

مروری بر نقشه برداری QTL و کاربرد آن در جنس براسیکا (قسمت سوم)

A review on QTL mapping and its applications in Brassica (part three)

QTL به قسمتی از ژنوم گفته می‌شود که روی صفت کمی تأثیر می‌گذارد و معمولاً شامل تعداد بسیار زیادی ژن است که همه یا بعضی از آن‌ها به صفت کمی مربوط می‌شود. نقشه‌برداری صفات کمی روشی استاندارد برای بیان این ویژگی‌ها در جمعیت‌هاست. در این روش تفرق هم‌زمان صفت کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می‌شود و در نهایت تعداد QTL، نوع عمل آن‌ها و میزان اثر هر یک برآورد شده و مکان آن‌ها روی ژنوم شناسایی می‌گردد و می‌توان از نتایج آن در گزینش به کمک نشانگر استفاده کرد. نشانگرهای ریزماهواره به علت اختصاصی بودن، ماهیت همباز، داشتن چند شکلی بالا و مکان ژنومی مشخص، نشانگرهای مناسبی برای مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی هستند. در گیاهان خانواده چلیپاییان استفاده از این نشانگرها گسترش زیادی پیدا کرده است. مطالعات گسترده ژنومی روشی مناسب برای شناسایی صفات نشانگر در ژرم‌پلاسم‌های بزرگ است. اهداف اصلاحی از تهیه نقشه‌های ژنتیکی در گونه‌های براسیکا عبارتند از (۱) استفاده در اصلاح از طریق هیبرید (۲) تعیین ژن‌های مقاومت به بیماری‌ها (۳) مطالعه ژنتیک صفات کنترل‌کننده کیفیت دانه و کنجاله (۴) تعیین QTL‌های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک و مرتبط با عملکرد دانه (فتحی و همکاران، ۱۳۹۱). مکان‌یابی QTL‌های مرتبط با تنش‌ها می‌تواند در استراتژی به‌نژادی برای تحمل تنش، به‌ویژه برای انتخاب در شرایطی که معمولاً وراثت‌پذیری پایین است مورد استفاده قرار می‌گیرد (فتحی و همکاران ۱۳۹۱). در بررسی QTL‌های صفات مرتبط با خشکی در کلزا یازده QTL برای صفات عملکرد، وزن هزار دانه، طول خورجین، تعداد دانه در خورجین و طول نوک خورجین صرفاً در شرایط خشکی گزارش شده است. یک QTL کنترل‌کننده عملکرد روی گروه پیوستگی DY1a حد فاصل دو نشانگر O13.1490 و CB10281 فقط در شرایط خشکی آشکار شد که می‌تواند به‌عنوان مکان ژنی تحمل خشکی در نظر گرفته شود. از چنین QTL‌هایی می‌توان در گزینش به کمک نشانگر استفاده نمود. نقشه‌های مقایسه‌ای بین گیاهان مدل مانند آراییدوپسیس و گونه‌های مرتبط، ابزاری قدرتمند برای شناسایی ژن‌های کاندید می‌باشد. به‌عنوان مثال لانگ و همکاران (۲۰۰۷) ژن کاندید BnFLC10 تحت qFT10-4 QTL را به دست آوردند و این ژن کلیدی، کنترل‌کننده تفاوت کلزا زمستانه و بهاره را براساس آنالیز نقشه‌برداری مقایسه‌ای شناسایی کردند. عملکرد دانه و صفات مرتبط با عملکرد دانه صفات کمی پیچیده‌ای هستند که با ژن‌های چندگانه کنترل می‌شوند. QTL‌های معرفی شده برای این صفات در A10, C3 و C6 قرار دارند (مکافری و همکاران، ۲۰۰۸). از آن جایی که نقشه ژنتیکی جمعیت‌های مختلف برای کلزا متفاوت است، تعداد لوکوس‌های QTL شناسایی شده در جمعیت‌های مختلف نیز متفاوت است. بنابراین شناسایی QTL در جمعیت‌های مختلف ضروری است. براساس مطالعات دو دهه گذشته بین ۳ تا ۶۳ QTL برای کیفیت روغن، چهار عدد برای محتوای روغن، دو عدد برای محتوای پروتئین و دو عدد برای محتوای اولئیک‌اسید در کلزا شناسایی شده است (چن و همکاران، ۲۰۱۷). در مطالعه‌ای دیگر بر روی ۲۱۷ لاین دابل هاپلوئید چهار QTL اصلی برای صفت روز تا گلدهی شناسایی شد (لیو همکاران ۲۰۱۶). چنگ و همکاران (۲۰۱۶) نیز چهار QTL برای وزن بذر معرفی کردند. ته و مولر (۲۰۱۶) بین دو تا شش QTL برای چهار اسیدچرب، پنج عدد

برای محتوای روغن، چهار عدد برای محتوای پروتئین، سه عدد برای وزن بذر و بین یک تا شش عدد برای محتوای فیتواسترول گزارش کردند. فتاحی و همکاران (۲۰۱۸) در یک بررسی بر روی کولتیوارهای سازگار شده‌ی محلی در ایران بین سه تا چهار QTL برای عملکرد بذر، وزن بذر، محتوای روغن و پروتئین شناسایی کردند که برخی از آلل‌های شناسایی شده برای صفات ژنومی برای بهبود آن صفات در کولتیوارهای محلی در ایران می‌تواند مناسب باشد. شی و همکاران (۲۰۰۹) نیز با استفاده از دو جمعیت مضاعف هاپلوئید و f2 تعداد ۷۸۵ QTL برای عملکرد و هشت صفت مرتبط با عملکرد را در ده محیط شناسایی کردند. روت و همکاران (۲۰۱۸) نه C-QTL در جمعیت‌های کلزا شناسایی کردند که دو عدد آن‌ها با QTL اصلی روغن همبستگی داشت که با لوکوس اروسیک‌اسید بر روی گروه لینکاژی A08 و B07 نیز هم‌پوشانی داشت. در مطالعه مذکور لوکوس مهمی که منجر به تنوع محتوای روغن گردید یافت شد. که در برنامه‌های اصلاحی برای افزایش محتوای روغن با پیشینه اروسیک‌اسید بالا و صفر می‌تواند مورد استفاده قرار بگیرد. در آخر اینکه نشانمند کردن ژن‌ها (Gene tagging) و تعیین محل آن‌ها (Gene mapping) از گام‌های اولیه و اساسی در اصلاح نباتات است که علاوه بر کاهش هزینه‌ها می‌تواند سبب سرعت بخشیدن به انتخاب و پیشرفت‌های ژنتیکی شود.

منابع:

فتاحی، ح.، محمدی، و.، زینالی، ح. ۱۳۹۱. شناسایی QTL‌های صفات مرتبط با تحمل خشکی در کلزا. پایان‌نامه ارشد رشته اصلاح نباتات. دانشگاه تهران.

- Rout, K., Yadav, B., Yadav, S., Mukhopadhyay, A., Gupta, V., Pental, D., Pradhan, A. 2018. QTL landscape for oil content in Brassica juncea: Analysis in multiple Bi-Parental populations in high and "0" erucic background. *Frontiers in plant science*. 9, 1488.
- Long, Y., Shi, J., Qiu, D., Li, R., Zhang, C., Wang, J., et al. 2007. Flowering time quantitative trait loci analysis of oilseed Brassica in multiple environments and genome-wide alignment with Arabidopsis. *Genetics* 177, 2433–2444.
- Maccaferri, M., Sanguineti, M. C., Corneti, S., Ortega, J. L. A., Salem, M. B., Bort, J., et al. 2008. Quantitative trait loci for grain yield and adaptation of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) across a wide range of water availability. *Genetics* 178, 489–511.
- Fattahi, F., Fakheri, B., Solouki, M., Möllers, C., Rezaizad, A. 2018. Mapping QTL controlling agronomic traits in a double haploid population of winter oilseed rape. *Journal of genetics*. 97, 5. 1389-1406.
- Liu S., Fan C., Li J., Cai G., Yang Q., Wu J. et al. 2016. a Genome-wide association study reveals novel elite allelic variations in seed oil content of *Brassica napus*. *Theor. Appl. Genet.* 129, 1203–1215.
- Chen J., Wang B., Zhang Y., Yue X., Li Z. and Liu C. 2017 High-density ddRAD linkage and yield-related QTL mapping delimits a chromosomal region responsible for oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Breed. Sci.* 67, 296–306.
- Teh L. and Möllers C. 2016 Genetic variation and inheritance of phytosterol and oil content in a doubled haploid population derived from the winter oilseed rape Sansibar × Oase cross. *Theor. Appl. Genet.* 129, 181–199.
- Geng X., Jiang C., Yang J., Wang L., Wu X. and Wei W. 2016 Rapid identification of candidate genes for seed weight using the SLAF-Seq method in *Brassica napus*. *PLoS One*.
- Shi, J., Li, R., Qiu, D., Jiang, C., Long, Y., Morgan, C., Bancroft, I., Zhao, J., and Meng, J. 2009. Unraveling the complex trait of crop yield with quantitative trait loci mapping in *Brassica napus*. *Genetics*.