-11	۶	۲/۵۰۸	۸	۰/۳	-۱۸/۵۵۵	۱۱/۳	سیلدرد
	<i>qPPN-7</i>	E120-M150-4-E120-M140-4	۷	۲/۸۷۷	۶	۰/۲	۲/۰۶۹	۱۲/۵	عنبربو

*: نشانگرهایی که زیرشان خط کشیده شده به QTL مربوطه نزدیکتر هستند.

نشانه‌گرهای مولکولی انجام شد. بررسی صفات مورد مطالعه دلیل بر وجود اثرات پلیوتروپی یا همبستگی بین ژنهای کنترل کننده بود. QTLهای مربوط به حجم ریشه، تعداد دانه پر در خوشه و ارتفاع گیاه روی کروموزوم ۱، QTLهای مربوط به میانگین طول ریشه، ارتفاع گیاه، حجم ریشه، تعداد ریشه و تعداد خوشه روی کروموزوم ۴ و QTLهای مرتبط با طول ریشه، تعداد ریشه و تعداد خوشه روی کروموزوم ۶ این اثرات را مورد تأیید قرار داد که از این نواحی می‌توان در انتقال ژن یا در هرمی کردن ژنها برای اصلاح لاینهای مطلوب مورد استفاده قرار گیرد. QTLهای $qRVN-2a$ ، $qRVN-4a$ ، $qRVN-4b$ و $qRNN-4$ بزرگ اثر بوده و به ترتیب با تبیین ۲۱/۹، ۲۴/۹، ۱/۲۵ و ۲۱ درصد از تنوع فنوتیپی اثر بزرگی روی توجیه صفات مرتبط داشتند. بنابراین می‌توان از نشانه‌گرهای مرتبط با در برنامه‌های به‌نژادی و از طریق گزینش به کمک نشانگر مورد استفاده قرار گیرند.

سپاسگزاری

پژوهش حاضر مستخرج از نتایج حاصل از طرح تحقیقاتی شماره ۶/۵۸۱ مصوب تاریخ ۹۰/۱۲/۱ دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشکده گنبد کاووس می‌باشد. بدین وسیله مراتب قدردانی خود را از مسئولین دانشگاه جهت در اختیار گذاشتن منابع مالی اعلام نموده و از کمکهای فراوان سرکار خانم مهندس مهناز کاتوزی، ملیحه قزلسفلو، ماهر پیراسته، آقای احمدرضا دادرسی و جعفر گیلگی تشکر و قدردانی می‌گردد.

دو QTL شناسایی شده برای تعداد دانه پر در خوشه بر روی کروموزومهای ۱ و ۱۰ قرار داشتند. این QTLها عبارت بودند از: $qSFN-1$ در فاصله نشانه‌گری E100-M140-7-RM3520 با LOD برابر با ۲/۲۳۱ مقدار ۱۰/۲ درصد از صفت مذکور را توجیه نمود. $qSFN-10$ در فاصله نشانه‌گری E060-M160-4-E060-M160-5 با LOD برابر با ۲/۳۵۵ توانست ۱۰/۷ درصد از تنوع فنوتیپی صفت را توجیه نمود. در مطالعه‌ای که ليو و همکاران (۱۵) برای تجزیه QTL عملکرد دانه در برنج از ۱۲۹ جمعیت دابل هاپلوئید مشتق از تلاقی ارقام IR64 و Azucena استفاده نمودند و توانستند هشت QTL روی کروموزومهای ۱، ۲، ۳، ۴، ۷، ۸ (دو مورد) و ۱۲ شناسایی کردند.

برای تعداد خوشه‌چه اولیه در خوشه دو QTL بر روی کروموزومهای ۶ و ۷ شناسایی شد. در $qPPN-6$ آللهای سپیدرود باعث کاهش تعداد خوشه‌چه اولیه در خوشه شدند. در حالی که در $qPPN-7$ آللهای عنبربو باعث افزایش تعداد خوشه‌چه اولیه در خوشه شدند. رحمن و همکاران (۲۲) نیز یک QTL برای تعداد خوشه‌چه روی کروموزوم ۶ در مجاورت نشانگر S6065.8 در دو جمعیت مورد بررسی (F_2 و F_3) شناسایی کردند.

نتیجه‌گیری

امروزه از نشانه‌گرهای مولکولی در مطالعات تنوع ژنتیکی، تهیه نقشه ژنتیکی و مکان‌یابی ژنها استفاده می‌شود (۱) و (۷). مطالعه حاضر به منظور تعیین مکانهای ژنی کنترل کننده صفات کمی در برنجهای بومی ایران با استفاده از

منابع

۱. بیگی، ا. عباسپور، ن. و مظفری، ج. ۱۳۹۲. بررسی تنوع وراثتی ارقام زراعی و گونه‌های خودروی جنس *Crocus* با استفاده از نشانگر ISSR در ایران. مجله پژوهش‌های سلولی و مولکولی (مجله زیست‌شناسی ایران): جلد ۲۶(۲): ۱۷۳-۱۶۴.
۲. صبوری، ح. محمدی‌نژاد، ق. و عبادی ع. ۱۳۹۱. بررسی اثر ژنها و تهیه نقشه پیوستگی در جمعیت برنج ایرانی حاصل از تلاقی ارقام غربی × خزر. مجله علوم کشاورزی: ۳۵ (۲): ۵۲-۲۹.
۳. صبوری، ح. صبوری، ع. جعفریان، ح. ا. جعفرزاده، م. ر. سجادی، س. ج. و ملاشاهی، م. ۱۳۹۰. معرفی ارقام برنج متحمل

۶. صبوری، ح.، محمدآق، ش.، بیابانی، ع.، دادرس، ا.، ر. صبوری، ع.، کاتوزی، م.، نجارعجم، م.، پیراسته، م. و خاتمی نژاد، ر. ۱۳۹۳. شناسایی مکانهای ژنی کنترل کننده مولفه‌های جوانه‌زنی در جمعیت لاینهای نوترکیب برنج ایرانی (*Oryza sativa* L.) تحت شرایط مختلف تنش. زیست فناوری گیاهان زراعی: ۸: ۳۱-۴۵.
۷. قربانزاده نقاب، م. و افضل، ر. ۱۳۹۴. ارزیابی تنوع ژنتیکی توده‌های ایرانی و ژنوتیپ‌های خارجی گلرنگ (*Carthamus tinctorius*) با استفاده از صفات مورفولوژیکی و نشانگر مولکولی RAPD. مجله پژوهش‌های سلولی و مولکولی (مجله زیست‌شناسی ایران): جلد ۲۸ (۱): ۹۴-۱۰۶.
۸. Ando, T., Yamamoto, T., Shimizu, T., Ma, X.F., Shomura, A., Takeuchi, Y., Lin, S.Y and Yano, M. 2008. Genetic dissection and pyramiding of quantitative traits for panicle architecture by using chromosomal segment substitution lines in rice. *Theoretical Applied Genetics*, 116: 881-890.
9. Basten, C.J., Weir, B.S., and Zeng, Z.B. 2001. QTL Cartographer: A Reference Manual and Tutorial for QTL Mapping. North Carolina State Univ. Press. Rigny, NC. USA, 230p.
10. Chen, X., Temnykh, S., Xu, Y., Cho, Y. and McCouch, S.R. 1997. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical Applied Genetics*, 95: 553-567.
11. Dong, Y., Tsuzuki, E., Dongzhi, L., Kamiuntan, H., Terao, H., Matsuo, M and Cheng, S. 2004. Molecular genetic mapping of quantitative trait loci for milling quality in rice (*Oryza sativa* L.). *Cereal Science*, 40: 109-114.
12. Falconer, D.S and Mackay, T.F.C., 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th edition Longman, Harlow, UK.
13. Hittalmani, S., Shahidhar, H.E., Bagali, P.G., Huang, N., Sidhu, J.S., Singh, V.P and Kush, G.S. 2002. Molecular mapping of quantitative trait loci for plant growth, yield and yield related traits across three diverse locations in a doubled haploid rice population. *Euphytica*, 125: 207-214.
14. Kosambi, D. D. 1944. The estimation of map distances from recombination values. *Ann. Eugen.* 12: 172-175.
15. Liu, GF., Yang, J., Xu, H.M., Hayat, Y and Zhu J. 2008. Genetic analysis of grain yield conditioned on its component traits in rice به خشکی برای منطقه گنبد کاووس. گزارش نهایی طرح پژوهشی. دانشگاه گنبد کاووس.
۴. صبوری، ح.، صبوری، ع. و خاتمی‌نژاد، ر. ۱۳۹۱. مکان‌یابی QTL‌های برخی صفات مرتبط با تحمل به خشکی در برنج. مجله تولید و فرآوری محصولات زراعی و باغی. سال دوم. شماره چهارم. صفحات ۱-۱۱.
۵. صبوری، ح.، محمدآق، ش.، بیابانی، ع.، دادرس، ا.، ر. صبوری، ع.، کاتوزی، م.، نجارعجم، م.، پیراسته، م. و خاتمی نژاد، ر. ۱۳۹۱. تعیین ارتباط بین ژنوتیپ و فنوتیپ در جمعیت برنج ایرانی تحت تنش خشکی. گزارش نهایی طرح پژوهشی. دانشگاه گنبد کاووس.
- (*Oryza sativa* L.). *Australian Journal of Agricultural Research*, 59: 189-195.
16. Maclean, J and Hettel G. 2007. Bringing hope improving lives. *Rice Today*. 6: 30-35.
17. MacMillan, K., Emrich, K., Piepho, H.P., Mullins, C.E and Price A.H. 2006. Assessing the importance of genotype \times environment interaction for root traits in rice using a mapping population. II: Conventional QTL analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 113: 953-964.
18. McCouch, S.R., Teytelman, L., Xu, Y.B., Lobos, K.B., Clare, K., Walton, M., Fu, B., Maghirang, R., Li, Z.K., Xing, Y.Z., Zhang, Q.F., 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.
19. Manly, K.F and Olson JM. 1999. Overview of QTL mapping software and introduction to Map Manager QTX. *Mammalian Genome*. 10: 327-334.
20. Mei, H.W., Luo, L.J., Ying, C.S and Wang, Y.O. 2003. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred population and two testcross populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 107: 89-101.
21. Qu, Y., Mu, P., Zhang, H., Chen, C.Y., Gao, Y., Tian, Y., Wen, F and Li, Z. 2008. Mapping QTLs of root morphological traits at different growth stages in rice. *Genetica*, 133(2):187-200.
22. Rahman, L., Khanam, M.S and Koh, H.J. 2008. QTL Analysis for Yield Related Traits Using Populations Derived from an *Indica-Japonica* Hybrid in Rice (*Oryza sativa* L.). *Journal Genetic. Plant Breeding* 44, (3): 93-104.

23. Saghi 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. Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A, 91: 5466-5570.
24. Themnykh, S.D., Park, N.A., Cartinnour, N.H., Lipovhch, L., Cho, Y.J., Ishii, T and McCouch, S.R. 2000. Mapping and genome rganization of micro satellite sequences in rice (*Oryza Sativa* L.). Theoretical Applied Genetics, 100: 697-712.
25. Trachsel, S., Kaepler, S.M., Brown, K.M and Lynch, J.P. 2011. Shovelomics: high throughput phenotyping of maize (*Zea mays* L.) root architecture in the field. Plant and Soil, 341: 75-87.
26. Uga. Y., Okuno, K and Yano, M. 2011. *Dro1*, a major QTL involved in deep rooting of rice under upland field conditions. Journal of Experimental Botany, 62 (8): 2485-2494.
27. Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T.V.D., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M and Zabeau, M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23: 4407-4414.
28. Wang, H., Xu, X., Zhan, X., Zhai, R., Wu, W., Shen, X., Dai, g., Cao, L and Cheng, S.H. 2013. Identification of qRL7, a major quantitative trait locus associated with rice root length in hydroponic conditions. Journal of Breeding Science, 63: 267-274.
29. Yoshida S. 1981. Fundamentals of Rice Crop Science. International Rice Research Institute press. 277pp
30. Yue, B., Xue, W., Xiong, L., Yu, X., Luo, L., Cui, K., Jin, D., Xing, Y and Zhang Q. 2006. Genetic Basis of Drought Resistance at Reproductive Stage in Rice: Separation of Drought Tolerance from Drought Avoidance. Genetics, 172: 1213-1228.
31. Zeng, Z. B. 1993. Theoretical basis of separation of multiple linked gene effects on mapping quantitative trait loci. Proceeding of the National Academy of Sciences USA. 90: 10972-10976.
32. Zeng, Z. B. 1994. Precision mapping of quantitative trait loci. Genetics 136: 1457-1468

Detection of genes controlling morphological traits of root and shoot for Iranian rice recombinant inbred lines caused Anbarboo×spidroud crosses

Sabouri H.¹, Mohammad Alegh Sh.², Karimkoshte R.³ and Najar Ajam M.⁴

¹ Plant Production Dept., College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, I.R. of Iran

² Biotechnolgy Dept., College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, I.R. of Iran

³ Plant Production Dept., College of Agriculture Science and Natural Resources, Karaj Payam Noor, Karaj, I.R. of Iran

⁴ Agronomy & Plant Breeding Dept., Faculty of Agriculture Sciences, University of Guilan, Rasht, I.R. of Iran

Abstract

In order to detect QTLs controlling root and shoot morphological traits, 96 lines from a cross between two varieties Sepidroud and Anbarboo were sown in Research farm located in the Ali Abad city in 2011. Evaluated traits were included average of root length, total root length, number of roots less than 5 cm, the number of roots between 7-6 cm the number of roots between 20-8 cm, number of roots more than 30 cm, root number, plant height, root fresh weight, root dry weight, root volume and weight of the clusters, the number of clusters, straw weight, panicle length, number of grains per panicle, primary spikelets per panicle. Linkage map was constructed using 124 microsatellite markers and 264 AFLP markers during the years 2011 to 2012 in the Laboratory of Genetics and Plant Breeding in Gonbad Kavous University. In the linkage map 1950.4cM of the rice genome has been covered. In this study region of E100-M140-7-RM3520, E060-M160-3-RM1359 and RM276-E120-M160-3 controlled several traits in normal conditions in chromosomes 1, 4 and 6, respectively. The results showed that the QTLs controlling root dry weight, root fresh weight and number root overlapped with each other on chromosome 7. QTLs for root volume (qRVN-2a, qRVN-4a and qRVN-4b) and roots (qRNN-4) were identified as major effect QTLs. These QTLs explained more than 20% of the phenotypic variation. The detected major effect QTLs in this study can be used in marker-assisted selection breeding programs after validation.

Key words: Rice (*Oryza sativa* L.), AFLP, SSR, QTL Mapping, Marker assisted selection