برآورد تشابه ژنتیکی و تجزیه خوشه‌ای لاین‌های گزینشی از جمعیت‌های F_3 حاصل از تلاقی مرکب

مرتضی اولادی[1]*، قربانعلی نعمت‌زاده[2]، سید حمیدرضا هاشمی[3]، عمّار قلی زاده قرا[3] و عمّار افخمی قادی[3] و مرضیه رضائی[4]

۱- دانشجوی کارشناسی‌ارشد اصلاح نباتات دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان.

۲- استاد گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان.

۳- کارشناسان ارشد اصلاح نباتات پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان.

۴- کارشناس آزمایشگاه ژنتیک دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

*m_oladi74@yahoo.com

چکیده

برنج از نظر سطح زیر کشت دومین محصول استراتژیک بعد از گندم است. بالا رفتن مصرف برنج با افزایش روزافزون جمعیت و همچنین کاهش اراضی کشاورزی در ایران باعث کمبود برنج بوده است. افزایش عملکرد برنج در واحد سطح یکی از چالش‌های اساسی جهت نیل به خودکفائی برنج در کشور می‌باشد. هرمی کردن صفات با استفاده از تلاقی مرکب یکی از راه‌های افزایش عملکرد ارقام برنج می‌باشد. در این تحقیق ۱۲۶ تک بوته F_3 انتخابی از جمعیت‌های F_2 حاصل از تلاقی مرکب به همراه والدین این تلاقیها شامل ارقام شصتک، فجر، دمسیاه و نعمت به عنوان پایه پدری و رقم قائم (والد مشترک در تمام تلاقی‌ها) و ۲ رقم شاهد منطقه ندا و سنگ طارم به صورت آزمایش آگمنت در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ بلوک بصورت تک بوته نشاکاری شد. یادداشت‌برداری برخی صفات مهم مورفولوژیکی از جمله تاریخ ۵۰ درصد گلدهی، تعداد پنجه بارور، طول خوشه، تعداد دانه پر در خوشه، ارتفاع، وزن هزار دانه، عملکرد یک متر مربع و همچنین مقبولیت فنوتیپی گیاه انجام گرفت. نتایج حاصل از برآورد ماتریس عدم تشابه ژنتیکی هفت رقم شاهد نشان داده است که رقم قائم با رقم فجر کمترین (۳/۱۱) و با رقم نعمت بیشترین میزان تفاوت ژنتیکی (۲۲/۶۳) داشته است. رقم‌های ندا و نعمت نیز کمترین میزان تفاوت ژنتیکی (۵/۷۹) با یکدیگر داشته است. تجزیه خوشه‌ای ارقام شاهد براساس روش Ward آن‌ها را در سه خوشه قرار داد. ارقام شاهد اصلاح شده کیفی شامل رقم‌های فجر و قائم در گروه اول و ارقام محلی همچون سنگ طارم در گروه دوم و ارقام اصلاح شده پرمحصول شامل ارقام ندا و نعمت در گروه سوم قرار گرفتند. همچنین ضریب همبستگی صفات مورد مطالعه با استفاده از ضریب همبستگی پیرسن نشان داد که صفت عملکرد با تعداد پنجه بارور ($r= 0.91$) و وزن هزار دانه ($r= 0.97$) همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد داشته است. با توجه به نتایج حاصل از مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و ارقام شاهد مشخص گردید که ۲۸ لاین همجون لاین‌های GF//GD-03-3، GD//GS-03-1-23، GD//GS-03-1-25 و GF//GN-03-2-18 دارای عملکرد بالاتر معنی‌داری نسبت به رقم شاهد قائم بود. که در این بین دو لاین اول دارای عملکرد بالاتر نسبت به رقم شاهد ندا بودند. تجزیه خوشه‌ای لاین‌های برتر، آن‌ها را به هفت خوشه تقسیم کرد. خوشه چهارم و پنجم با توجه به اینکه لاین‌های برتری همچون لاین‌های GD//GS-03-1-23، GD//GS-03-1-25 و GF//GN-03-2-18 در آن جای گرفتند به عنوان برترین خوشه انتخاب گردید.

کلمات کلیدی: برنج، تجزیه خوشه‌ای، تشابه ژنتیکی، تلاقی مرکب و لاین گزینشی.

مقدمه

برنج بعد از گندم دومین محصول عمده زراعی از نظر سطح زیر کشت و اولین محصول زراعی از نظر میزان تولید در سطح جهان در سال ۲۰۰۰ بود (Maclean *et al*., 2002; Abodolereza and Racionzer, 2009). در ایران به دلیل عدم تکافوی برنج تولیدی با سطح زیر کشت بالغ بر ۵۶۳۵۱۷ هکتار (FAO, 2011) و با ارقام فعلی، هر ساله مقادیر قابل توجهی برنج از خارج وارد می‌گردد. افزایش عملکرد برنج در واحد سطح یکی از چالش‌های اساسی جهت نیل به خودکفائی برنج در کشور می‌باشد. با توجه به چالش رشد جمعیت و کاهش اراضی کشاورزی، بدیهی است که تنها راه حل این مشکل، اصلاح عملکرد محصول غلات عمدتاً برنج، گندم، ذرت و غیره باشد (Yuan and Peng., 2005). تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی است و انجام تحقیقات منوط به وجود تنوع مطلوب از حیث هدف مورد بررسی می باشد (خیالپرست، ۱۳۷۰). انتخاب در صورتی کارایی بالایی دارد که در صفت مورد مطالعه تنوع مطلوبی از نظر ژنتیکی موجود باشد. تنوع ژنتیکی از نیازهای اساسی پیشرفت در اصلاح نباتات است. (Hallauer and Miranda, 1988). بررسی خصوصیات زراعی و مورفولوژیکی از جمله روش-هایی است که برای ارزیابی تنوع فنوتیپی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Bajracharya et al., 2006). نصیری و همکاران ۱۸۵ لاین با کیفیت مطلوب را مورد آزمایش مشاهده‌ای قرار داده و نشان دادند ۲۳ لاین از ۱۸۵ لاین، از خصوصیات مورفولوژیکی و عملکرد بهتری برخوردار می‌باشند و رقم شفق با عملکرد بالا را پس از بررسی نهایی معرفی نمودند. همچنین با هدف اصلاح ارقام پرمحصول و کیفی با استفاده از تلاقی برگشتی- شجره‌ای رقم قائم و پردیس پس از گذشت ۵ نسل از بین ۱۳ لاین برتر خالص انتخاب و معرفی گردید (Nematzadeh *et al*., 2010; Nematzadeh *et al*., 2011). حسنوند (Hassanvand, 1993) ۴۰۰ رقم سویا را مورد ارزیابی قرار داد. وی با انتخاب ۳۸ ژنوتیپ تصادفی به وسیله تجزیه خوشه‌ای، این ژنوتیپ‌ها را در هفت کلاستر قرار داد. هدف از این تحقیق تجزیه خوشه‌ای لاین‌های گزینشی از جمعیت‌های F3 حاصل از تلاقی مرکب و برآورد تشابه ژنتیکی لاین‌های شاهد و برآورد همبستگی بین صفات بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این تحقیق شامل ۱۲۶ تک بوته برنج F3، انتخابی از جمعیت‌های F2 حاصل از تلاقی‌های مرکب به همراه والدین این تلاقیها شامل رقم محلی شصتک (زودرس و با تراکم دانه بسیار بالا)، فجر (با کیفیت پخت متوسط)، دمسیاه (با عطر و طعم بالا) و نعمت (با طول خوشه بلند) به عنوان پایه پدری و رقم قائم (والد مشترک در تمام تلاقی‌ها) و ۲ رقم شاهد منطقه ندا (رقم پرمحصول) و سنگ طارم (کیفی) می‌باشد که به صورت آزمایش آگمنت در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ بلوک نشاکاری شد. یادداشت‌برداری برخی صفات مهم مورفولوژیکی از جمله تاریخ ۵۰٪ گلدهی، تعداد پنجه بارور، طول خوشه (سانتی متر)، تعداد دانه پر در خوشه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، عملکرد یک متر مربع و همچنین مقبولیت فنوتیپی گیاه مورد ارزیابی قرار گرفت. به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش وارد (Ward) روی صفات عملکرد و اجزای عملکرد با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی مورد استفاده قرار گرفت. ضرایب تشابه ژنتیکی لاین‌های شاهد نیز با ضریب همبستگی پیرسن برآورد گردید. همبستگی ساده برای کلیه صفات با استفاده از همبستگی پیرسن محاسبه گردید. کلیه محاسبات و تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای SPSS و SAS انجام شد.

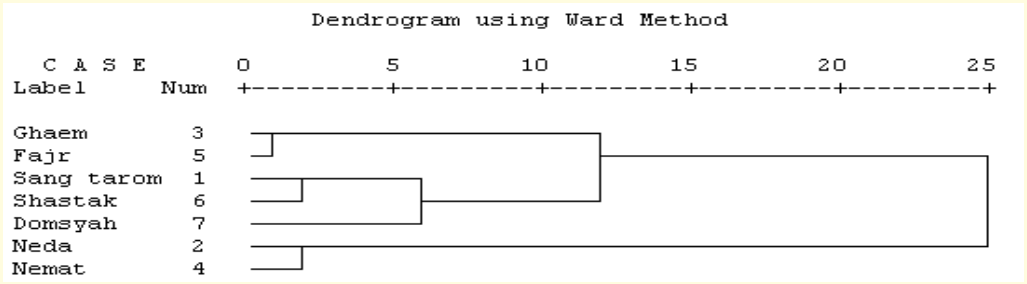
نتایج و بحث

ماتریس عدم تشابه ژنتیکی هفت رقم شاهد مورد مطالعه در این تحقیق بر اساس هفت صفت اندازه‌گیری شده نشان داده است که رقم قائم با رقم فجر کمترین تفاوت (۳/۱۱) را داشته است و با ارقام شصتک محمدی و سنگ طارم تفاوت چندانی نداشته است. این رقم با رقم نعمت بیشترین میزان تفاوت (۲۲/۶۳) داشته است. رقم سنگ طارم با ارقام شصتک محمدی، دمسیاه و قائم کمترین میزان تفاوت ژنتیکی را داشته است. ارقام ندا و نعمت نیز کمترین میزان تفاوت ژنتیکی (۵/۷۹) با یکدیگر داشته است (جدول ۱) از آنجا که این دو رقم، لاین‌های خواهری بوده که از تلاقی رقم آمل۳ و سنگ طارم اصلاح گردیدند این شباهت ژنتیکی دور از انتظار نبود. افخمی قادی و همکاران نیز طی ارزیابی تعدادی از CMS لاین‌های اصلاح‌شده و Bلاین‌های برنج که بر اساس رفتار عقیمی، باروری و خصوصیات آلوگامی صورت گرفته بود شباهت ژنتیکی این دو رقم را گزارش کردند (Afkhami Ghadi et al., 2012).

جدول ۱. ماتریس عدم تشابه ژنتیکی هفت رقم شاهد مورد مطالعه در این تحقیق بر اساس هفت صفت اندازه‌گیری شده

	Squared Euclidean Distance						
ارقام شاهد	سنگ طارم	ندا	قائم	نعمت	فجر	شصتک	دمسیاه
سنگ طارم	۰						
ندا	۲۲/۳۱۲	۰					
قائم	۷/۰۳	۱۳/۵۴	۰				
نعمت	۲۱/۴۰	۵/۷۹	۲۲/۶۳	۰			
فجر	۱۱/۷۳	۸/۵۸	۳/۱۱	۱۷/۵۳	۰		
شصتک	۴/۶۹	۲۲/۸۳	۷/۰۱	۲۶/۷۶	۷/۶۶	۰	
دمسیاه	۵/۵۴	۲۲/۵۲	۱۷/۵۵	۱۲/۲۱	۱۸/۱۹	۱۴/۳۲	۰

گروه‌بندی ارقام شاهد مورد مطالعه بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده نشان داد که ارقام شاهد به سه گروه تقسیم شدند که ارقام اصلاح شده کیفی شامل ارقام فجر و قائم در گروه اول و ارقام محلی شاهد همچون سنگ طارم در گروه دوم و ارقام اصلاح شده پرمحصول شامل ارقام ندا و نعمت در گروه سوم قرار گرفتند. این نمودار نیز شباهت ژنتیکی دو رقم ندا و نعمت را نشان می‌دهد (نمودار ۱).



نمودار ۱. گروه‌بندی ارقام شاهد مورد مطالعه بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده.

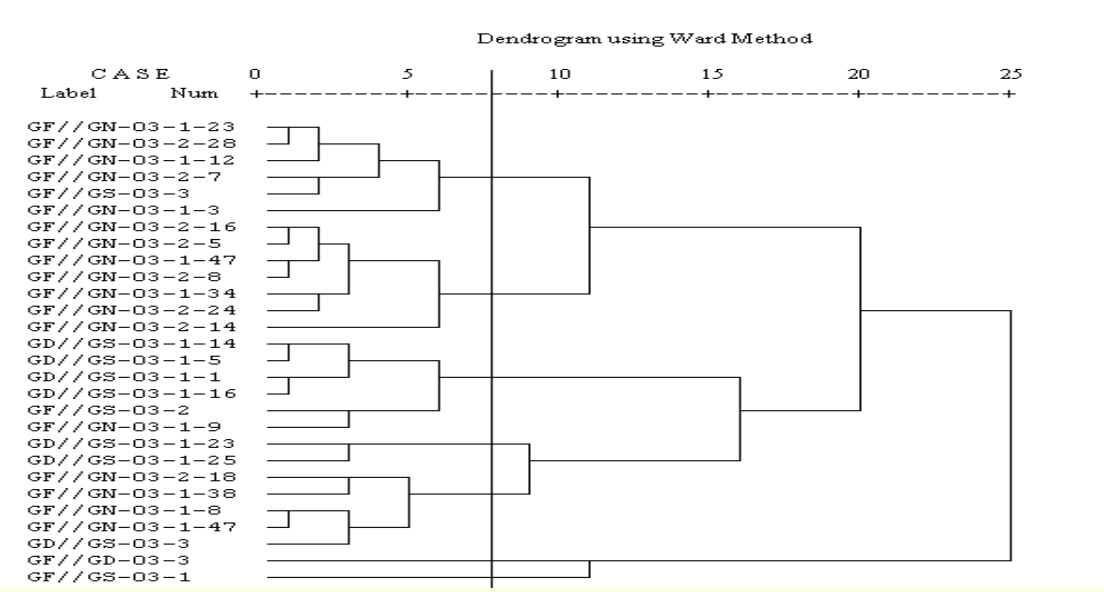
ضریب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژی مورد مطالعه با استفاده از ضریب همبستگی پیرسن نشان داد که صفت عملکرد با تعداد پنجه بارور (r= 0.91) و وزن هزار دانه (r= 0.97) همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد داشته است (جدول ۲). برخی از لاین‌ها تنوع قابل ملاحظه‌ای برای صفات مختلف نشان دادند، به عنوان مثال از نظر عملکرد دانه، پنج ژنوتیپ GF//GD-03-3، GD//GS-03-1-23، GD//GS-03-1-25، GF//GN-03-2-18 و GF//GS-03-2 از نظر وزن هزار دانه سه ژنوتیپ GF//GN-03-2-14، GF//GN-03-1-34 و GF//GN-03-2-8 و نیز سه ژنوتیپ از نظر تعداد دانه در خوشه GD//GS-03-1-16، GF//GN-03-2-7 و GF//GN-03-1-9 دارای بالاترین مقدار بودند که می‌توانند به عنوان لاین‌های امیدبخش معرفی شوند و همچنین در برنامه اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند.

جدول ۲. ضریب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژیکی مورد مطالعه با استفاده از ضریب همبستگی پیرسن.

	تعداد پنجه	ارتفاع	طول خوشه	تعداد دانه در خوشه	وزن هزار دانه	۵۰ درصد گلدهی	عملکرد
تعداد پنجه	۱						
ارتفاع	-۰/۳۰	۱					
طول خوشه	۰/۳۰	۰/۵۵	۱				
تعداد دانه در خوشه	۰/۴۱	۰/۵۳	۰/۸۲*	۱			
وزن هزار دانه	۰/۸۱*	-۰/۶۹	۰/۰۳	۰/۱۹	۱		
۵۰ درصد گلدهی	۰/۷۶*	۰/۰۸	۰/۷۰	۰/۴۹	۰/۴۴	۱	
عملکرد	۰/۹۱**	-۰/۵۸	۰/۱۵	۰/۲۷	۰/۹۶**	۰/۵۷	۱

*,** به ترتیب معنی داری در سطح احتمال یک و ۵ درصد.

تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد (Ward) برای لاین‌های برتر گزینش شده بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیکی اندازه-گیری شده، لاین‌ها را به هفت گروه (خوشه) تقسیم کرد. خوشه دوم با داشتن ۷ لاین دارای بیشترین تعداد لاین بوده است. خوشه چهارم و پنجم با توجه به اینکه لاین‌های برتری همچون لاین‌های GD//GS-03-1-23 ، GD//GS-03-1-25 و GF//GN-03-2-18 در آن جای گرفتند به عنوان برترین خوشه انتخاب گردید (نمودار ۲). با توجه به نتایج حاصل از مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و ارقام شاهد مشخص گردید که ۲۸ لاین همجون لاین‌های GF//GD-03-3، GD//GS-03-1-23، GD//GS-03-1-25 و GF//GN-03-2-18 دارای عملکرد بالاتر معنی‌داری نسبت به رقم شاهد قائم بود. بالاترین میزان عملکرد مربوط به لاین GF//GD-03-3 با ۶۹/۹۷ درصد در مقایسه با رقم قائم بوده است (داده‌ها نمایش داده نشد).



نمودار ۲. گروه‌بندی لاین‌های گزینش شده بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیکی

قدردانی

بدینوسیله از مدیریت محترم پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان به خاطر تأمین اعتبار و همچنین همکاران محترم پژوهشکده از جمله مهندس امیر ضیایی و آقای احمد اسفندیاری قدردانی می‌گردد.

منابع

نصیری م، بهرامی م، حسینی ایمنی س، اشراقی ا، پیردشتی ه، نوری م. ز، رحیم سروش ح، توسلی لاریجانی ف، اسکو ت، امانی ر، اعظمی ق و صالحی ص، ۱۳۸۳. معرفی رقم جدید برنج، شفق. مجله نهال و بذر، شماره ۲. صفحه‌های ۵۲۹ تا ۵۳۵.

Afkhami Ghadi A, Babaeian Jelodar NA and Bagheri NA, 2012. Evaluation of improved rice CMS lines according sterility, fertility and allogamy characteristics (Oryza sativa). Journal of Modern Genetics 7 (4): 386-396.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United NAT), 2011. Database collection. www.FAO.org.

Maclean JL, Dawe DC, Hardy B, and Hettel, G. P, 2002. Rice almanac: Source book for the most important economic activity on earth (3rd ednR), CABI Publishing.

Bajracharya J, Steele KA, Jarvis DI, Sthapit BR and Witcombe JR, 2006. Rice landrace diversity in Nepal: Variability of agro-morphological traits and SSR markers in landraces from a high-altitude site. Field Crops Research 95: 327-335.

Hallauer AR, and Miranda JB, 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University, Ames, Iowa. 468pp.

Nematzadeh G, Oladi M, Kiani G and Hajipour A, 2010. Release of new rice variety "Pardis" via classical method. Journal of Crop Breeding 3 (7): 42-53. (In Persian).

Nematzadeh G, Oladi M, Kiani G and Hajipour A, 2011. Release of new rice variety "Ghaem" via classical method. Journal of Crop Breeding 2 (6): 16-25. (In Persian).

Hassanvand D, 1993. Evaluation of genetic diversity in Iranian soybean collection. MSc. Thesis. Faculty of Agriculture, Karaj Azad University, Karaj, Iran.

Yuan LP and JM Peng, 2005. Hybrid Rice and World Food Security. China Science and Technology Press, Beijing.

Abodolereza A, Racionzer P, 2009. Food Outlook: Global Market Analysis (December 2009).