"مجله علوم زراعی ایران"
جلد چهاردهم، شماره ۳ پاییز ۱۳۹۱

مکان یابی ژن‌های کنترل کننده ارتفاع بوته، زمان خوشه دهی، دوره رشد و عملکرد دانه در دو جمعیت تلاقی برگشتی پیشرفته برنج

Mapping quantitative trait loci for plant height, heading time, growth duration and grain yield in two advanced back cross populations of rice

مریم حسینی چالشتری[۱]، سعدا... هوشمند[۲]، شهرام محمدی[۲]، علیرضا ترنگ[۳]، محمود خدامباشی[۲] و حسین رحیم سروش[۱]

چکیده

حسینی چالشتری، م.، س. هوشمند، ش. محمدی، ع. ترنگ، م. خدامباشی و ح. رحیم سروش. ۱۳۹۱. مکان یابی ژن‌های کنترل کننده ارتفاع بوته، زمان خوشه دهی، دوره رشد و عملکرد دانه در دو جمعیت تلاقی برگشتی پیشرفته برنج. **مجله علوم زراعی ایران. ۱۴(۳): ۲۴۹-۲۳۵.**

در این آزمایش از جمعیت‌های نسل BC_2F_4 برنج تلاقی های، هاشمی/IR67418-110-3222 (هاشمی/IR-22)و هاشمی/ندا، که در آنها هاشمی والد تکرار شونده بود، طی دو سال (۱۳۸۸ و ۱۳۸۹) برای تعیین QTLهای کنترل کننده ارتفاع بوته، روز تا ۵۰درصدخوشه دهی و طول دوره رشد و عملکرد دانه و نقش اپیستازی و اثر متقابل QTL در محیط استفاده گردید. لاین‌های جمعیت هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا به‌ترتیب با ۶۱ و ۶۵ جفت آغازگرهای ریزماهواره، با توزیع روی کلیه کروموزم‌ها، آزمون و نقشه ژنتیکی به طول ۱۱۰۳/۵ و۱۲۶۰/۵ سانتی مورگان حاصل شد. برای هریک از صفات مورد بررسی در جمعیت هاشمی/IR-22در هر سال چهار تا پنج QTL، با تکرار حداقل دو QTL طی دو سال برای هر صفت، و پوشش ۵/۶ تا ۳۷ درصد از تنوع فنوتیپی شناسایی شدند. در جمعیت هاشمی/ ندا تعداد QTL شناسایی شده در هر سال سه تا چهار، با تکرار حداقل یک QTL طی دو سال برای هر صفت و پوشش ۵/۱ تا ۴۳/۲ درصد از تنوع فنوتیپی صفات بود. مقایسه موقعیت QTL در دو جمعیت نشان داد که به جز QTL ارتفاع بوته در مجاورت نشانگر RM234 روی کروموزم ۷ و QTL عملکرد مجاور نشانگرRM3337 روی کروموزم شماره ۴، سایر آنها جایگاه یکسانی نداشتند که نقش عمده زمینه ژنتیکی در بروز اثر QTL را نشان می‌دهد. در هر جمعیت وجود QTLهایی که بطور همزمان یک یا چند تا از صفات ارتفاع بوته، روز تا۵۰ درصد خوشه دهی، دوره رشد و عملکرد را کنترل می کردند، دال بر چند اثری بودن QTL و یا پیوستگی ژن‌های کنترل کننده این صفات بود. در جمعیت هاشمی/IR-22 دو QTL دارای اثر اصلی روی کروموزم‌های ۶ و ۸ برای طول دوره رشد و یک QTL روی کروموزم ۸ برای عملکرد دانه و در جمعیت هاشمی/ ندا یک QTL روی کروموزم ۶ برای ۵۰ درصد خوشه دهی و طول دوره رشد و یک QTL روی کروموزم ۳ برای عملکرد دانه در اثر متقابل QTL و محیط مشارکت داشتند. در هر جمعیت برای هر یک از صفات، حداقل یک جفت QTL با اثرات اپیستازی شناسایی گردید.

واژه‌های کلیدی: اپیستازی، برنج، چنداثری، کروموزوم و مکان ژنی.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۴/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۱۰/۲۸

۱- عضو هیات علمی موسسه تحقیقات برنج کشور
۲- دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه شهرکرد. عضو انجمن علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: s_hoshmand@yahoo.com)
۳- عضو هیات علمی پژو هشکده بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه شمال کشور

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

مقدمه

با توجه به بارندگی‌های انتهای فصل زراعت برنج در استان‌های گیلان و مازندران که دارای بیشترین سطح زیر کشت برنج در کشور می باشند، توجه به زودرسی و طول دوره رشد گیاه ضروری است. اغلب ارقام برنج محلی پابلند بوده، کودپذیری پایینی داشته و در پی باران‌های پایان فصل دچار ورس و کاهش عملکرد می‌شوند، بنابراین نیاز به ارقام پر محصول و توسعه برداشت ماشینی برنج ضرورت شناسایی ارقامی با ارتفاع مناسب، زودرس و عملکرد مناسب، به عنوان یکی از اهداف مهم در برنامه های معرفی ارقام جدید محسوب می‌شود.

ارتفاع بوته در گیاه برنج و صفات فنولوژیکی از جمله زمان خوشه دهی و طول دوره رشد از لحاظ ژنتیکی صفاتی کمّی هستند که علاوه بر کنترل توسط تعداد زیادی ژن و اثرات اپیستازی، تحت تأثیر شرایط محیطی نیز قرار گرفته و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در بیان ژن های کنترل کننده آن‌ها نقش دارند (Gomez *et al.*, 2006; Zhang *et al.*, 2009). گزارش‌های مختلف حاکی از کنترل این صفات توسط مکان‌های ژنی مختلف می‌باشد. یانگ و همکاران (Yang *et al.*, 2006) با بررسی ارتفاع بوته برنج در پنج مرحله رشدی، هفت QTL برای ارتفاع گیاه روی کروموزوم‌های ۶ (سه مورد)، ۷، ۸ و ۹ (دو مورد) را در یک جمعیت اینبرد لاین نوترکیب مکان‌یابی نمودند. یانو و ساساکی (Yano and Sasaki, 1997) ژن‌های Hd1 تا Hd5 را مسئول گلدهی و طول دوره رشد گیاه معرفی کردند. ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2009) با استفاده از جمعیت‌های اینبرد لاین نوترکیب و BC_4F_2، یک QTL بزرگ اثر روی کروموزوم ۷ مؤثر بر ارتفاع بوته و زمان گل‌دهی مکان‌یابی کردند که بیش از ۸۰ درصد از تنوع فنوتیپی این دو صفت را پوشش می‌داد. نوون و همکاران (Known *et al.*, 2008) با بررسی ۲۳۱ لاین برنج نوترکیب QTL های کنترل کننده عملکرد و اجزای عملکرد را روی کروموزوم های ۳ و ۷ شناسایی کردند. هیگاشی و ایزاوا (Higashi and Izawa, 2011) گزارش کردند که ژن‌های Hd1 و EHd1 علاوه بر کنترل خروج خوشه در گیاه برنج و کنترل زمان خوشه دهی و پر شدن دانه‌ها، روی عملکرد دانه نیز تاثیر می‌گذارد. در مطالعات مرتبط با تعیین QTL صفات گیاهی برنج که در چند محیط و یا در زمینه‌های ژنتیکی مختلف صورت گرفته، عدم ثبات این QTLها از محیطی به محیط دیگر و یا از جمعیتی به جمعیت دیگر گزارش شده است (Lin *et al.*, 2003, Hittalmani *et al.*, 2003, Liu *et al.*, 2007). عدم ثبات QTL در جوامع مختلف می‌تواند ناشی از زمینه ژنتیکی(اپیستازی)، تفاوت در دسته‌های والدینی مورد استفاده در ساخت جمعیت‌ها (تفکیک دسته‌های متفاوتی از QTLها) سطح متفاوتی از خویش آمیزی موجود در جوامع واندازه جمعیت باشد. در این بین اهمیت اپیستازی در ژنتیک کلاسیک و همچنین مطالعات QTL مورد توجه قرار گرفته است (Hittalmani *et al.*, 2003, Liu *et al.*, 2007). نادیده گرفتن این بخش از عوامل کنترل کننده صفات کمّی هرچند مدل‌های آماری مطرح را ساده می نماید، اما باعث انحراف در برآورد موقعیت و اثر QTL خواهد شد. عدم ثبات QTLها در محیط‌های مختلف می‌تواند ناشی از اثر متقابل آن‌ها با محیط باشد. لیو و همکاران (Liu *et al.*, 2007) در یک جمعیت دابلد هاپلوئید برنج طی دو فصل زارعی، اثرات اپیستازی و اثرات متقابل QTL در محیط را در صفت طول دوره رشد برنج بررسی کردند و از چهارده QTL شناسایی شده، تعداد پنج جفت ژن دارای اثرات اپیستازی، دو QTL دارای اثرات افزایشی و یک جفت اثر متقابل QTL با محیط بودند.

در این آزمایش با بهره گیری از دو جمعیت تلاقی برگشتی پیشرفته حاصل از تلاقی ژنوتیپ‌های ایرانی- خارجی (لاین‌های BC_2F_4 حاصل از تلاقی هاشمی/ IR67418-110-32222) و ایرانی(محلی)- ایرانی(اصلاح

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

شده) (لاین‌های BC_2F_4 حاصل از تلاقی هاشمی/ ندا) که دارای یک والد مشترک (هاشمی) می‌باشند و ارزیابی آنها در دو سال زراعی ضمن مکان یابی ژن‌های کنترل کننده (QTL) ارتفاع بوته، روز تا ۵۰درصد خوشه دهی، طول دوره رشد و عملکرد، به برآورد اثرات اپیستازی مکان‌های ژنی و اثرات متقابل آنها با محیط پرداخته شده است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از دو جمعیت ژنتیکی حاصل از تلاقی برگشتی پیشرفته BC_2F_4 استفاده گردید. جمعیت اول شامل ۱۴۴ لاین حاصل از تلاقی هاشمی/ IR67418-110-32222 (که برای اختصار IR-22 نامیده می‌شود) و جمعیت دوم شامل ۱۱۵ لاین حاصل از تلاقی هاشمی/ ندا بود که در هر دو جمعیت رقم هاشمی والد تکرار شونده در دو بار تلاقی برگشتی بود. این دو جمعیت در سال ۱۳۸۸و نسل بعد آنها در سال مورد ۱۳۸۹ ارزیابی قرار گرفتند. هاشمی یکی از ارقام محلی ایرانی با کیفیت پخت مطلوب است که در سطح وسیعی از مزارع استان گیلان کشت می‌شود و دارای ارتفاع بوته نسبتاً بلند (حدود ۱۴۰ سانتی متر)، حساس به ورس و با کودپذیری پایین است. لاین IR-22 از لاین‌های خالص ارسالی از موسسه بین المللی تحقیقات برنج (IRRI) می‌باشد که دارای ارتفاع بوته متوسط تا کوتاه (حدود ۹۵ سانتی متر) بوده و برای کشت ماشینی مناسب است. ندا یک رقم اصلاحی ایرانی حاصل از تلاقی IR24/Hasansaraiee//Sangetarom می‌باشد. والدهای دهنده دو جمعیت مقاوم به ورس بوده و تا حد زیادی قابلیت کودپذیری داشته و در شرایط مناسب محصول بالایی تولید می‌کنند، هرچند از لحاظ کیفیت پخت چندان مورد توجه نمی‌باشند. هر یک از جمعیت‌های مورد نظر طی دو سال در آزمایش مزرعه‌ای در موسسه تحقیقات برنج کشور در رشت در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار کشت شدند. مساحت هر واحد آزمایشی ۶ متر مربع و فواصل نشاکاری ۲۵×۲۵ سانتی متر بود. صفات مورد ارزیابی شامل روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی، طول دوره رشد، ارتفاع بوته و عملکرد بود. تعداد روز از زمان بذرپاشیدر خزانه تا زمانی که در هر واحد آزمایشی حدود ۵۰ درصد خوشه‌ها از غلاف برگ پرچم خارج شده بودند، به عنوان روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی در نظر گرفته شد. تعداد روز از بذرپاشی تا رسیدگی فیزیولوژیک نیز به عنوان طول دوره رشد لحاظ گردید. ارتفاع بوته در هر واحد آزمایشی از میانگین گیری ارتفاع ۱۰ بوته در مرحله رسیدگی کامل بدست آمد. در هر کرت پس حذف حاشیه‌ها، برداشت از متن کرت به مساحت ۳/۷۵ متر مربع انجام و پس از خرمنکوبی و رساندن رطوبت شلتوک به ۱۴ درصد، عملکرد هر ژنوتیپ برحسب کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. در سال اول و در مرحله پنجه زنی از مخلوط نمونه‌های برگی حداقل ده بوته در هر واحد آزمایشی برداشت و استخراج DNA ازآنها به روش CTAB با تغییرات جزئی (Murray and Thompson, 1980) انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده روی ژل آگارز یک درصد و با استفاده از دستگاه الکتروفورز افقی تعیین گردید. حدود ۳۰۰ جفت آغازگر ریز ماهواره بر اساس نقشه (Temnykh *et al*. 2000, McCouch *et al*. 2002) به نحوی انتخاب شدند که توزیع مناسبی روی کلیه کروموزم‌ها داشته باشند. این نشانگرها ابتدا روی والدین دو جمعیت آزمون شدند. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (Biometra, Germany) و در حجم ۱۰ میکرولیتر انجام گردید. برای جداسازی باندها از ژل پلی آکریل آمید واسرشته ساز ۶ درصد و ژل آگارز ۳ درصد استفاده شد.از بین جفت آغازگرهای ریزماهواره آزمون شده بر والدین تعداد ۶۱ و ۶۵ جفت به ترتیب بین هاشمی- IR-22 و هاشمی- ندا چند شکلی قابل امتیازدهی نشان دادندکه از این بین ۲۵ جفت آغازگر در دو جفت

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

والدین جمعیت ها مشترک بود. برمبنای سهم ژنوم والد گیرنده، هتروزیگوت و والد دهنده آزمون مربع کای (χ^2) برای نسل BC_2F_4 با نسبت ۸۴:۶:۱۰ انجام شد و ۵۹ و ۶۲ جفت آغازگر به ترتیب در دو جمعیت هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا از نسبت مربوطه تبعیت کردند. این آغازگرها در دو جمعیت کل کروموزم‌ها را در بر می‌گرفتند و در هر کروموزم بین ۲ تا ۸ و ۲ تا ۹ جفت آغازگر به ترتیب در دو جمعیت هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا قرار داشت. از تابع نقشه یابی کازومبی برای تهیه نقشه پیوستگی هر جمعیت استفاده شد. طول نقشه ژنتیکی در دو جمعیت هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا به ترتیب ۱۱۰۳/۵ و۱۲۶۰/۵ سانتی مورگان بود.

نتایج با استفاده از نرم افزارهای، Map Manager (Manly *et al.*, 2001)، WinQTLCart (Wang *et al.*, 2006) و QTLNETWORK ver. 2.0 (Yang and Zhu. 2005) تجزیه شد. با استفاده از نرم افزار اول نقشه ژنتیکی هر جمعیت تهیه گردید. در هر جمعیت از نرم افزار WinQTLCart جهت تعیین QTL های مرتبط با صفات مورد مطالعه به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (Zeng *et al.*, 1994) برای هر سال به طور جداگانه استفاده گردید. نرم افزارQTLNETWORK جهت مکان‌یابی QTL ها در هر جمعیت در سال های مختلف بطور همزمان بکار گرفته شد. سپس تجزیه همزمان داده‌ها به روش الگوریتم Markov chain Monte Carlo (MCMC) ارائه شده توسط وانگ و همکاران (Wang *et al.*, 1994) برای شناسایی QTLهای دارای اثر متقابل با محیط انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ساده برای هر سال و تجزیه مرکب برای دو سال نشان داد که لاین‌های هریک از جمعیت‌ها از نظر روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی، طول دوره رشد، ارتفاع بوته و عملکرد اختلاف معنی‌دار ($p\leq 0.001$) داشتند که بیانگر تنوع ژنتیکی درون هر یک از جوامع مورد مطالعه برای این صفات می باشد (داده‌ها ارائه نشده‌اند). میانگین والدین و لاین‌های جمعیت‌ها نشان داد که رقم هاشمی به عنوان والد تکرار شونده دو جمعیت (با میانگین ۱۳۷/۱ سانتی متر برای دو سال) بطور معنی داری($p\leq 0.001$) نسبت به والدهای دهنده دو جمعیت یعنی IR-22 (با میانگین۹۵/۱ سانتی متر برای دو سال) و ندا (با میانگین ۱۱۰/۳ سانتی متر برای دو سال) ارتفاع بیشتری داشت (جدول ۱). رقم هاشمی با میانگین ۹۱/۵ روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی و ۱۱۴/۸ روز تا رسیدگی کامل نسبت به دو والد دیگر زودتر به خوشه رفته و زودرس‌تر بوده است. همچنین رقم هاشمی (با میانگین ۳۹۹۰ کیلوگرم در هکتار) نسبت به رقم ندا (۸۷۰۰ کیلوگرم در هکتار) و لاین IR-22 (۹۲۸۰ کیلوگرم در هکتار) دارای عملکرد کمتری بوده است. لاین‌های حاصل از تلاقی در دو جمعیت برای صفات مورد بررسی میانگین حد فاصل دو والد را داشتند. دامنه تغییرات صفات در دو جمعیت و طی دو سال مورد بررسی نشان داد که برخی از لاین‌ها نسبت به والدین ارزش بیشتر یا کمتری داشتند که بیانگر وجود تفکیک متجاوز برای هر چهار صفت در دو جمعیت می‌باشد (جدول ۱). این موضوع در توزیع فراوانی لاین‌ها (داده‌ها ارائه نشده‌اند) نیز مشهود بود. گستردگی دامنه داده‌های هر صفت در هر یک از جمعیت‌ها دلیل بر وجود بیش از یک مکان ژنی در کنترل این صفات می‌باشد که با گزارشات قبلی (Gomez *et al.*, 2006) در این مورد مطابقت دارد. مکان یابی ژن‌های کنترل کننده صفات به روش فاصله ای مرکب، که بطور سالانه (هر محیط جداگانه) به شناسایی QTL صفات می‌پردازد (Wang *et al.*, 2006)، برای جمعیت هاشمی/ IR-22 در سال اول چهار QTL و درسال دوم پنج QTL برای ارتفاع بوته مکان‌یابی نمود (جدول ۲). این QTLها بین ۲/۳۱ تا ۶/۸۶ سانتی متر بر ارتفاع بوته در این جمعیت موثر بودند. در جمعیت هاشمی/ ندا سه QTL، در سال اول روی

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

جدول ۱- میانگین (± انحراف معیار) صفات گیاهی در جمعیت‌های برنج حاصل از تلاقی هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا (۱۳۸۹ و ۱۳۸۸)

Table 1. Means (± S.D) for plant characteristics in Hashemi/IR67418-110-322 and Hashemi /Neda rice population (2009 and 2010)

صفات گیاهی	سال	Parents والدین			Hashemi/IR67418-110-322			Hashemi/Neda		
		هاشمی		ندا	میانگین	دامنه		میانگین	دامنه	
Plant characteristics	Year	Hashemi	IR67418-110-322	Neda	Average	Range	$LSD_{0.05}$	Average	Range	$LSD_{0.05}$
ارتفاع بوته	2009	138.5	95.3	110.8	115.99±17.68	58.33– 147.0	4.23	21.1±123.3	85.0-158.0	6.11
Plant height (cm)	2010	135.6	94.9	109.7	114.59±16.95	57.64- 148.5	3.87	19.1±121.3	89.3-155.2	5.18
	میانگین Mean	137.05	95.1	110.25	115.3±16.95	57.82-147.2	3.12	15.4±123.3	86.6-157.0	4.11
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی	2009	89.1	112.0	105.3	16.07±105.9	86.1-136.0	4.12	10.17±99.95	89.1-129	3.65
Days to 50% heading	2010	93.98	117.65	103.22	18.98±109.1	89.3-140.0	4.92	17.98±106.0	79.31-132	4.16
	میانگین Mean	91.54	114.83	104.26	10.298±107.5	88.1-138.5	3.65	9.12±103.0	81.4-150.2	3.15
طول دوره رشد	2009	119.1	142.3	135.2	26.18±137.2	116-169	7.03	16.05±131.1	118-151	6.26
Growth duration (Day)	2010	123.2	148.8	137.33	29.36±139.1	118-169	8.29	23.14±134.3	110-156	7.68
	میانگین Mean	121.15	145.55	136.265	18.31±138.2	118.5-168.5	5.12	13.19±132.7	112.3-152.0	5.02
عملکرد دانه	2009	3.98	9.26	8.65	4.52±2.03	1.02-9.65	1.32	4.09±1.64	1.01-8.81	0.99
Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	2010	4.01	9.31	8.75	4.62±2.14	1.23-9.75	1.24	4.21±1.34	1.32-8.98	1.02
	میانگین Mean	3.99	9.28	8.70	4.59±1.98	1.01-9.77	1.23	4.12±1.48	1.00-8.99	1.01

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

جدول۲- مکان‌های ژنی کنترل کننده صفات در جمعیت برنج حاصل از تلاقی هاشمی/IR-22 (۱۳۸۹ و۱۳۸۸)

Table 2. QTLs for plant characteristics in Hashemi/IR67418-110-322 rice population (2009 and 2010)

صفات گیاهی Plant characteristics	سال Year	مکان ژنی QTL[A]	کروموزوم Chromosome	نشانگر های حاشیه Marker interval	موقعیت Sit(CM)	اثرات افزایشی A	R^2_a%	LOD
ارتفاع بوته Plant height (cm)	2009	***ph7-1***	7	RM7338-RM21734	131.5	2.27	9.8	2.66
		ph7-2	7	RM6420-RM234	396.6	-5.49	18.7	3.01
		ph8	8	RM6421-RM515	169.8	6.03	37.0	3.71
		ph12	12	RM19-RM27782	39.0	-3.62	11.0	2.54
	2010	*Ph5-1*	5	RM161-RM274	239.2	3.67	5.6	3.01
		ph7-1	7	RM7338-RM21734	124.5	2.31	11.3	4.44
		ph7-2	7	RM6420-RM234	398.8	-4.13	19.2	4.9
		Ph7-3	7	RM7564-RM6420	305.3	-6.86	8.2	3.05
		ph8	8	RM6421-RM515	165.8	5.41	35.6	5.32
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی Days to 50% heading	2009	***ht6-1***	6	RM50-RM2523	113.3	6.17	28.8	8.19
		ht6-2	6	RM2523-RM3183	179.1	-5.81	19.7	7.61
		ht7	7	RM7338-RM21734	117.5	2.63	6.3	4.27
		ht8-1	8	RM6421-RM515	163.8	-4.28	13.1	6.61
		ht8-2	8	RM515-RM1109B	262	-3.16	7.7	5.78
	2010	***ht6-1***	6	RM50-RM2523	114.3	9.60	24.6	9.98
		ht6-2	6	RM2523-RM3183	182.1	-8.21	20.7	8.53
		ht8-1	8	RM6421-RM515	1659	-6.78	14.6	7.56
		ht8-2	8	RM515-RM1109B	260.2	-5.82	10.4	7.30
طول دوره رشد Growth duration (day)	2009	***gp6-1***	6	RM50-RM2523	122.3	4.49	30.7	7.98
		gp6-2	6	RM2523-RM3183	179.1	4.69	18.2	6.89
		gp7	7	RM7564-RM6420	118.5	-5.65	10.2	6.5
		gp8	8	RM6421-RM515	167.8	-2.33	8.8	5.8
	2010	*gp2*	2	RM5390-RM13606	68.31	-4.89	20.6	7.62
		gp3	3	RM3716-RM15303	1	-5.05	18.5	7.31
		gp6	6	RM50-RM2523	125.7	1.74	24.9	8.52
		gp7-1	7	RM21734-RM7564	257.3	-5.06	12. 5	7.01
		gp7-2	7	RM8015-RM7338	60	-1.97	14.3	7.22
عملکرد دانه Grain yield (kg.ha^{-1})	2009	*y4*	4	RM3337-RM7051	83.9	1.61	12.96	2.96
		y6	6	RM2523-RM3183	211.1	0.81	9.89	2.89
		y7-1	7	RM7338-RM21734	24.6	0.78	8.60	2.86
		y7-2	7	RM7564-RM6420	304.3	1.98	15.57	3.1
		y8	8	RM1109B-RM7356	335.4	-2.31	18.50	4.1
	2010	*y2*	2	RM5390-RM13606	84	-0.95	15.58	3.35
		y6	6	RM2523-RM3183	121.4	1.38	16.6	3.60
		y7	7	RM7564-RM6420	303.4	2.37	23.5	4.20

A: The bold QTLs were observed in both years

A: مکان‌های ژنی پر رنگ در هر دو سال مشاهده شده‌اند

کروموزوم‌های ۲، ۵ و ۷ و در سال دوم روی کروموزوم‌های ۱، ۵ و ۷ برای ارتفاع بوته مکان‌یابی گردید که دو QTL آخر (روی کروموزوم‌های ۵ و ۷) در هر دو سال مشابه بودند (جدول ۳). وجود مکان‌های ژنی ارتفاع بوته برنج روی کروموزوم شماره ۵ (Gomez *et al.*, 2006)، کروموزوم شماره ۷ (Yang *et al.*, 2006, Zhang *et al.*, 2009) و کروموزوم شماره ۸ (Yang *et al.*, 2006) گزارش شده است.

نتایج حاصل از تجزیه فاصله‌ای مرکب برای تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی در جمعیت هاشمی/IR-22 نشان داد در هر دو سال چهار QTL مشابه روی کروموزم‌های ۶ و ۸ (هرکدام دوQTL) در کنترل این صفت نقش دارند (جدول ۲). بیشترین میزان اثر افزایشی تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی در هر دو

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

جدول۳- مکان‌های ژنی کنترل کننده صفات گیاهی در جمعیت برنج حاصل از تلاقی هاشمی/ ندا (۱۳۸۸و ۱۳۸۹)

Table 3. QTLs for plant characteristics in Hashemi /Neda rice population (2009 and 2010)

صفات گیاهی Plant characteristics	سال Year	مکان ژنی QTL	کروموزوم Chromosome	نشانگرهای حاشیه Marker interval	موقعیت Sit (cM)	اثرات افزایشی A	R^2%	LOD
ارتفاع بوته Plant height (cm)	2009	*ph2*	2	RM13380-M13863	57.9	3.23	15.6	3.5
		ph5	5	RM274-RM31	297.1	2.21	10.3	3.2
		ph7	7	RM234-RM1364	401.2	-8.61	41.5	7.5
	2010	*Ph1*	1	RM9-RM2318	128.9	-1.04	8.0	4.5
		Ph5	5	RM274-RM31	296.1	3.24	12.5	5
		Ph7	7	RM234-RM1364	400.3	-10.20	43.2	8.2
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی Days to 50% heading	2009	*ht1*	1	RM9-RM2318	129.3	-4.11	14.2	4.30
		ht4	4	RM16937-RM3337	212.8	-3.13	10.3	4.21
		ht5	5	RM274-RM31	262.9	-5.15	17.3	5.12
	2010	*ht5-1*	5	RM173-RM274	220.1	-3.0	12.5	5.30
		ht5-2	5	RM274-RM31	262.9	-4.12	13,6	5.90
		ht6	6	RM217-RM225	10.9	7.12	28.6	7.00
		ht8	8	RM27181-RM6075	205.6	5.02	20.3	6.20
طول دوره رشد Growth duration (day)	2009	*gp 4*	4	RM16937-RM3337	214.1	-1.98	5.1	4.61
		gp 5	5	RM274-RM31	263.1	-2.21	8.2	4.81
		gp6	6	RM217-RM225	11.2	6.13	20.1	6.10
		gp7	7	RM20938-RM21236	10.1	-3.98	16.2	5.20
	2010	***gp6***	6	RM217-RM225	12.2	7.02	26.2	6.81
		gp7	7	RM20938-RM21236	10.6	-4.13	17.3	5.50
		gp8	8	RM27181-RM6075	139.2	5.02	19.2	6.52
عملکرد دانه Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	2009	*y2*	2	RM452-RM13380	5.01	0.68	8.10	3.8
		y3	3	RM231-RM5761	46.4	0.98	14.51	3.9
		y7	7	RM214-RM234	200.3	-1.32	16.3	4.2
		y8	8	RM2718-RM6075	191.4	2.21	20.5	5
	2010	*y4*	4	RM16937-RM3337	43.5	1.02	11.8	4.1
		y7	7	RM214-RM234	201.8	-1.99	18.2	4.5
		y8	8	RM2718-RM6075	192.4	2.66	21.32	5

A: The bold QTLs were observed in both years — A: مکان‌های ژنی پر رنگ در هر دو سال مشاهده شده‌اند

سال مربوط به یکی ازQTLهای روی کروموزم‌های ۶ واقع در فاصله (حد فاصل RM274-RM31) اثر خود را در هر دو سال بروز داده و باعث کاهش ۵/۲ و ۴/۱ روز در این صفت (به ترتیب در سال اول و دوم) گردید. تجزیه فاصله‌ای مرکب همچنین منجر به شناسایی ۴ و ۳ مکان ژنی (به ترتیب در سال اول و دوم) برای طول دوره رشد در این جمعیت گردید که دو QTL روی کروموزم‌های ۶ و ۷ در هر دو سال مشترک بودند و به ترتیب منجر به افزایش (میانگین ۶/۶ روز) و کاهش(میانگین ۴ روز) طول دوره رشد شدند. یانو و ساساکی (Yano and Sasaki, 1997) نیز مکان‌های ژنی روی کروموزوم ۷ و ۸ را که در کنترل زمان گلدهی و طول دوره رشد برنج نقش داشته‌اند شناسایی کردند. شناسایی QTL مرتبط با طول دوره رشد برنج روی کروموزم‌های ۲، ۳، ۴، ۶، ۷ و ۸ توسط لیو و همکاران (Liu *et al.*, 2007) نیز گزارش گردیده است. در جمعیت هاشمی/ IR-22 در سال اول پنج و در سال دوم سه QTL بر عملکرد موثر بودند. در این جمعیت این QTLها بین ۸/۶۰ (*y7-1*در سال اول) تا ۲۳/۵۰ درصد (*y7*در سال دوم) از تنوع فنوتیپی این صفت را پوشش می‌دادند (جدول۲). در جمعیت هاشمی/ ندا در سال اول QTLهایی روی کروموزم‌های ۲، ۳، ۷ و ۸ و در سال دوم روی کروموزم‌های ۴، ۷ و ۸ شناسایی گردیدند که بر عملکرد دانه از ۶۸۰ تا ۲۶۶۰ کیلوگرم

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

در هکتار موثر بودند (جدول ۳). از این بین، QTL شناسایی شده عملکرد روی کروموزم ۴ در دو جمعیت در موقعیت مشابهی قرار داشت.

وجود مکان های ژنی کنترل کننده عملکرد روی کروموزوم ۲ توسط (Guo *et al.*, 2005, Thomson *et al.*, 2003) کروموزوم ۳ (Guo *et al.*, 2005, Thomson *et al.*, 2003) کروموزوم۴ (Liu *et al.*, 2008, Nonoue *et al.*, 2003) کروموزوم ۶ (Guo *et al.*, 2005, Thomson *et al.*, 2003)، کروموزم ۷ (Nonoue *et al.*, 2008, Liu *et al.*, 2008, Xue *et al.*, 2008, Guo *et al.*, 2005, Wei *et al.*, 2010, Fu *et al.*, 2010, Liu *et al.*, 2008, Yan *et al.*, 2011) گزارش شده است. مکان‌های ژنی که بطور همزمان بیش از یک صفت را تحت تأثیر قرار دادند در جدول ۴ ارائه شده‌اند. در هر دو جمعیت کروموزم ۶ حامل QTLهایی است که بطور همزمان روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و طول دوره رشد را کنترل می‌نمایند. تأثیر همزمان یک QTL بر دو یا چند صفت می‌تواند ناشی از پیوستگی بالای مکان‌های ژنی متفاوت کنترل کننده این صفات و یا اثر پلیوتروپی یک مکان ژنی باشد که بطور همزمان چند صفت را کنترل می‌کند. لازم به ذکر است مشابهت در مکان‌های ژنی صفات روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی، طول دوره رشد و ارتفاع بوته با عملکرد ضمن اینکه بیانگر پیوستگی مکان‌های ژنی این صفات با عملکرد و یا چند اثری مکان ژنی برای این ویژگی‌ها را نشان می‌دهد، توجیه کننده همبستگی و ارتباط بین عملکرد و صفات مذکور نیز می‌باشد. در گیاه برنج وجود QTLهایی که بطور همزمان ارتفاع بوته و خوشه‌دهی (Zhang *et al.*, 2006)، تاریخ گل‌دهی و طول دوره رشد (Zhang *et al.*, 2009, Nonoue *et al.*, 2008) را تحت تأثیر قرار می‌دهند، گزارش شده است. نتایج تحقیقات اخیر نیز منجر به شناسایی و جدا سازی

جدول ۴- چنداثری یا پیوستگی QTLها برای صفات گیاهی در جمعیت‌های برنج تلاقی هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا

Table 4. Pleiotropic or linked QTLs detected for plant characteristics contributing in Hashemi/IR-22 and Hashemi /Neda rice populations

کروموزوم Chromosome	نشانگر مجاور Flank Marker	صفات گیاهی Plant characteristics	جمعیت Population	دامنه R^2% Range of R^2%
6	RM50	روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد Days to 50% heading, Growth duration	Hashemi/IR-22	28.8-30.7
6	RM2523	روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد، عملکرد Days to 50% heading, Growth duration, Yield	Hashemi/IR-22	2.89-20.7
7	RM6420	ارتفاع بوته ، دوره رشد، عملکرد Plant height, Growth duration, Yield	Hashemi/IR-22	3.1-19.2
7	RM7338	ارتفاع بوته ، دوره رشد، عملکرد Plant height, Growth duration, Yield	Hashemi/IR-22	2.66-14.3
8	RM515	ارتفاع بوته، روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد Plant height, Days to 50% heading, Growth duration	Hashemi/IR-22	8.8-37.0
1	RM9	ارتفاع بوته، روزتا ۵۰درصدخوشه دهی Plant height, Days to 50% heading	Hashemi/Neda	10.2-18.7
4	RM16937	روزتا ۵۰٪ خوشه دهی، دوره رشد، عملکرد Days to 50% heading,, Growth duration, Yield	Hashemi/Neda	4.1-10.3
5	RM247	ارتفاع بوته ، روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد Plant height, Days to 50% heading, Growth duration	Hashemi/Neda	8.2-17.3
6	RM217	روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد Days to 50% heading,, Growth duration	Hashemi/Neda	20.1-28.6
7	RM234	ارتفاع بوته، عملکرد Plant height, Yield	Hashemi/Neda	4.2-8.2
8	RM27181	روزتا ۵۰درصد خوشه دهی، دوره رشد Days to 50% heading,, Growth duration	Hashemi/Neda	19.2-20.3

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

مکان ژنی روی کروموزوم شماره ۸ شده است که دارای اثرات پلیوتروپیک بوده و همزمان صفات ارتفاع بوته، دوره رشد و تعداد دانه در خوشه و عملکرد را کنترل می کند (Wei *et al*., 2010, Yan *etal*., 2011) .

مقایسه QTL های هر صفت در دو جمعیت مورد بررسی نشان داد که در هر دو جمعیت QTLهایی روی کروموزم‌های ۵ و ۷ برای ارتفاع بوته ، ۶ و ۷ برای ۵۰ درصد خوشه دهی و کروموزم‌های ۶، ۷ و ۸ برای طول دوره رشد و کروموزم‌های ۲، ۴، ۷ و ۸ برای عملکرد وجود داشتند (جدول‌های ۲و ۳)، اما به نظر می‌رسد که صفات مورد بررسی توسط QTLهایی با بروز متفاوت در دو جمعیت کنترل می‌شوند، زیرا از این بین تنها دو QTL شناسایی گردید که در هر دو جمعیت مشترک بودند که یکی از آنها روی کروموزم ۵ و مجاور نشانگر RM274 در هر دو جمعیت بر ارتفاع بوته موثر بوده و دیگری یک QTL روی کروموزم شماره ۴ مجاور نشانگر RM3337 که در هر دو جمعیت عملکرد دانه را کنترل می کرد. در حالی که رقم هاشمی در هر دو جمعیت به عنوان والد تکرار شونده شرکت نموده است. عدم تکرارپذیری QTLهای یکسان در دو جمعیت را ناشی را می‌توان ناشی از تفاوت ژنتیکی دو والد غیرتکرار شونده (ندا و IR67418-110-32222) دانست که با توجه به اینکه یکی رقم ایرانی و دیگری از موسسه IRRI بوده است، دور از انتظار نیست. نقش زمینه ژنتیکی در بروز QTLهای کنترل کننده صفات برنج توسط محققینی که جوامع مختلف را بطور همزمان مطالعه نموده‌اند از جمله می و همکاران (Mei *et al*., 2003) نیز مورد تایید قرار گرفته است. تجزیه همزمان دو سال داده‌ها (با استفاده از نرم افزار QTLNETWORK) برای ارتفاع بوته دو QTL را روی کروموزوم‌های ۷ و ۸ در جمعیت هاشمی/IR-22 و یک QTL روی کروموزوم ۷ در جمعیت هاشمی/ندا شناسایی کرد (جدول۵). این QTL ها همچنین در تجزیه جداگانه هر سال (جدول‌های ۲ و ۳) نیز شناسایی شده بودند. در جمعیت هاشمی/IR-22 دو QTL روی کروموزم‌های ۶ و ۸ بطور همزمان در کنترل هر دو صفت روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی و طول دوره رشد نقش داشتند. برای عملکرد دانه در این جمعیت نیز سه QTL شناسایی شدند که قبلا نیز با روش مکان یابی فاصله‌ای مرکب شناسایی شده بودند. در جمعیت هاشمی/ندا نیز نقش یک QTL روی کروموزم ۶ در کنترل دو ویژگی روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی و طول دوره رشد در این تجزیه تأیید گردید. در این روش تجزیه، اثر متقابل هیچ یک از مکان های ژنی مطرح شده برای ارتفاع بوته در دو جمعیت و روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی در جمعیت هاشمی/IR-22 دارای اثرات متقابل معنی‌دار با محیط نبودند (جدول ۵). بنابراین بر اساس اطلاعات موجود می‌توان گفت این مکان‌های ژنی از پایداری مناسبی برخودار بوده و مستقل از محیط می‌باشند و می‌توان آنها را برای انتخاب در جهت بهبود این صفات در برنج مورد توجه قرار داد. در مقابل برخی QTLها با محیط اثر متقابل معنی دار نشان دادند. علاوه بر این بروز اثر یک QTL در یک سال و عدم بروز اثر آن در سال دیگر را می‌توان ناشی از تأثیر محیط بر آن‌ها دانست. وجود اثر متقابل بین محیط و QTL های کنترل کننده صفات برنج توسط سایرمحققین از جمله هیتالمانی و همکاران (Hittalmani *et al*., 2003) برای ارتفاع بوته در یک جمعیت دابلد هاپلوئید، لیو و همکاران (Liu *et al*., 2007) برای صفت طول دوره رشد در جمعیت دابلد هاپلوئید و برای تاریخ خوشه‌دهی توسط لین و همکاران (Lin *et al*., 2003) و برای عملکرد توسط (Wei *et al*., 2010) گزارش شده است. نتایج این تجزیه نشان داد بروز اثر متقابل QTL و محیط تحت تأثیر نوع صفت و زمینه ژنتیکی نیز می‌باشد. به نحوی که در جمعیت هاشمی/IR-22 ، QTL حد فاصل نشانگرهای RM50-RM2523 (روی کروموزم ۶) برای روز تا ۵۰درصد خوشه دهی با محیط اثر متقابل معنی دار نداشت، اما همین QTL برای طول دوره رشد با محیط اثر متقابل داشت. در مقابل QTL دیگری روی کروموزم ۶ (حد فاصل نشانگرهای RM217-RM225) در جمعیت هاشمی/ ندا برای هر دو ویژگی روز تا ۵۰درصد خوشه‌دهی و طول دوره رشد با محیط اثر متقابل معنی‌دار داشت (جدول ۵). اپیستازی یا اثر

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

متقابل بین ژن‌های غیر آللی به عنوان عامل مهمی در بروز فنوتیپی یک صفت و همچنین ایجاد تنوع ژنتیکی در یک جمعیت مطرح می‌باشد (Yu *et al*., 1997, Liu *et al*., 2007).

نتایج حاصل از الگوریتم MCMC به شناسایی QTLهای متفاوت در دو جمعیت منجر شد که در بروز اثرات اپیستازی و اثر متقابل آن با محیط نقش داشتند (جدول ۶). در هر دو جمعیت جفت QTLهایی که برای روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی اپیستازی نشان دادند، با محیط نیز اثر متقابل معنی دار نشان دادند، هر چند میزان تنوعی که توسط این اثرات توجیه گردید جزئی بود. تعداد جفت QTLهایی که برای عملکرد دانه اپیستازی نشان دادند، در هر دو جمعیت بیش از دو صفت دیگر بود (جدول ۶). در مجموع مقایسه QTLهای اصلی(جدول‌های ۲ و۳) و جفت‌QTLهای مشارکت کننده در اپیستازی (جدول ۶) نشان داد که برخی از جفت‌QTLهای مشارکت کننده در اپیستازی هر دو به عنوان QTL اصلی نیز شناسایی شده بودند، در حالی که در برخی موارد یکی از این جفت QTLها و یا هیچیک به عنوان کنترل کننده صفت مطرح نبوده‌اند. از طرف دیگر هیچیک از QTLهای مشارکت کننده در اپیستازی در دو جمعیت مشابه نبودند. این موضوع این فرضیه را تقویت می‌کند که بروز اپیستازی به محیط و زمینه ژنتیکی مورد بررسی وابسته است. جمع بندی کلی

جدول۵- برآورد اثرات افزایشی (A) و افزایشی × محیط (AE) مکان های ژنی کنترل کننده صفات گیاهی در جمعیت های برنج حاصل از تلاقی هاشمی/IR-22 و هاشمی/ ندا (۱۳۸۹و ۱۳۸۸)

Table 5. Estimated additive (A) and additive × environment (AE) interaction effects of QTLs for plant characteristics in Hashemi/IR-22 and Hashemi /Neda rice populations (2009 and 2010)

صفات گیاهی Plant characteristics	مکان ژنی QTL	نشانگرهای حاشیه Marker interval	موقعیت Sit (cM)	A^a	$AE_1{}^b$	$AE_2{}^c$	$R^2_a\%{}^d$	$R^2_{ae}{}^e$
Hashemi/IR-22 BILs population								
ارتفاع بوته	*ph7*	RM6420-RM234	390.1	-3.86	-	-	17.67	-
Plant height	*ph8*	RM6421-RM515	160.4	4.98	-	-	33.16	-
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی	*ht6*	RM50-RM2523	112.6	-7.79	-	-	2.38	-
Days to 50% heading	*ht8*	RM515-RM1109B	259.8	-4.21	-	-	1.07	-
طول دوره رشد	*gp6*	RM50-RM2523	120	4.67	-0.23	0.37	0.06	0.03
Growth duration (day)	*gp8*	RM6421-RM515	163	-3.35	-0.35	0.42	0.07	0.04
عملکرد دانه Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	*y6*	RM2523-RM3183	208.2	990	-	-	5.98	-
	y7	RM7564-RM6420	300.3	1068	-	-	8.07	-
	y8	RM1109B-RM7356	330.4	-2370	365	-217	10.26	1.02
Hashemi/Neda BILs population								
ارتفاع بوته Plant height	*ph7*	RM234-RM1364	401.2	-4.23	-	-	12.51	-
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی	*ht5*	RM274-RM31	262.7	-5.02	-	-	3.21	-
Days to 50% heading	*ht6*	RM217-RM225	11.5	-8.64	-1.20	0.69	4.08	1.04
طول دوره رشد Growth duration (day)	*gp6*	RM217-RM225	11.2	6.03	-0.30	0.12	0.14	0.03
عملکرد دانه Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	*y3*	RM231-RM5761	50.3	0.625	0.421	-0.375	2.83	0.19
	y7	RM214-RM234	198.8	-0.803	-	-	9.12	-
	y8	RM2718-RM6075	190.2	1.140	-	-	12.98	-

a: اثر افزایشی QTL، b: اثر متقابل افزایشی با محیط ۱، c: اثر متقابل افزایشی با محیط ۲، d: تنوع پوشش داده شده توسط ثر افزایشی، e: تنوع پوشش داده شده توسط اثر متقابل افزایشی با محیط

a: additive effect of the QTL, b: additive and environment interaction in E1, c: additive and environment interaction in E2, d: percentage of phenotypic variation explained by additive effect of the QTL. e: percentage of phenotypic variation explained by additive and environment interaction.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

جدول۶- برآورد اثرات اپیستازی (AA) و اثرات متقابل اپیستازی با محیط (AAE) در مکان های ژنی کنترل کننده صفات گیاهی در جمعیت های برنج حاصل از تلاقی هاشمی/ IR-22 و هاشمی/ ندا (۱۳۸۹و۱۳۸۸)

Table 6. Estimated epitasis (AA) and epitasis × environment interaction (AAE) effects of QTLs for plant characteristics (2009 and 2010)

صفات گیاهی Plant characteristics	مکان ژنی QTL_i	نشانگرهای حاشیه Marker interval	موقعیت Sit(cM)	مکان ژنی QTL_j	نشانگرهای حاشیه Marker interval	موقعیت Sit (cM)	AA_{ij} [a]	R^2_{aa} [b]	AAE_{ij1} [c]	AAE_{ij2} [d]	R^2_{aae} [e]
Hashemi/IR-22 BILs population											
ارتفاع بوته plant height Plant height	*ph2*	RM27-RM5390	3.2	*ph7*	RM7338-RM21734	62.2	8.53	0.15	–	–	–
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی Days to 50% heading	*ht1*	RM8101-R10402	12.2	*ht4*	RM303-RM131	113	3.56	0.91	-0.88	1.2	0.06
طول دوره رشد Growth duration (day)	*gp1*	RM8101-R10402	14.2	*gp4*	RM303-RM131	111.1	3.09	1.51	-	-	-
	gp7	RM7564-RM6420	110	*gp11*	RM26675-RM19	21.2	-6.65	3.09	-	-	-
عملکرد دانه Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	y1	RM10442-RM246	117.9	y7	RM6420-RM234	144.3	-964	1.60	-	-	-
	y2-1	RM5390-RM13606	35.9	y5-1	RM161-RM274	280.8	-295	1.10	10	-20	0.93
	y2-1	RM5390-RM13606	35.9	y5-2	RM18265-RM18677	139	-1984	2.81	-	-	-
	y2-2	RM6-RM14076	187.8	y4	RM7051-RM303	77.5	-932	1.30	-	-	-
Hashemi/Neda BILs population											
ارتفاع بوته Plant height	*ph1*	RM9-RM2318	128.2	*ph7*	RM234-RM1364	390.1	6.23	0.13	-	-	-
روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی Days to 50% heading	*ht4*	RM16937-RM3337	212.8	*ht6*	RM217-RM225	11.4	2.61	2.01	-0.63	-0.56	0.98
طول دوره رشد Growth duration (day)	*gp7*	RM20938-RM21236	10.1	*gp3*	RM200-RM14152	215.3	3.46	1.12	-	-	-
	gp7	RM20938-RM21236	10.1	*gp8*	RM27181-RM6075	139.4	4.29	2.90	-1.02	0.93	1.95
عملکرد دانه Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	*y3*	RM231-RM21234	47.2	y8	RM2718-RM6075	190.3	-0.87	1.10	-	-	-
	y4	RM16937-RM3337	45.3	y8	RM2718-RM6075	190.3	-0.98	2.30	0.03	-0.04	1.05
	y1	RM246-RM486	132.7	y7	RM214-RM234	200.2	0.355	0.98	-	-	-

a: اثر متقابل افزایشی در افزایشی(اپیستازی)جفت QTL ، b: تنوع پوشش داده شده توسط اپیستازی، c: اثر متقابل اپیستازی با محیط ۱، d: اثر متقابل اپیستازی با محیط ۲، e: تنوع پوشش داده شده توسط اثر متقابل اپیستازی با محیط

a: additive by additive epitasis effect of the pairs QTLs. b: percentage of phenotypic variation explained by epitasis effect. c: epitasis effect and environment interaction in E1. d: epitasis effect and environment interaction in E2. e: percentage of phenotypic variation explained by epitasis and environments interaction

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

نتایج این تحقیق منجر به شناسایی برخی QTLهای مشارکت کننده در کنترل ارتفاع بوته، روز تا ۵۰درصد خوشه دهی و دوره رشد و عملکرد دانه در دو جمعیت برنج گردید. هر چند برخی از این QTLها (مانند *ph7* و *ph8* در جمعیت هاشمی/IR-22) در یک جمعیت طی هر دو سال مورد بررسی بروز نمودند و توانستند در تجزیه همزمان داده‌ها نیز سهم بالایی از تنوع صفات را پوشش دهند، اما عدم تکرار قریب به اتفاق آن‌ها در جمعیت دیگر بیانگر نقش عمده زمینه ژنتیکی در بروز اثر این QTLها می‌باشد. وجود اثر متقابل معنی‌دار با محیط برای برخی از این QTLها و همچنین عدم تکرار برخی از آنها در هر دو سال نیز نقش محیط را در بروز اثر این QTLها نشان داد. نتایج برآورد اثرات اپیستازی نشان داد که برخی از مکان‌های ژنی اگر چه دارای اثرات اصلی معنی‌دار نیستند، ولی در اثرات متقابل بین آللی ظاهر شده و اثر خود را از این طریق بر بیان ژن می‌گذارند.

سپاسگزاری

نگارندگان مراتب تقدیر و تشکر خود را از موسسه تحقیقات برنج کشور، پژوهشکده بیوتکنولوژی منطقه شمال کشور و دانشگاه شهرکرد که به اجرای این پژوهش کمک کردند، اعلام می‌دارند.

منابع مورد استفاده

References

Fu Q., P.Zhang, L. Tan, Z. Zhu, D. Ma, Y. Fu, X. Zhan, H. Cai, and C. Sun. 2010. Analysis of QTLs for yield-related traits in Yuanjiang common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). Genet. Genom. 37: 147-157.

Gomez, S. M., S. S. Kumar, P. Jeyaprakash, R. Suresh, K. R. Biji, N. Manikanda Boopathi, A. H. Price and R. Chandra Babu. 2006. Mapping QTLs linked to physio-morphological and plant production traits under drought stress in Rice (*Oryza sativa* L.) in the target environment. Am. J. Biochem. Biotechnol. 2(4): 161-169.

Guo L. B., Y .Z. Xing, H. W. Mei, C. G. Xu, C. H. Shi, P. Wu, and L. J. Luo. 2005. Dissection of component QTL expression in yield formation in rice. Plant Breed. 124: 127-132.

Higashi, N. E., and T. Izawa. 2011. Flowering time genes heading date 1 and early heading date 1 together control panicle development in rice. Plant Cell Physiol. 6: 1083-1094.

Hittalmani, S., N. Huang, B. Courtois, R. Venuprasad, H. E. Shashidhar, J. Y. Zhuang, K. L. Zheng, G. F. Liu, G. C. Wang, J. S. Sidhu, S. Srivantaneeyakul, V. P. Singh, P. G. Bagali, H. C. Prasanna, G. McLaren and G. S. Khush. 2003. Identification of QTL for growth and grain yield related traits in rice across nine locations of Asia. Theor. Appl. Genet. 107: 679–690.

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

Lin, H., Z. W. Liang, T. Sasaki and M. Yano. 2003. Fine mapping and characterization of quantitative trait loci Hd4 and Hd5 controlling heading date in rice. Breed. Sci. 53: 51-59.

Liu, G., J. Yang, H. Xu and J. Zhu. 2007. Influence of epistasis and QTL × environment interaction on

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

heading date of rice (*Oryza sativa* L.). J. Genet. Genom. 34 (7): 608-615.

Liu L. L., X. Y. Yan, L. Jiang, W. W. Zhang, M. Q. Wang, S. R. Zhou, Y. Shen, Y. Y. Shen, S. J. Liu, L. M. Chen, J. K. Wang, and J. M. Wan .2008. Identification of stably expressed quantitative trait loci for cooked rice elongation in non-Basmati varieties. Genome, 51:104-112.

Manly, K. F., J. R. Cudmore and J. M. Meer. 2001. Map Manager QTX, cross-platform software for genetic mapping. Mammalian Genome, 12: 930–932.

McCouch, S. R., L. Teytelman, Y. B. Xu, K. B. Lobos, K. Clare, M. Walton, B. Fu, R. Maghirang, Z. K. Li, Y. Z. Xing, Q. F. Zhang, I. Kono, M. Yano, R. Fjellstrom, G. DeClerck, D. Schneider, S. Cartinhour, D. Ware and L. Stein. 2002. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). DNA Res. 9: 99-207.

Mei, H. W., L. J. Luo, C. S. Ying, Y. P. Wang, X. Q. Yu, L. B. Guo, A. H. Paterson and Z. K. Li. 2003. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two testcross populations. Theor. Appl. Genet. 107: 89–101.

Murray, M. G. and W. F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant. DNA Nucleic Acids Res. 8: 4321-4325.

Nonoue, Y., K. Fujino, Y. Hirayama, U. Yamanouchi, S. Y. Lin, and M. Yano. 2008. Detection of quantitative trait loci controlling extremely early heading in rice. Theor. Appl. Genet. 116: 715–722.

Temnykh, S., W. D. Park, N. Ayres, S. Cartinhour, N. Hauck, L. Lipovich, Y. G. Cho, T. Ishii and S. R. McCouch. 2000. Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 100: 697-712.

Thomson M. J., T. H. Tai, A. M. McClung, X. H. Lai, M. E. Hinga, K. B. Lobos, Y. Xu, C. P. Martinez and S. R. McCouch. 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. Theor. Appl. Genet. 107: 479-493.

Wang, C. S., J. J. Rutledge and D. Gianola. 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. Genet. Select. Evol. 26: 91-115.

Wang, S., C. J. Basten and Z. B. Zeng. 2006. Windows QTL Cartographer 2.5. Dep. of Statistics, North Carolina State University., Raleigh, NC. Available at: http://www.statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm.

Wei, X., J. Xu, H. Guo, L. Jiang, S. Chen, C. Yu, Z. Zhou,P.Hu, H. Zhai and J. Wan. 2010. DTH8 suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously. Plant Physiol. 153: 1747-1758.

Xue, W., Y. Xing, X. Weng, Y.Zhao, W. Tang, L.Wang, H.Zhou, S. Yu, C. Xu, X. Li and Q. Zhang. 2008. Natural variation in Ghd7 is an important regulator of heading date and yield potential in rice. Nature Genet. 40: 761 - 767.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

Yan W. H., P. Wang, H. X. Chen, H. J. Zhou, Q.P. Li, C.R. Wang, Z. H. Ding, Y. S. Zahng, S. B. Yu, Y. Z. Xing and Q. F. Zhang. 2011. A major QTL *Ghd8* plays pleiotropic roles in regulating grain productivity plant height and heading date in rice. Mol. Plant. 4: 319-330.

Yang, G., Y. Xing, S. Li, J. Ding, B. Yue, K. Deng, Y. Li and Y. Zhu. 2006. Molecular dissection of developmental behavior of tiller number and plant height and their relationship in rice (*Oryza sativa* L.). Hereditas, 143: 236-245.

Yang, J. and J. Zhu. 2005. Methods for predicting superior genotypes under multiple environments based on QTL effects. Theor. Appl. Genet. 110: 1268-1274.

Yang, J., C. Hu, H. Hu, R. Yu, Z. Xia, X. Ye and J. Zhu. 2008. QTLNetwork: mapping and visualizing genetic architecture of complex traits in experimental populations. Bioinformatics, 24(5): 721–723

Yano, M. and T. Sasaki. 1997. Genetic and molecular dissection of quantitative traits in rice. Plant Mol. Boil. 35: 885-891.

Yu, S. B., J. X. Li, Y. F. Tan, Y. J. Gao, X. H. Li and Q. F. Zhang. 1997. Importance of epistasis as the genetic basis of heterosis in anelite rice hybrid. Proc. Natl. Acad. Sci. USA . 94: 9226–9231.

Zeng, Z. B. 1994. Precision mapping of quantitative trait loci. Genetics, 136: 1457–1468.

Zhang, Y., L. Luo, T. Liu, C. Xu and Y. Xing. 2009. Four rice QTL controlling number of spikelets per panicle expressed the characteristics of single Mendelian gene in near isogenic backgrounds. Theor. Appl. Genet. 118: 1035–1044.

Zhang, Y., L. Lou, C. Xuo, Q. Zhang and Y. Xing. 2006. Quantitative trait loci for panicle size, heading date and plant height co-segregating in trait-performance derived near-isogenic lines of rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 113:361–368.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]

Mapping quantitative trait loci for plant height, heading time, growth duration and grain yield in two advanced back cross populations of rice

Hosseini Chaleshtari, M.[1], S. Houshmand[2], Sh. Mohammadi[3], A. Tarang[4], M. Khoddambashi[3] and H. Rahim Soroush[1]

ABSTRACT

Hosseini Chaleshtari, M., S. Houshmand, Sh. Mohammadi, A. Tarang, M. Khoddambashi and H. Rahim Soroush. 2012. Mapping quantitative trait loci for plant height, heading time, growth duration and grain yield in two advanced back cross populations of rice. **Iranian Journal of Crop Sciences. 14(3): 235-249. (In Persian).**

Two BC_2F_4 populations of rice, Hashemi/IR67418-110-3222 (Hashemi/IR-22) and Hashemi/Neda, Hashemi was as recurrent parent, were studied during two years (2009 and 2010) for QTLs detection for plant height, days to 50% heading, growth duration and yield. The role of epistasis and QTL-environment interaction on these traits was also studied. Hashemi/IR-22 and Hashemi/Neda lines were tested with 61 and 65 polymorph SSR primer pairs, respectively, which were distributed on all chromosomes. The total genetic maps lengths of Hashemi/IR-22 and Hashemi/Neda were 1103.45cM and 1260.53cM, respectively. Four to five QTLs were detected for each trait in Hashmi/IR-22 population with at least two QTLs repeated for each trait during two years. These QTLs explained 5.6% to 37% of the traits phenotypic variation. In Hashemi/Neda population three to four QTLs were detected for each trait, with at least one QTL repeated for each trait during two years. These QTLs explained 5.1% to 43.2% of the traits phenotypic variation. From detected QTLs, only a plant height QTL flanked by RM234 marker on chromosome 7 and a yield QTL flanked by RM3337 and were the same in the two populations. This indicated the important role of genetic background effect on controlling these traits. In each population there were QTLs that simultaneously affected two or more of the studied traits, e. g. plant height, days to 50% heading, growth duration and yield, which suggested pleiotropic or linkage gene effects for these traits. Two QTLs on chromosomes 6 and 8 for growth duration and QTL on chromosome 8 for yield in Hashemi/IR-22 population and one QTL on chromosome 6 for days to 50% heading and growth duration and one QTL on chromosome 3 for yield in Hashemi/Neda showed interaction with environment. Also in each population a pair of QTLs was recognized with significant epistatic effect.

Key words: Chromosome, Epistasis, Pleiotropic, Rice and QTLs.

Received: July, 2011 **Accepted: January, 2012**

1- Faculty member, Rice Research Institute of Iran, Rasht, Iran
2- Associate Prof. Shahr-e-Kord University, Shahr-e-Kord, Iran (Corresponding author) (Email: s_hoshmand@yahoo.com)
3 - Associate Prof., Shahr-e-Kord University, Shahr-e-Kord, Iran
4- Faculty member, Agricultural Biotechnology Research Institute of North-Iran, Rasht, Iran

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1391.14.3.3.8]