



## پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱-۱۳۹۱ اسفند

(محرور جالش های تولید پایدار)

### برآورد فاصله ژنتیکی لاین‌های ایزوسیتوپلاسمی نرعقیم و نگهدارنده برنج براساس نشانگرهای مورفولوژیک و گرده‌شناسی

عمار افخمی قادی<sup>۱\*</sup>، نادعلی بابائیان جلودار<sup>۲</sup>، نادعلی باقری<sup>۳</sup>

۱، ۲ و ۳ به ترتیب کارشناس ارشد اصلاح نباتات پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، استاد و استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

\* ammar\_136447@yahoo.com

#### چکیده

حفظ خلوص ژنتیکی لاین‌های CMS برای بهره‌برداری از پتانسیل هتروزیس ضروری می‌باشد از این‌رو در این تحقیق میزان شباهت ژنتیکی ۱۸ لاین والدینی و ۴۰ لاین نرعقیم برنج هیبرید که پس از هفت نسل تلاقی برگشتی با لاین نرعقیم بین‌المللی اصلاح گردیدند با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیک و گرده‌شناسی مورد ارزیابی قرار گرفت. ضریب تشابه لاین‌های نرعقیم سیتوپلاسمی با والد نگهدارنده نشان داد که اکثر لاین‌های نرعقیم همچون حسنی A و خزر A بعد از هفت نسل تلاقی برگشتی شباهت زیادی با لاین نگهدارنده پیدا کرده‌اند. نتایج حاصل از محاسبه شباهت بین جفت افراد نشان داد تمامی لاین‌های نرعقیم نعمت شباهت یکسانی با (D<sub>ij</sub> = ۰/۹۲) رقم والدی خود داشته است بنابراین تمامی لاین‌ها به یک میزان به خلوص ژنتیکی دست یافتند. ضریب تشابه ارقام بکار رفته در این تحقیق نشان داد که دو رقم شصتک محمدی و IR67684B بیشترین میزان تفاوت را داشتند بنابراین پیش‌بینی می‌شود که ارقام هیبرید حاصل از تلاقی این دو رقم هتروزیس بالایی از خود نشان دهند. تجزیه کلاستر لاین‌های نعمت نشان داد که ضریب همبستگی کوفنتیک (r) بدست آمده از مقایسه ماتریس عدم تشابه و دندروگرام ۰/۶۲ است که میزان انطباق دندروگرام حاصله و ماتریس داده‌ها را نشان می‌دهد. از نتایج این تحقیق می‌توان جهت انتخاب والدین مناسب و استفاده از آنها جهت پروژه‌های اصلاحی مبتنی بر هیبریداسیون و دیگر روش‌ها به منظور یافتن نتایج با عملکرد بالا استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: همسانی ژنتیکی، نرعقیمی ژنتیکی - سیتوپلاسمی، ضریب تشابه، هیبرید برنج.

#### مقدمه

از آنجا که برنج هیبرید ۲۰-۱۵٪ عملکرد بیشتری را نسبت به بهترین لاین‌های اصلاحی پاکوتاه نشان داده است (Virmani *et al.*, 2003). بنابراین تکنولوژی برنج هیبرید راهکار مؤثری در افزایش بیشتر عملکرد جهانی برنج ارائه کرده است (Janaiah and Hossain, 2000). در این بین جهت تولید بذرهای هیبرید تجاری در برنج، به کارگیری پدیده نرعقیمی از ضروریات امر می‌باشد. اگرچه انواع مختلف نرعقیمی در برنج شناسایی شده‌اند، از میان آن‌ها نرعقیمی ژنتیکی - سیتوپلاسمی در توسعه و تکامل فن‌آوری تولید بذر هیبرید نقش بیشتری دارد. در دو دهه گذشته حدود ۲۰ منبع نرعقیم شناسایی شده است اما از منبع WA به دلیل ایجاد لاین‌های نرعقیم پایدار و وجود تعداد زیاد لاین‌های اعاده‌کننده برای آنها، در تولید هیبریدهای تجاری بیشتر استفاده می‌شود (Virmani, 1994).



## پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱۳۹۱ اسفند ۱۲-۱

(محور چالش های تولید پایدار)

طبقه بندی صحیح از لاین های والدینی در میان گروه های هتروتیک برای توسعه برنامه های اصلاحی برنج هیبرید امری ضروری است که می تواند به اصلاح کننده در انتخاب والدین و پیش بینی عملکرد هیبریدهای F<sub>1</sub> کمک شایانی کند. طی سال های گذشته با تلاش های بی وقفه در اجرای برنامه های اصلاحی برنج هیبرید در ایران، تعدادی لاین نرعیتم ژنتیکی - سیتوپلاسمی تولید گردید که این لاین ها در شرایط ارزیابی و یا به کارگیری در تولید هیبرید F<sub>1</sub> مورد استفاده قرار می گیرند (Babaeian jelodar *et al.*, 2005). با بررسی های به عمل آمده، نشان داده شده که لاین های B بیشترین گیاهان خارج از تیپ را در لاین های CMS تشکیل می دهند. طبق گزارش سیندهو و کومار، (2002) خلوص ژنتیکی بذر هیبرید تجاری در هند ۹۸٪ می باشد. گزارش شده که حتی ۱٪ ناخالصی در لاین مادری، می تواند عملکرد بذر هیبرید را حدود ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کاهش دهد (یاشیتولا و همکاران، ۲۰۰۲). بنابراین حفظ خلوص ژنتیکی لاین های CMS برای بهره برداری از پتانسیل هتروزیس ضروری می باشد (Yashitola *et al.*, 2002). ارزیابی خلوص بذور هیبرید و لاین های والدینی به طور معمول با استفاده از آزمون GOT صورت می گیرد که بر اساس ارزیابی خصوصیات مورفولوژیک و گلدهی در مرحله بلوغ می باشد (Garg *et al.*, 2006; Sang *et al.*, 2006). تجزیه فاصله ژنتیکی نیز ابزار کمی مفیدی برای برنامه های اصلاحی در اختیار اصلاحگر قرار می دهد و حلقه مهمی بین حفاظت و بهره برداری از منابع ژنتیکی موجود، می باشد. آنالیز فاصله ژنتیکی ارقام برنج بر اساس صفات مورفولوژی - زراعی به طور معمول انجام می - گیرد (Malone *et al.*, 2009). نشانگرهای مورفولوژیکی با استفاده از تکنیک های چند متغیره با مزایایی همچون عدم نیاز به امکانات پیچیده و گران قیمت برای اندازه گیری ها، ساده بودن و کم هزینه بودن هنوز هم جهت تعیین فواصل ژنتیکی کمی در بین ژنوتیپ های گندم و جو دوسر به کار گرفته می شوند (Roy *et al.*, 2004). در مطالعات اخیر، از نشانگرهای مولکولی ژنتیکی همچون AFLP، RAPD، RFLP نیز استفاده شده است (Almanza *et al.*, 2003). به طور کلی هدف از این تحقیق، ارزیابی انشعاب ژنتیکی در میان لاین های ایزوسیتوپلاسمی و ارقام والدی هیبرید برنج و پیش بینی مطلوبیت لاین ها در برنامه تولید برنج هیبرید و خالص سازی لاین های برنج ایزوسیتوپلاسمی با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیک بود.

### مواد و روش ها

مواد ژنتیکی مورد استفاده شامل هفت لاین نرعیتم سیتوپلاسمی (A لاین) و نگهدارنده آن ها (B لاین ها)، از مرکز تحقیقات برنج فیلیپین و همچنین ۳۳ لاین نرعیتم حاصل از هفتمین تلاقی برگشتی ۱۲ رقم بومی و اصلاح شده ایرانی با لاین های نرعیتم معرفی شده از ایری و لاین های والدینی در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری بود. در سال زراعی ۱۳۸۹، بذور لاین های نرعیتم و والدین آن ها به صورت آزمایشی در قالب طرح پایه بلوک های کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردید.

جهت ارزیابی خصوصیات گلچه و صفات آلوگامیک صفاتی همچون طول کیسه بساک، طول میله پرچم، طول کلاله، طول گلوم، میزان خروج خوشه از غلاف، درصد باروری دانه گرده، شکل دانه گرده، درصد باروری خوشه ها، طول گلچه و عرض گلچه و همچنین صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی شامل تعداد روز تا ۵٪ گلدهی، ۵۰٪ درصد گلدهی، پایان گلدهی، رنگ بساک، رنگ کلاله، وجود یا فقدان ریشک، اندازه ریشک، مقبولیت فنوتیپی، تحمل به ساقه خوار، رنگ پایه بوته، یکنواختی فیزیکی لاین ها، تعداد بوته های خارج از تیپ در لاین ها، رنگ نوک دانه، ارتفاع بوته در مرحله خوشه دهی، تعداد پنجه



بارور، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، طول خوشه، تعداد گلچه، طول دوره گلدهی و مساحت برگ پرچم اندازه‌گیری شدند. همه اندازه‌گیری صفات مطابق سیستم ارزیابی استاندارد انجام گرفت (IRRI, 2002). جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار NTSYS 2.02 و ضریب تشابه با متوسط فاصله اقلیدسی و با الگوریتم UPGMA صورت گرفت. برای تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها، از نرم افزار SPSS و NTSYS استفاده گردید.

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از محاسبه شباهت بین جفت افراد که با استفاده از برآورد ضریب متوسط فاصله اقلیدسی ( $D_{ij}$ ) انجام پذیرفت نشان داد که در بین لاین‌های نرعیقیم نعمت، نعمت A (نعمت  $\times$  IR68888A) و نعمت A (نعمت  $\times$  IR62829A) بیشترین شباهت ( $D_{ij} = 1$ ) را دارا بودند و البته سایر لاین‌های خواهری نیز شباهت بسیار بالایی با یکدیگر داشتند ( $D_{ij} > 0.96$ ). تمامی لاین‌های نرعیقیم نعمت شباهت یکسانی با ( $D_{ij} = 0.92$ ) رقم والدی خود داشته است بنابراین تمامی لاین‌ها به یک میزان به خلوص ژنتیکی دست یافتند. (جدول ۱). در زمانی که والدین از نظر ژنتیکی شبیه به هم باشند چند تلاقی محدود ممکن است کافی به نظر برسد در حالی که با انتخاب ژنوتیپ‌های متفاوت به عنوان والدین در تلاقی برگشتی جهت حذف اطلاعات ژنتیکی نامطلوب، به چندین تلاقی برگشتی نیاز می‌باشد (Farsi, 2007).

جدول ۱. ضریب تشابه لاین‌های نرعیقیم سیتوپلاسمی نعمت با یکدیگر و والد نگهدارنده (ضریب متوسط فاصله اقلیدسی)

	نعمت A (نعمت $\times$ IR68888A)	نعمت A (نعمت $\times$ IR68899A)	نعمت A (نعمت $\times$ IR62829A)	نعمت A (نعمت $\times$ IR68897A)
نعمت A (نعمت $\times$ IR68888A)	۱			
نعمت A (نعمت $\times$ IR68899A)	۰/۹۹	۱		
نعمت A (نعمت $\times$ IR62829A)	۱	۰/۹۸	۱	
نعمت A (نعمت $\times$ IR68897A)	۰/۹۶	۰/۹۵	۰/۹۸	۱
نعمت B	۰/۹۳	۰/۹۲	۰/۹۲	۰/۹۲

ضریب تشابه لاین‌های نرعیقیم سیتوپلاسمی با والد نگهدارنده نشان داد که اکثر لاین‌های نرعیقیم همچون حسنی A و خزر A بعد از هفت نسل تلاقی برگشتی شباهت زیادی با لاین نگهدارنده پیدا کرده‌اند (جدول ۲). ضریب تشابه ارقام بکار رفته در این تحقیق (ارقام بین‌المللی نگهدارنده باروری و ارقام ایرانی) نشان داد که دو رقم شصتک محمدی و IR67684B بیشترین میزان تفاوت را داشتند (جدول ۳) بنابراین پیش‌بینی می‌شود که ارقام هیبرید حاصل از تلاقی این دو رقم هتروزیس بالایی از خود نشان دهند. به طور کلی، رقم شصتک محمدی در بین ارقام مورد مطالعه، ضریب شباهت پایین تری در بررسی جفت افراد از خود نشان داده است که می‌توان این تفاوت را ناشی از زودرسی، دارا بودن برگ پرچم وسیع، ارتفاع بلند و خصوصیات متفاوت در مورفولوژی گلچه دانست. رقم حسنی ریشک قرمز نیز تفاوت نسبتاً بالایی با سایر ارقام از خود نشان داده است که البته این رقم شباهت بالایی ( $D_{ij} = 0.90$ ) با رقم حسنی داشته

# پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱-۱۳۹۱ اسفند

(محور جالش های تولید پایدار)



است. رقم حسنی ریشک قرمز از توده جمعیت رقم حسنی خالص گردیده است. ضریب تشابه نشان داد که رقم ندا و نعمت شباهت بالایی با یکدیگر دارند ( $D_{ij} = 0/92$ ) از آنجا که این دو رقم، لاین خواهری یکدیگرند شباهتشان قابل پیش بینی بود. بیشترین تفاوت رقم آمل ۳ با دو رقم حسنی ریشک قرمز ( $D_{ij} = 0/36$ ) و حسنی ( $D_{ij} = 0/39$ ) بوده است (جدول ۳) که از این تفاوت می توان در برنامه دورگ گیری و اصلاح ارقام و ایجاد تنوع ژنتیکی بیشتر بهره برد. چنانچه تفاوت بین والدین شرکت کننده در تلاقی بیشتر باشد امکان ظهور ترکیب مطلوب جدید بیشتری در میزان جمعیت کمتر، وجود خواهد داشت بنابراین گزینش بوته برتر با سهولت بیشتری انجام می گیرد.

لاین نرعقیم شصتک محمدی A (شصتک محمدی × دانش A۲) (L15) و نگهدارنده شصتک محمدی B (L60) نیز در یک گروه قرار گرفتند. بنابراین این لاین نیز به خلوص ژنتیکی بالایی رسیده است. این دو لاین در پایین ترین قسمت دندروگرام قرار گرفتند (داده ها نمایش داده نشد) که نشان دهنده آن است که با سایر ژنوتیپها بیشترین تفاوت ژنتیکی را دارد و می توان از آن در تلاقی ها، برای بررسی مولکولی توارث پذیری استفاده نمود البته این لاین از نظر خصوصیات زراعی (علی رغم زودرسی و کیفیت دانه) مطلوب به نظر نمی رسد. از نتایج این تحقیق می توان جهت انتخاب والدین مناسب و استفاده از آنها جهت پروژه های اصلاحی مبتنی بر هیبریداسیون و دیگر روش ها به منظور یافتن نتاج با عملکرد بالا استفاده نمود. هدف از تجزیه کلاستر، گروه بندی افراد مورد مطالعه بر اساس تشابه یا تفاوت هایشان می باشد. افرادی که در یک گروه قرار می گیرند از نظر ژنتیکی مشابه بوده و افرادی که در دو طرف دندروگرام گروه بندی قرار می گیرند دارای اختلاف و تفاوت بیشتری از نظر ژنتیکی خواهند بود و از طرف دیگر امکان دورگ گیری بین ارقام با بیشترین تفاوت ژنتیکی، امکان ایجاد هتروزیس بیشتر و یا امکان انتقال صفات نادر را خواهد داشت. لذا بر اساس اطلاعات حاصل از کلاستر داده های زراعی و مورفولوژی گل و بوته، میزان تشابه آنها براساس جدول ماتریس تشابه، تلاقی بین افراد موجود در یک گروه بهتر است صورت نگیرد چرا که شباهت بیشتری با هم دارند. بنابراین جهت استفاده از تنوع موجود، مثلاً می توان ارقامی که در گروه های بالا و پایین دندروگرام قرار گرفته اند با توجه به خصوصیات زراعی و مورفولوژی مطلوب آنها در برنامه های دورگ گیری و غیره استفاده نمود.

جدول ۲. ضریب تشابه تعدادی از لاین های نرعقیم سیتوپلاسمی با یکدیگر و والد نگهدارنده (ضریب متوسط فاصله اقلیدسی)

خزر A	IR68899A	IR62829A	IR58025A	IR69224A	IR68280A	IR68888A	دانش A۲ × حسنی ریشک قرمز (شصتک محمدی × حسنی ریشک قرمز)	دانش A۲ (شصتک محمدی × شصتک محمدی A)	دانش A۲ (حسنی × حسنی)
۰/۶۴	۰/۶۸	۰/۶۶	۰/۵۴	۰/۷۴	۰/۶۵	۰/۷۳	۰/۵۳	۰/۵۳	۰/۹۲
۰/۵۷	۰/۵۹	۰/۴۱	۰/۲۰	۰/۵۷	۰/۵۰	۰/۵۷	۰/۵۱	۰/۸۷	۰/۸۶
۰/۵۵	۰/۵۵	۰/۶۱	۰/۵۱	۰/۷۱	۰/۵۵	۰/۶۳	۰/۷۶	۰/۸۷	۰/۸۷
۰/۸۹	۰/۸۹	۰/۹۲	۰/۸۸	۰/۸۶	۰/۸۹	۰/۹۵	۰/۵۹	۰/۷۰	۰/۷۰
۰/۹۲	۰/۹۲	۰/۹۳	۰/۹۰	۰/۸۹	۰/۹۴	۰/۹۴	۰/۶۳	۰/۷۰	۰/۷۰
۰/۹۴	۰/۸۷	۰/۸۹	۰/۸۰	۰/۸۹	۰/۸۸	۰/۹۰	۰/۷۶	۰/۷۳	۰/۷۳
۰/۸۱	۰/۷۷	۰/۷۷	۰/۹۳	۰/۸۳	۰/۸۱	۰/۸۰	۰/۲۸	۰/۸۳	۰/۸۳
۰/۷۶	۰/۸۳	۰/۸۸	۰/۸۱	۰/۸۰	۰/۸۰	۰/۹۳	۰/۵۶	۰/۳۷	۰/۳۷
۰/۸۱	۰/۹۴	۰/۸۸	۰/۸۵	۰/۸۰	۰/۸۹	۰/۹۰	۰/۶۴	۰/۶۹	۰/۶۹
۰/۹۷	۰/۸۴	۰/۸۵	۰/۸۲	۰/۸۹	۰/۸۵	۰/۸۷	۰/۶۳	۰/۷۲	۰/۷۲

اعداد روی قطر، ضرایب تشابه CMS لاین و لاین نگهدارنده مربوط به رقم مورد نظر است.

# پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱-۱۳۹۱ اسفند

(محور چالش های تولید پایدار)



تجزیه کلاستر لاین‌های نعمت (شکل ۱) نشان داد که ضریب همبستگی کوفتیک (r) بدست آمده از مقایسه ماتریس عدم تشابه و دندروگرام ۰/۶۲ است که میزان انطباق دندروگرام حاصله و ماتریس داده‌ها را نشان می‌دهد. این مقدار از ضریب، برای نمایش گرافیکی فاصله حد متوسطی محسوب می‌شود. ضریب تبیین (r<sup>2</sup>) برابر ۰/۳۸ بدست آمد نشان‌دهنده آن است که ۰/۶۲ از تغییرات تصادفی هستند. بر اساس میانگین تشابه ژنتیکی (۱/۱۵) به عنوان ارزش برش کلاستر، دو گروه می‌توان مشاهده کرد. تمامی لاین‌ها به همراه رقم نگهدارنده نعمت در یک گروه قرار دارند و شباهت ژنتیکی این ژنوتیپ‌ها را می‌رساند. در گروه دوم رقم نگهدارنده شصتک محمدی و لاین نرعقیم حاصل از آن قرار گرفت.

جدول ۳. ضریب تشابه تعدادی از ارقام والدینی و ارقام بین‌المللی نگهدارنده باروری (ضریب متوسط فاصله اقلیدسی)

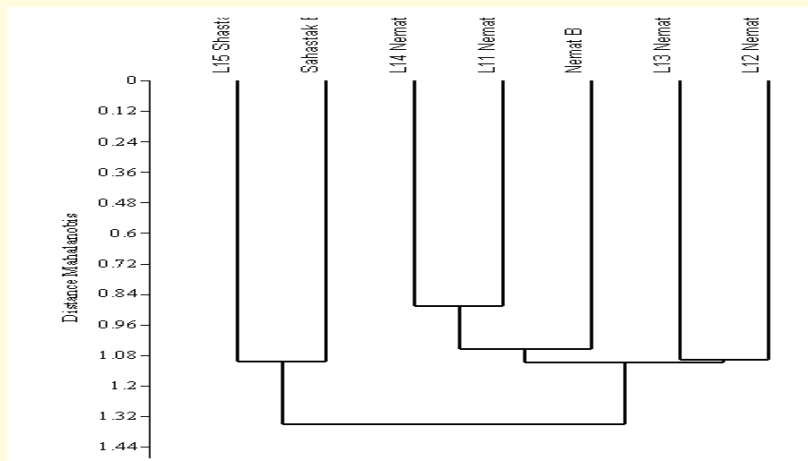
IR68897 B	IR68888 B	IR68280 B	IR69224 B	IR58025 B	IR62829 B	IR67684 B	IR68899B	خزر B	سنگ طارم B	سپیدرود B	شصتک محمدی B	اوندا B	نعمت B	ندا B	گرده B	دشت B	حسنى ريشک قرمز B	حسنى B
IR68888 B	۰/۹۹																	
IR68280 B	۰/۹۷	۰/۹۷																
IR69224 B	۰/۹۲	۰/۹۱	۰/۹۴															
IR58025 B	۰/۸۶	۰/۸۵	۰/۸۳	۰/۶۸														
IR62829 B	۰/۹۰	۰/۹۴	۰/۸۹	۰/۷۷	۰/۸۲													
IR67684 B	۰/۸۵	۰/۸۷	۰/۸۷	۰/۶۹	۰/۹۰	۰/۸۲												
IR68899B	۰/۹۳	۰/۹۵	۰/۹۴	۰/۸۷	۰/۸۰	۰/۸۸	۰/۸۱											
خزر B	۰/۹۱	۰/۸۹	۰/۹۳	۰/۹۷	۰/۷۳	۰/۷۳	۰/۷۹	۰/۸۱										
سنگ طارم B	۰/۷۹	۰/۷۸	۰/۸۷	۰/۸۵	۰/۵۱	۰/۷۵	۰/۵۶	۰/۸۴	۷۸									
سپیدرود B	۰/۷۷	۰/۷۷	۰/۸۷	۰/۷۹	۰/۶۲	۰/۷۷	۰/۵۷	۰/۸۱	۷۱	۰/۹۳								
شصتک محمدی	۰/۴۹	۰/۴۶	۰/۴۵	۰/۶۵	۰/۰۵	۰/۲۸	۰	۰/۵۰	۱۵۶	۰/۶۶	۰/۴۶							
اوندا B	۰/۸۰	۰/۸۲	۰/۸۵	۰/۸۹	۰/۵۱	۰/۷۶	۰/۵۶	۰/۸۳	۷۹	۰/۹۴	۰/۸۸	۰/۶۲						
نعمت B	۰/۹۲	۰/۸۹	۰/۹۶	۰/۹۱	۰/۸۵	۰/۸۲	۰/۸۶	۰/۸۷	۹۲	۰/۸۲	۰/۸۴	۰/۳۸	۷۹					
ندا B	۰/۸۸	۰/۸۸	۰/۹۳	۰/۸۵	۰/۸۰	۰/۹۰	۰/۷۶	۰/۹۰	۸۰	۰/۹۰	۰/۹۶	۰/۴۳	۸۸	۰/۹۲				
گرده B	۰/۷۷	۰/۷۶	۰/۸۰	۰/۸۴	۰/۴۹	۰/۷۸	۰/۴۵	۰/۷۱	۷۶	۰/۹۰	۰/۸۶	۰/۶۴	۸۹	۰/۷۶	۰/۸۴			
دشت B	۰/۹۳	۰/۹۰	۰/۹۱	۰/۹۳	۰/۸۰	۰/۷۷	۰/۷۱	۰/۸۸	۹۱	۰/۸۴	۰/۸۴	۰/۶۷	۸۴	۰/۹۲	۰/۸۹	۰/۸۰		
حسنى ريشک	۰/۵۷	۰/۵۶	۰/۶۰	۰/۷۱	۰/۲۲	۰/۵۰	۰/۱۹	۰/۴۹	۶۰	۰/۷۶	۰/۷۱	۰/۵۷	۸۲	۰/۶۰	۰/۶۵	۰/۸۶	۰/۷۲	
حسنى B	۰/۷۱	۰/۷۱	۰/۷۳	۰/۷۹	۰/۳۳	۰/۶۴	۰/۳۶	۰/۷۱	۶۷	۰/۹۲	۰/۸۲	۰/۷۲	۹۱	۰/۷۰	۰/۷۶	۰/۸۹	۰/۸۰	۰/۹۰
آمل B ۳	۰/۷۵	۰/۷۴	۰/۷۲	۰/۷۸	۰/۶۵	۰/۶۳	۰/۵۹	۰/۶۴	۸۵	۰/۵۵	۰/۵۳	۰/۴۹	۱۵۴	۰/۷۱	۰/۶۶	۰/۵۶	۰/۷۷	۰/۳۶

## پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱۳۹۱ اسفند ۱-۲

(محور جالش های تولید پایدار)



شکل ۱. دندروگرام ۷ لاین نرعیتم و نگهدارنده رقم نعمت و شستک محمدی حاصل از تجزیه داده‌های مورفولوژی  
ضریب همبستگی کوفنتیک،  $0/38 =$  ضریب تعیین ( $r^2$ )،  $1/15 =$  میانگین فاصله ژنتیکی (ارزش برش)

### منابع

1. Almanza-Pinzón M.I, M. Hairallah, P.N. Fox and M.L. Walburton, 2003. Comparison of molecular markers and coefficients of parentage for the analysis of genetic diversity among spring bread wheat accessions. *Euphytica* 130:77-86.
2. Babaeian jelodar, N., N. Bagheri and E. Nattaj, 2005. Development of new Iranian male sterile and restorer lines for developing three –line rice hybrid and quality of hybrid rice. 5th International Rice Genetics Symposium and 3rd International Rice Functional Genetics Symposium, 19-23 Novamber. Manila, Philippines, p. 67.
3. Farsi M, Bagheri A, 2007. Principles of plant breeding. Mashhad Book Co (In Farsi).
4. Garg, A., A.K. Singh, K.V. Prabhu, T. Mohapatra, N.K. Tyagi, N. Nandakumar, R. Singh and F.U. Zaman, 2006. Utility of a fertility restorer gene linked marker for testing genetic purity of hybrid seeds in rice (*Oryza sativa* L.). *Seed Sci. Tech.* 34: 9-18.
5. IRRI, 2002. Standard evaluation system. International Rice Research Institute, Manila. Philippines.
6. Janaiah, A., Hossain, M, 2000. Hybrid rice for food security in the tropics: an evaluation of farm- level experiences in India. In: Third International Crop Sci. Cong., 17–22 August, Hamburg, Germany.
7. Malone E., M, Kopp., G, Malone., J, S, C, Branco1., F, I, Carvalho., A, C, Oliveira, 2009. Genetic Distances Among Rice Mutant Genotypes Assessed by AFLP and Aluminum Tolerance – Related Traits. *J. Crop Sci. Biotech.* 10 (2) : 106 ~ 111.
8. Sang, X., Z. Yang, B. Zhong, Y. Li, L. Hou, Y. Pei, G. Li and G. He, 2006. Assessment of purity of rice CMS lines using cpDNA marker . *Euphytica.* 152: 177 – 183.
9. Roy JK, Lakshmikumaran MS, Balyan HS, Gupta PK, 2004. AFLP-based genetic diversity and its comparison with diversity based on SSR, SAMPL, and phenotypic traits in bread wheat. *Biochem. Genet.* 42: 43-59.

## پانزدهمین همایش ملی برنج کشور

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری - پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۱-۲ اسفند ۱۳۹۱

(محور چالش های تولید پایدار)



10. Virmani, S.S, 1994. Prospects of hybrid rice in the tropics and subtropics. In: Virmani, S.S. (Ed.) Hybrid Rice Technology, New Developments and Future Prospects. International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines.
11. Virmani, S.S., Sun, Z.X., Mou, T.M., Jauhar Ali, A., Mao, C.X, 2003. Two line Hybrid Rice Breeding Manual. International Rice Research Institute, Los Banos Philippines.
12. Yashitola, J., T. Thirumurugan, R.M. Sundaram, M.K. Naseerullah, M.S. Ramesha N.P. Sarma and R.V. Sonti, 2002. Assessment of purity of rice hybrids using microsatellite and STS markers. Crop Sci. 42:1369–1373.