



## تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از نشان‌گرهای SSR و تجزیه ارتباط برای صفات مرتبط با تحمل به سرما

فاطمه هنرور<sup>۱</sup>، حسین صبوری<sup>۲</sup> و احمدرضا دادرس<sup>۳</sup>

۱- کارشناس ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد دامغان  
۲- استادیار، دانشگاه گنبد کاووس، (نویسنده مسوول: hos.sabouri@gmail.com)  
۳- دانشجوی دکتری، دانشگاه گیلان  
تاریخ دریافت: ۹۲/۷/۲۸ تاریخ پذیرش: ۹۲/۱۲/۱۴

### چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ارتباط نشان‌گرهای SSR و صفات مرتبط با تحمل به سرما در برنج، از ۲۲ ژنوتیپ برنج شامل ۱۰ ژنوتیپ بومی و اصلاح شده و ۱۲ ژنوتیپ خارجی و ۲۱ نشان‌گر SSR استفاده شد. در مجموع ۸۹ آلل در جمعیت مشاهده شد. تعداد آلل در هر جایگاه از ۲ تا ۷ متغیر بود. بیشترین تعداد آلل در آغازگر RM8231 و کمترین تعداد آلل در RM119 رؤیت گردید. بیشترین مقدار اطلاعات چندشکلی (۰/۷۴۸۶) مربوط به آغازگر RM8231 و کمترین مقدار (۰/۲۵۷۳) مربوط به آغازگر RM7424 بود. میزان تنوع ژنی، از کمترین مقدار ۰/۲۷۷۷ مربوط به آغازگر RM7424 تا بیشترین مقدار ۰/۷۸ مربوط به آغازگر RM8231 متغیر بود. جایگاه‌های ریزماهوره مورد استفاده چند شکلی نسبتاً بالایی را نشان دادند و این مطلب بیان‌کننده آن است که این جایگاه‌ها قدرت بالایی را در تمایز ژنوتیپ‌ها نشان دادند. تجزیه رگرسیون گام به گام داده‌های SSR و داده‌های فنوتیپی، در مجموع ۱۴ آلل مثبت و آگاهی‌بخش برای صفات طول ریشه، طول ساقه و وزن ساقه در هر دو شرایط نرمال و تحت تنش سرما شناسایی نمود. بالاترین ضریب تبیین به طول ریشه با دو آلل RM1337-A و RM5774-C اختصاص داشت. همچنین هیچ آلل مرتبط با وزن ریشه تحت تنش شناسایی نشد. از نشان‌گرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده در صورتی که در آزمایشات بعدی به تأیید برسند می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: برنج، تنش سرما، ریزماهوره، نشان‌گر آگاهی‌بخش

### مقدمه

برنج یکی از قدیمی‌ترین گیاهان زراعی و با بیش از ده هزارسال قدمت می‌باشد. امروزه برنج غذای اصلی بیش از نصف مردم دنیا است و در بخش غذایی جهان نقش بزرگی دارد (۲). این گیاه با منشأ گرمسیری و نیمه‌گرمسیری، نسبت به دماهای پایین بسیار حساس و رشد و نمو آن در دماهای کمتر از ۱۵ درجه سانتی‌گراد دچار مشکل می‌شود (۳). آن و همکاران (۱) عنوان کردند با توجه به ژنوم کوچک برنج در مقایسه با ژنوم بزرگ گندم، می‌توان امیدوار بود که بتوان از برنج به عنوان یک گیاه مناسب برای مطالعات ژنتیکی مربوط به گندمیان، استفاده نمود و اطلاعات مناسبی برای سایر گیاهان این خانواده استخراج کرد.

سارما و راتی (۱۳) تنوع ژنتیکی ۱۰۶ ژنوتیپ برنج را به وسیله‌ی نشان‌گر ریزماهوره مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند. نشان‌گر ریزماهوره، بالاترین سطح چندشکلی از ۸۰ تا ۱۰۰٪ را نشان دادند. در ۳۷ جایگاه، ریزماهوره تعداد ۱۸۱ آلل ردیابی شد. تعداد آلل در هر مکان ژنی از ۲ تا ۱۳ متغیر بود. ارزش PIC از ۰/۴۵ تا ۰/۸۱ متغیر بود. ربانی و همکاران (۱۰) به بررسی ۴۱ رقم برنج از طریق ۳۰ نشان‌گر انتخاب شده از کل ژنوم برنج پرداختند. تعداد ۱۰۴ آلل در کل با ۳۰ نشان‌گر مشاهده

شد، که صددرصد چندشکلی داشتند. تعداد آلل تولید شده از طریق هر نشان‌گر بین ۲ تا ۶ متغیر بود. چوانگ و همکاران (۴) از ۳۲ نشان‌گر ریزماهوره و ۳۶ رقم برنج از کشورهای مختلف برای آنالیز چندشکلی استفاده کردند. ۳۰۶ آلل در ۳۲ جایگاه مشاهده شد. تعداد آلل‌ها در هر لوکوس از ۳ تا ۲۱ متغیر بود. ساجیب و همکاران (۱۱) از ۲۴ نشان‌گر SSR برای تمایز ۱۲ ژنوتیپ برنج برگزیده شده، استفاده کردند. در میان این ۲۴ نشان‌گر، ۹ نشان‌گر ریزماهوره چندشکلی نشان دادند. سیتارام و همکاران (۱۴) ۳۰ ژنوتیپ برنج را با ۳۵ آغازگر ریزماهوره مورد بررسی قرار دادند. قربانی و همکاران (۵) در پژوهشی که انجام دادند، مشاهده کردند که اثر تنش سرما بر کاهش میزان رشد گیاه از واضح‌ترین پاسخ‌های گیاهان به سرما می‌باشد. بررسی وزن خشک ریشه و ساقه و ارتفاع گیاه دو رقم اوندا و طارم دم‌سیاه - که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند- نشان داده است که هر دو رقم تحت تنش سرما با کاهش معنی‌داری همراه بودند که در رقم طارم دم‌سیاه کاهش بیشتری نسبت به رقم اوندا مشاهده شد. تنش‌های محیطی به ویژه تنش سرما روی ویژگی‌های مورفولوژی، آناتومی و فیزیولوژی گیاهان تأثیر می‌گذارند. اهمیت خسارت سرما در مرحله جوانه‌زنی برای تمام برنج کاران شمال کشور

به منظور شناسایی نشان‌گرهای ریزماهوره آگاهی بخش بود.

### مواد و روش‌ها

به منظور بررسی تنوع در سطح مولکولی بین ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش سرما ۲۲ ژنوتیپ برنج شامل ۱۰ ژنوتیپ بومی و اصلاح شده و ۱۲ ژنوتیپ خارجی ارزیابی شدند (جدول ۱).

که در فروردین ماه هر سال بذریابی می‌نمایند یک مشکل مهم محسوب می‌شود برنج، گیاه حساس به سرما می‌باشد که محصول آن تحت این تنش تا حد زیادی کاهش می‌یابد (۶). با توجه به اهمیت برنج، شناخت ارقام متحمل و مکانیسم دفاعی آن‌ها در مقابل دمای پایین ضروری می‌رسد. هدف از این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های برنج از لحاظ نشان‌گرهای ریزماهوره و تجزیه ارتباط بین آلل‌های نشان‌گرهای مورد استفاده و صفات اندازه‌گیری شده تحت تنش سرما

جدول ۱- لیست اسامی ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه

شماره	ژنوتیپ	منشأ	شماره	ژنوتیپ	منشأ
۱	IR82590-B-B-90-4	IRRI	۱۲	ND125	منشأ
۲	حسینی	بومی	۱۳	حسن‌سرای	بومی
۳	Usen	IRRI	۱۴	قصرالدشتی	بومی
۴	IR60080-64A	IRRI	۱۵	عنبربو ایلام	بومی
۵	IR55423-01	IRRI	۱۶	SAFR117	IRRI
۶	بچار	بومی	۱۷	دم‌سرخ	بومی
۷	IR83747-B-B-81-1	IRRI	۱۸	دیلمانی	بومی
۸	طارم منطقه	بومی	۱۹	لاین ۳۰	ایرانی اصلاح شده
۹	IR50	IRRI	۲۰	IR77298-14-1-2	IRRI
۱۰	ICMP41	IRRI	۲۱	IR66424-1-2-1-5	IRRI
۱۱	IR83749-B-B-65-1	IRRI	۲۲	دشت	بومی

داده‌های مولکولی و محاسبه PIC استفاده گردید. برای تعیین نشان‌گرهای آگاهی بخش از رگرسیون گام به گام استفاده شد. برای اینکار هر یک از صفات به‌عنوان متغیر وابسته و داده‌های مولکولی (به‌صورت صفر و یک برای عدم وجود و وجود باند) به‌عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد.

### نتایج و بحث

برای تعیین غلظت و کیفیت DNA استخراج شده از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. و از DNA فاژ لامبدا که غلظت آن مشخص بود، برای تعیین غلظت نمونه‌های DNA استفاده گردید. از نحوه تشکیل نوارها می‌توان به کیفیت DNA استخراج شده پی برد زیرا DNA سالم و با وزن مولکولی زیاد به‌صورت یک نوار واضح و نمونه‌های خرد شده به‌صورت یک نوار کشیده شده<sup>۱</sup> در طول ژل مشاهده خواهند شد. کیفیت DNA را می‌توان با مشاهده شکل نوارها مشخص کرد به‌طوری‌که وجود نوارهای واضح و بدون کشیدگی بیانگر کیفیت خوب DNA است. اگر در فاصله بین نوار و چاهک کشیدگی دیده شود بیانگر آلودگی به وسیله‌ی پروتئین‌ها و اگر یک نوار اضافی در زیر ژل و با فاصله از نوار دیده شود حاکی از وجود RNA در نمونه‌ها است (۱۲).

مواد گیاهی در آزمایشگاه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس در قالب طرح کاملاً تصادفی به‌صورت هیدروپونیک در محلول یوشیدا (۱۷) کشت شدند. سپس نیمی از نمونه‌ها در شرایط نرمال و نیم دیگر از نمونه‌ها در شرایط دمایی ده درجه سانتی‌گراد در اتاقک کشت و در شرایط کنترل شده به مدت ۲۱ روز قرار گرفتند. از نمونه‌های نرمال برای تهیه نمونه برگی برای استخراج DNA استفاده شد. هم‌چنین از نمونه‌های نرمال و تحت تنش در مرحله‌ی ۲ تا ۳ برگی نمونه‌برداری صورت گرفت و صفات طول ریشه، طول اندام هوایی، وزن خشک ریشه و اندام هوایی روی آن‌ها اندازه‌گیری شد. در این مطالعه، DNA از برگ‌های جوان با روش CTAB استخراج گردید (۱۲). سپس با ۲۱ جفت آغازگر ریزماهوره‌ای (جدول ۲) که تعدادی از آن‌ها بر اساس اطلاعات موجود در پایگاه داده گرامینه (<http://www.gramene.org>) به‌عنوان نشان‌گرهای پیوسته به سرما بر پایه مقالات معتبر گزارش شده بودند، تکثیر شد. واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مرز در تمام جایگاه‌های ریزماهوره‌ای انجام شد و محصولات با استفاده از ژل پلی‌اکریل‌امید ۶ درصد الکتروفورز شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌های ریزماهوره از نرم‌افزارهای PopGene (۱۶) و Power Marker (۳) برای به دست آوردن فواصل ژنتیکی، رسم دندروگرام

جدول ۲- ویژگی نشان‌گرهای ریزماهوره مورد مطالعه

کروموزوم	آغازگر همسو	آغازگر معکوس	نشان‌گر
۱۱	GTGGACTTCATTCAACTCG	GATGTATAAGATAGTCCC	RM144
۶	CTCAACGTTGACACCTCGTG (GA)12	TCCTCCATCGAGCAGTATCA TTCTGCAGTTCAGACAC	RM276 RM480
۷	ATCCTACCGCTGACCATGAG	TTTGGTCTACGTGGCGTACA	RM134
۲	TGACATGGATCGATCAGCTC	ATAAGGGTACGGGAACCAG	RM7426
۱	CGGTAAGATCCCTACCAC	CAACACATGATAGCACATGG	RM8231
۳	GGTAAATGGACAATCCTATGGC	GACAAATATAAGGGCAGTGTGC	RM416
۲	GTTGAATCAAGCTGTGCAGC (GA)6 - (GA)16	AGCTAGGCAAAGCATGCATG CTCATCGAATGGACTAGCT	RM3688 RM11
۱	GTCCGTTTGCTAGTTGAGC	TTCCTCGGTGTATGGGTCTC	RM3475
۴	AAGTTCAACAACCGTCGTCG	CGACGCTGTTGATCAGCC	RM6589
۹	AGAAGCCCATCTAGCAGCAG	TCAAGTAGCCACACAGCTG	RM7424
۴	CATTGGAGTGGAGGCTGG	GTCAGGCTTCTGCCATTCTC	RM119
۷	CCTGATAAAATTGACAGTTAC	GAGAGTAGGAGTTGATAACA	RM5720
۸	TACACCTCATCGATCAATCG	CTTTCGAATCTGAAGATC	RM152
۱۰	CTCTCAAAGAACTAGGACTC	GAGAAGGTATGATAACCAAT	RM4455
۱۲	GCTGAGGAGTATCCTTTCTC	ACCATAGGAAGATCATCACA	RM1337
۶	GGCTAGCTTTAGCTGCGTTG	ACCCAGATCGAAACAACCTGC	RM5371
۳	CGGCTTAGTTCAATTGGACC	CGGCTTAGTTCAATTGGACC	RM4160
۵	CTTTCATAATTCTAGCTTA	CTTTCATAATTCTAGCTTA	RM5774
۹	TGGGATAAATAGAAAAGTCT	ATTGGACACGTACATAATAA	RM5702

IRRI: International Rice Research Institute

(۶ برابر) تهیه شد. DNA لاند با غلظت‌های ۵۰، ۱۰۰ و ۲۰۰ نانوگرم نیز برای اندازه‌گیری غلظت DNA برای مقایسه با DNA مورد نظر بارگیری شد.

۳- پس از آن که تانک‌های دستگاه الکتروفورز به وسیله بافر الکتروود (TBE 1X) پر شدند، دستگاه الکتروفورز به دستگاه تأمین‌کننده برق<sup>۲</sup> (Consort E455) متصل شد و الکتروفورز با ولتاژ ثابت ۶۰ ولت انجام گرفت. وقتی که نوار رنگی پیشرو به حدود ۲ سانتی‌متری انتهای ژل رسید، جریان برق قطع شد و ژل برای رنگ‌آمیزی از دستگاه الکتروفورز خارج شد.

۴- رنگ‌آمیزی ژل در تشتک حاوی محلول ۰/۵ میکروگرم در میلی‌لیتر اتیدیوم<sup>۳</sup> بروماید به مدت ۲۰ دقیقه انجام شد.

۵- پس از اتمام رنگ‌آمیزی، به‌منظور عکس‌برداری، ژل به دستگاه ژل‌داک<sup>۴</sup> (Bio-RAD, 2000) منتقل شد.

۶- پس از مقایسه نمونه‌های DNA با شاهد (DNA لاند)، غلظت هر یک از آن‌ها به‌عنوان محلول مادری DNA ژنومی در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد در فریزر نگهداری شدند. نتایج نشان داد که DNA‌های به دست آمده دارای کیفیت مناسبی برای انجام واکنش‌های PCR بوده‌اند. شکل (۱) تصویری از ژل اکریل‌آمید حاوی فرآورده‌های تکثیر شده نمونه DNA، ۲۲ ژنوتیپ مورد مطالعه با آغازگر RM276 را نشان می‌دهد. با بارگذاری فرآورده‌های PCR روی ژل اکریل‌آمید تفاوت آلل‌های ریزماهوره بهتر مشاهده گردید. در این مطالعه، از ۲۱ جفت آغازگر، در مجموع

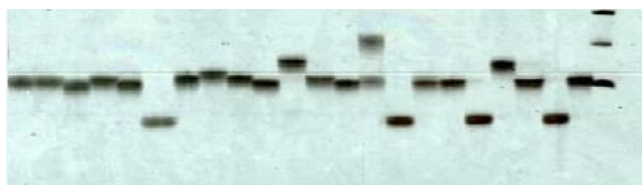
نمونه‌هایی که کیفیت DNA آن‌ها پایین بود، مجدداً استخراج شدند. تعیین غلظت و کیفیت DNA به‌صورت زیر انجام شد:

۱- برای تعیین کمیت و کیفیت DNA ژنومی از ژل آغاز ۰/۷ درصد تا ۱ درصد استفاده شد. برای تهیه ژل آغاز مقدار آغازز وزن گردید و در ۱۰۰ میلی‌لیتر بافر TBE 1X ریخته شد. ارلن حاوی مخلوط آغازز و بافر به مدت ۲ تا ۳ دقیقه در مایکروفر گذاشته شد. پس از جوشیدن و شفاف شدن، ارلن از مایکروفر بیرون آورده شد و روی شیکر قرار داده شد تا حباب‌ها از ژل خارج شوند. در این زمان ابتدا ظرف ژل روی یک سطح تراز قرار گرفت، تا ضخامت ژل در تمام نواحی یکسان شود و از بروز انحراف در مسیر ژل جلوگیری شود. همچنین دو طرف ظرف ژل توسط چسب نواری بسته شد تا از خروج ژل جلوگیری شود. برای ایجاد چاهک درون ژل شانه‌ها روی سینی با فاصله مناسب و به‌صورت کاملاً راست قرار گرفتند. زمانی که دمای ژل به دمای دست نزدیک شد در سینی ژل ریخته شد. بعد از این که ژل آغازز بسته شد، چسب‌های دو طرف سینی باز شده و ژل به آرامی درون تانک الکتروفورز قرار گرفت. پس از چند دقیقه شانه‌ها به آرامی بیرون کشیده شدند.

۲- نمونه‌های تهیه شده در چاهک‌های ژل بارگذاری شدند و یکی از چاهک‌ها به DNA لاند اختصاص داده شد. برای بارگذاری نمونه‌ها از نسبت‌های DNA (۵ میکرولیتر) و محلول رنگی بارگذاری<sup>۱</sup> (۲ میکرولیتر) استفاده شد. محلول رنگی بارگذاری به‌صورت ۶X

RM119 مشاهده شد (جدول ۳). در تحقیق لین و همکاران (۸) از ۱۱۴ توالی ساده تکراری در ریزماهواره ۳۹۵ آلل مشاهده شد.

۸۹ آلل مشاهده شد. تعداد آلل در هر جایگاه از ۲ تا ۷ متغیر بود که به طور متوسط ۴/۲ می باشد. بیشترین تعداد آلل در آغازگر RM8231 و کمترین تعداد آلل در



شکل ۱- تصویر فرآورده های PCR، ۲۲ ژنوتیپ مورد بررسی روی ژل اکریل آمید ۶ درصد (نشان گر RM276).

بودند. بیشترین مقدار اطلاعات چندشکلی (۰/۷۴۸۶) مربوط به آغازگر RM8231 و کمترین مقدار (۰/۲۵۷۳) مربوط به آغازگر RM7424 بود و میانگین شاخص چندشکلی کل ۰/۵۵ به دست آمد (جدول ۳).

ساجیب و همکاران (۱۱) از ۲۴ نشان گر SSR برای تمایز ۱۲ ژنوتیپ برنج برگزیده شده، استفاده کردند. تعداد آلل در هر لوکوس از ۲ آلل (در نشان گرهای RM277, RM244, RM510) تا ۶ آلل (RM163) متغیر

جدول ۳- آنالیز تنوع ژنتیکی ۲۱ نشان گر ۲۲ ژنوتیپ برنج

شماره	نشان گر	تعداد آلل	فراوانی آلل	تنوع ژنی	PIC
۱	RM144	۳	۰/۵۲	۰/۵۷۶۲	۰/۴۹۱۸
۲	RM276	۵	۰/۳۳	۰/۷۶۳۹	۰/۷۲۶۰
۳	RM5371	۳	۰/۴۷	۰/۶۲۵۹	۰/۵۵۰۹
۴	RM480	۴	۰/۵۹	۰/۵۸۲۶	۰/۵۳۳۲
۵	RM134	۴	۰/۵	۰/۵۷۸۵	۰/۴۹۱۴
۶	RM7426	۶	۰/۳۳	۰/۷۷۵۵	۰/۷۴۱۴
۷	RM8231	۷	۰/۳۳	۰/۷۸	۰/۷۴۸۶
۸	RM416	۴	۰/۷۲	۰/۴۴۴۴	۰/۴۰۸۷
۹	RM3688	۵	۰/۴	۰/۷۴	۰/۷۰۱۴
۱۰	RM11	۳	۰/۴	۰/۶۶	۰/۵۸۶۲
۱۱	RM3475	۴	۰/۶۸	۰/۴۹۱۷	۰/۴۵۰۷
۱۲	RM6589	۶	۰/۴۰	۰/۷۳۵۵	۰/۶۹۷۴
۱۳	RM7424	۳	۰/۸۴	۰/۲۷۷۰	۰/۲۵۷۳
۱۴	RM119	۲	۰/۸۰	۰/۳۲	۰/۲۶۸۸
۱۵	RM5720	۵	۰/۴۰	۰/۷۲	۰/۶۷۳۹
۱۶	RM152	۳	۰/۴۵	۰/۵۷۸۵	۰/۴۸۶۳
۱۷	RM5702	۵	۰/۴۲	۰/۷۲۵۶	۰/۶۸۶۹
۱۸	RM4455	۳	۰/۷۷	۰/۳۶۷۸	۰/۳۲۵۷
۱۹	RM1337	۴	۰/۵۴	۰/۶۱۵۷	۰/۵۶۰۳
۲۰	RM4160	۵	۰/۶۱	۰/۵۸۶۴	۰/۵۵۵۳
۲۱	RM5774	۵	۰/۴۲	۰/۶۹۳۹	۰/۶۴۱۹
	میانگین	۴/۲۳۸۱	۰/۵۲	۰/۶۰۱۹	۰/۵۵۱۶

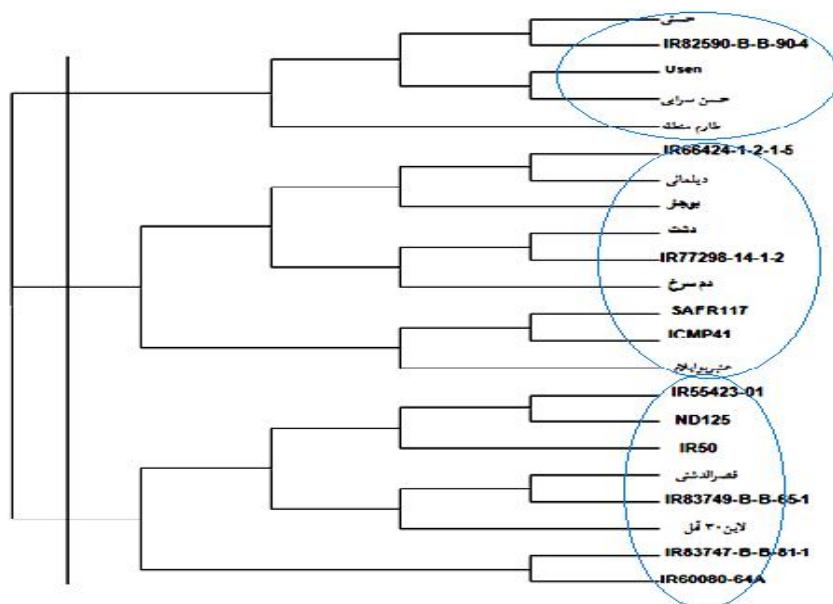
فرمول اصلاح شده نی محاسبه شد. ماتریس حاصل از تجزیه داده های مولکولی نشان داد که فاصله ژنتیکی میان ارقام در محدوده از ۰/۲۶ تا ۱ متغیر بود. محدوده فاصله ژنتیکی نشان دهنده تنوع بالای موجود در سطح ژنوم ژنوتیپ های مورد مطالعه می باشد. در بین ژنوتیپ های مورد مطالعه ژنوتیپ های حسنی و Usen با یکدیگر در کمترین فاصله و ژنوتیپ های حسن سرابی و IR50 با یکدیگر در بیشترین فاصله قرار داشتند (جدول ۴). در مطالعه یاسمین و همکاران (۱۵) فاصله ژنتیکی همه ژرم پلاسماها را از ۰/۴۹ تا ۰/۹۰ و فاصله ژنتیکی لاین های اینبرد را از ۰/۴۹ (بین FL478 و FL378) تا ۰/۸۷ (بین BR10 و BRRI) عنوان کردند.

یاسمین و همکاران (۱۵) با بررسی تنوع ژنتیکی ۲۴ ژنوتیپ برنج با ۱۰۰ نشان گر ریزماهواره ارزش PIC را از ۰/۵۸ (RM38) تا ۰/۹۲ (RM1024) گزارش نمودند. تنوع درون جمعیتی یا تنوع ژنی که در این مطالعه، از کمترین مقدار ۰/۲۷۷۷ مربوط به آغازگر RM7424 تا بیشترین مقدار ۰/۷۸ مربوط به آغازگر RM8231، متغیر بود. در این مطالعه تنوع ژنی به طور متوسط ۰/۶ بوده است (جدول ۳). یاسمین و همکاران (۱۵) تنوع ژنتیکی ۲۴ رقم برنج را با ۱۰۰ نشان گر ریزماهواره مورد بررسی قرار دادند. تنوع ژنی بین ۰/۶۳۲۲ (RM38) تا ۰/۹۳۱۰ (RM495 و RM1024) بود. ماتریس فاصله ژنتیکی با استفاده از نرم افزار Power Marker بر اساس

جدول ۴- فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های برنج

دشت	IR82590-B-B-90-4	حسینی	Usen	IR60080-64A	IR55423-01	بچار	IR83747-B-B-81-1	طارم منطقه	IR50	ICMP41	IR83749-B-B-65-1	ND125	حسن‌سرای	قصرالدشتی	عنبربو ایلام	SAFR117	دم‌سرخ	دیلمانی	لاین ۳۰	IR77298-14-1-2	IR66424-1-2-1-5	
IR82590-B-B-90-4	۰/۸۳																					
حسینی	۰/۵	۰/۳۱																				
Usen	۰/۵۵	۰/۴۳	۰/۲۶																			
IR60080-64A	۰/۶۴	۰/۵	۰/۶۱	۰/۴۷																		
IR55423-01	۰/۷۶	۰/۸	۰/۶۲	۰/۶۶	۰/۸۱																	
بچار	۰/۴۶	۰/۸۱	۰/۶۳	۰/۶۱	۰/۶۶	۰/۸۲																
IR83747-B-B-81-1	۰/۸	۰/۵	۰/۵۷	۰/۶۱	۰/۳۸	۰/۹۴	۰/۷															
طارم منطقه	۰/۶	۰/۴۷	۰/۴	۰/۳۶	۰/۵	۰/۷۶	۰/۷۵	۰/۷														
IR50	۰/۸۴	۰/۶۸	۰/۸۲	۰/۸۸	۰/۷۳	۰/۷۸	۰/۸۸	۰/۷۶	۰/۸۳													
ICMP41	۰/۶	۰/۴۳	۰/۳۸	۰/۳۸	۰/۴۷	۰/۸۱	۰/۶۱	۰/۵۵	۰/۵۲	۰/۷۶												
IR83749-B-B-65-1	۰/۵۷	۰/۵۶	۰/۴۷	۰/۵۷	۰/۵۲	۰/۷۳	۰/۶۶	۰/۷۲	۰/۴۷	۰/۷۰	۰/۵											
ND125	۰/۹	۰/۶۱	۰/۶۹	۰/۶۱	۰/۸۴	۰/۷۱	۰/۸۵	۰/۶۴	۰/۶۴	۰/۸۳	۰/۷۸	۰/۸۴۶										
حسن‌سرای	۰/۷۱	۰/۵۷	۰/۳۸	۰/۳۵	۰/۶۴	۰/۶۶	۰/۶۱	۰/۶۶	۰/۶۱	۱	۰/۴۳	۰/۸۴۵	۰/۸۳									
قصرالدشتی	۰/۶۴	۰/۷۱	۰/۴۷	۰/۵۸	۰/۵۸	۰/۶	۰/۶۴	۰/۵۸	۰/۵۲	۰/۸	۰/۶۴	۰/۴۱	۰/۶۹	۰/۵۶								
عنبربو ایلام	۰/۴۶	۰/۵۲	۰/۵۲	۰/۵۲	۰/۶۴	۰/۶۸	۰/۵۷	۰/۶۸	۰/۶	۰/۷۷	۰/۳۶	۰/۵۲۶	۰/۸۵	۰/۶۴	۰/۵۸							
SAFR117	۰/۵۷	۰/۵۷	۰/۳۵	۰/۵۲	۰/۵	۰/۶۴	۰/۶۲	۰/۴۳	۰/۵۲	۰/۸	۰/۲۳	۰/۵۲۹	۰/۸۳	۰/۴۶	۰/۴۳	۰/۴۱						
دم‌سرخ	۰/۳۸	۰/۶	۰/۴۴	۰/۵۸	۰/۵	۰/۶۲	۰/۶۶	۰/۷۲	۰/۶۸	۰/۶۸	۰/۵۵	۰/۵۲۹	۰/۶۹	۰/۶۸	۰/۶۲۵	۰/۵	۰/۴۳					
دیلمانی	۰/۸	۰/۷۳	۰/۶۶	۰/۷۰	۰/۷۲	۰/۷۰	۰/۵۲	۰/۷۳	۰/۸۴	۰/۹۳	۰/۷۲	۰/۷۶	۰/۶۴	۰/۵۸	۰/۷۶	۰/۶۶	۰/۶۸	۰/۶۱				
لاین ۳۰	۰/۹۲	۰/۸	۰/۸۱	۰/۷۳	۰/۶	۰/۷۵	۰/۷۶	۰/۶۴	۰/۶۴	۰/۷۱	۰/۷۳	۰/۵۳	۰/۶۹	۰/۷۵	۰/۵	۰/۷۵	۰/۶۱	۰/۸	۰/۷۵			
IR77298-14-1-2	۰/۴	۰/۷۱	۰/۶۸	۰/۷۵	۰/۶۸	۰/۶۶	۰/۷۶	۰/۸۲	۰/۷۰	۰/۸	۰/۷۶	۰/۶۸	۰/۶۹	۰/۸	۰/۷۵	۰/۵۲	۰/۶۸	۰/۵	۰/۷۶	۰/۷۱		
IR66424-1-2-1-5	۰/۵۳	۰/۷۵	۰/۶۶	۰/۵۵	۰/۵۸	۰/۸۱	۰/۶۳	۰/۷۳	۰/۶۳	۰/۸۲	۰/۶۶	۰/۷۲	۰/۷۱	۰/۷۰	۰/۷۶	۰/۷۰	۰/۴۷	۰/۵	۰/۶۸	۰/۵۸		
دشت	۰/۸۳	۰/۵	۰/۵۷	۰/۶۴	۰/۷۶	۰/۴۶	۰/۸	۰/۶	۰/۸۴	۰/۶	۰/۵۷	۰/۹۰	۰/۷۱	۰/۶۴	۰/۶۳	۰/۵۷	۰/۲۸	۰/۸	۰/۹۲	۰/۴	۰/۵۳	

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای داده‌های مولکولی بر اساس روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در سه گروه قرار داد (شکل ۲).



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای اطلاعات مولکولی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس روش UPGMA و ضریب تشابه جاکارد.

RM5702, RM5720, RM6589, RM3688, RM8231 و RM5774 توانستند تنوع در ژنوتیپ‌های برنج را به میزان بالایی نشان دهند.

بر اساس تجزیه رگرسیون داده‌های SSR و صفات مورفولوژیکی، در مجموع ۱۴ آلل مثبت برای صفات طول ریشه، طول ساقه و وزن ساقه شناسایی شد (جدول ۵). از بین صفات مورد مطالعه، فقط برای صفت وزن ریشه، نشان‌گرهای مثبت وجود نداشت. مقادیر ضرایب تبیین تصحیح شده نشان داد که برای صفات طول ریشه در شرایط نرمال و تنش، طول ساقه و وزن ساقه در شرایط نرمال بیش از ۴۰ درصد تغییرات توسط آلل نشان‌گرهای مثبت شناسایی شده توجیه گردید. آلل RM152-B دارای رابطه معنی‌داری با طول ساقه و وزن ساقه در شرایط نرمال، آلل RM5774-C برای صفت طول ریشه در شرایط نرمال و تنش به‌طور مشترک رابطه معنی‌دار نشان داد. صفت طول ساقه در شرایط نرمال دارای بیشترین میزان تغییرات تبیین شده (۰/۷۵۹) بود و وزن ریشه در شرایط نرمال دارای کمترین میزان تغییرات تبیین شده (۰/۱۹۸) توسط آلل‌ها بود.

نقطه برش دندروگرام با استفاده از تجزیه تابع تشخیص انجام شد. تجزیه تابع تشخیص با استفاده از این سه گروه نشان داد که تابع اول ۶۵/۲ درصد و تابع دوم ۲۴/۸ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌کنند (به ترتیب با کای اسکوتر  $121/175^{**}$  و  $55/235^{**}$ ). با توجه دقیق‌تر به نتایج حاصل، می‌توان اذعان داشت که تعدادی از ژنوتیپ‌های گروه اول جزء ژنوتیپ‌های حساس و تعدادی از ژنوتیپ‌های گروه سوم ژنوتیپ‌های متحمل‌تر به سرما بودند. در حقیقت، نشان‌گرهای SSR به کار رفته تا حدودی توانستند این ژنوتیپ‌ها را از هم تفکیک نمایند. لذا انتظار می‌رود بتوان با استفاده از نتایج تجزیه ارتباط به نشان‌گرهایی دست یافت که ارتباط معنی‌داری با صفات مرتبط با تحمل به سرما داشته باشند. کومار و همکاران (۷) با استفاده از تجزیه و تحلیل خوشه‌ای، سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را در میان ژنوتیپ‌ها تشخیص دادند و ضریب تشابه در مطالعه آنها از ۰/۴ تا ۰/۹ متغیر بود.

از آنجا که جایگاه‌های ریزماهواره مورد استفاده دارای چند شکلی بالایی بوده و انتخاب این جایگاه‌ها به خوبی صورت گرفته است و از طرفی تعدادی از نشان‌گرهای مورد بررسی از جمله RM276, RM7426.

تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از نشان‌گرهای SSR و تجزیه ارتباط برای صفات مرتبط با تحمل به سرما ..... ۱۷۲

جدول ۵- ضرایب رگرسیون و ضریب تبیین تصحیح شده به روش گام به گام بین هر یک از صفات به‌عنوان متغیر وابسته و نشان‌گرها به‌عنوان متغیر مستقل

وزن ساقه		وزن ریشه		ضرایب رگرسیون صفات		طول ریشه		نشان‌گرها
تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	
۰/۰۴۱	۰/۰۸۸		۰/۰۸۷	۹/۲۸۴	۱۱/۸۰۷	۱۴/۸۹۱	۱۶/۹۷۸	عرض از مبدا
۰/۳۹۵	۰/۵۰۶		۰/۱۹۸	۰/۳۵۶	۰/۷۵۹	۰/۴۸۵	۰/۴۲۸	R <sup>2</sup> تصحیح شده
	۰/۰۲۱							RM480-A
								۱
								RM7426-D
								۲
								RM7426-E
								۳
								RM3688-D
								۴
								RM3475-C
۰/۰۰۱								۵
								RM6589-F
-۰/۰۰۸								۶
								RM119-A
							۰/۲۷۹	۷
								RM119-B
			۰/۰۰۳					۸
								RM152-B
								۹
								RM4455-C
								۱۰
								RM1337-A
								۱۱
								RM5774-C
								۱۲

### منابع

- Ahn, S., J.A. Anderson, M.E. Sorrells and S.D. Tanks. 1993. Homologous relations of rice, wheat and maize chromosomes. *Molecular and General Genetics*, 241: 483-490.
- Akhgari, H. 2004. Rice (Agriculture, Regrowth Nutrition). Rahst Islamic Azad university's publications, 481 pp.
- Allen, D.J. and D.R. Ort. 2001. Impacts of chilling temperatures on photosynthesis in warm-climate plants. *Trends in Plant Science*, 6: 36-42.
- Chuang, H.Y., S.H. Lur, K.K. Hwu and M.C. Chang. 2011. Authentication of domestic Taiwan rice varieties based on fingerprinting analysis of microsatellite DNA markers. *Botanical Studies*, 52: 393-405.
- Ghorbani, A., F. Zarinkamar and A. Fallah. 2009. The Effect of cold stress on the morphologic and physiologic characters of two rice varieties in seedling stage. *Journal of Crop Breeding*, 1: 50-66 (In Persian).
- Ghorbani, A., F. Zarinkamar and A. Fallah. 2011. Effect of Cold Stress on the Anatomy and Morphology of the Tolerant and Sensitive Cultivars of Rice during Germination. *Journal of Cell and Tissue*, 2: 235-244 (In Persian).
- Kumar, R., A. Kumar, S.A. Kumar and J. Radha. 2012. Evaluation of genetic diversity in rice using simple sequence repeats (SSR) markers, *African Journal of Biotechnology*, 11: 14956-14995.
- Lin, M.A., Y.U. Xian-quan and Z. Fu-sheng. 2010. SSR-Based Analysis on Genetic Diversity of Rice Landraces from Guizhou Province, China. *Chinese Journal of Rice Science*, 24: 237-243.
- Liu, K. and S.V. Muse. 2005. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128-2129.
- Rabbani, M.A., M.S. Masood, Z.K. Shinwari and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2010. Genetic analysis of basmati and non-basmati Pakistani rice (*Oryza sativa* L.) cultivars using microsatellite markers. *Pakistan Journal of Botany*, 42: 2551-2564.
- Sajib, A.M., M.D. Musharaf Hossain, A.T.M.J. Mosnaz, H. Hossain, M.D. Monirul Islam, M.D. Shamsher Ali and S.H. Prodhan. 2012. SSR marker-based molecular characterization and genetic diversity analysis of aromatic landraces of rice (*Oryza sativa* L.) *Journal of Bioscience and Biotechnology*, 1: 107-116.
- Saghai Maroof, M.A., R.M. Biyashev, G.P. Yang, Q. Zhang and R.W. Allard. 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellites DNA in barely species diversity chromosomal location and population dynamics. *Proceeding of the Academy of sciences, USA*, 91: 5466-5570.
- Sarma, R.N. and S. Rathi. 2012. Microsatellite diversity in indigenous glutinous rice landraces of Assam. *Indian Journal of Biotechnology*, 11: 23-29.
- Seetharam, K., S. Thirumeni and K. Paramasivam. 2009. Estimation of genetic diversity in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using SSR markers and morphological characters. *African Journal of Biotechnology*, 8: 2050-2059.
- Yasmin, F., M.R. Islam, S. Rehana, R.R. Mazumder, M. Anisuzzaman, H. Khatun, R. Rayhan and G.B. Gregorio. 2012. Molecular characterization of inbred and hybrid rice genotypes of Bangladesh. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 44: 163-175.
- Yeh, F.C. R.C. Yang and T. Boyle. 1999. PopGene, version 1.31. Microsoft windows based Freeware for population genetic analysis. Molecular Biology and Technology Center, University of Alberta, Edmonton. AB. Canada, 26 pp.
- Yoshida, S., D.A.J.H. Forno Cock and K.A. Gomez. 1976. Laboratory manual for physiological studies of rice 3rd Ed). International Rice Research Institute, pp: 27-35.

## Study of Genetic Diversity of Rice Genotypes by SSR Markers and Association Analysis for Related Traits to Cold Tolerance

**Fatemeh Honarvar<sup>1</sup>, Hossein Saoburi<sup>2</sup> and Ahmad Reza Dadras<sup>3</sup>**

1- M.Sc., Islamic Azad University, Damghan Branch

2- Assistant Professor, University of Gonbad Kavous, (Corresponding author: hos.sabouri@gmail.com)

3- Ph.D. Student, University of Guilan

Received: October 20, 2013

Accepted: March 5, 2014

### Abstract

In order to investigate of genetic diversity and association analysis SSR markers and related traits to cold tolerance in rice, 22 rice genotypes including 10 landrace and improved and 12 foreign genotypes and 21 SSR markers were used. In total, 89 alleles were found. The number of alleles at each locus ranged from 2 to 7. The highest number of alleles was observed in primer RM8231 and minimum number of alleles in primer RM119. The maximum of polymorphic information content (0.7486) was related to RM8231 and the lowest (0.2573) was related to RM7424. The gene diversity rate varied between the lowest value is 0.2777 (RM7424) to the maximum value 0.78 to (RM8231). The used microsatellites revealed relatively high polymorphism and suggest these loci have high potential in distinction of genotypes. The association analysis based on stepwise regression of SSR data and phenotypic data identified totally 14 positive and informative alleles for length and weight of root and stem under normal and stress condition. The highest coefficient and determination under stress was found for root length with two alleles of RM1337-A and RM5774-C. Also no alleles were detected associated with root weight under stress. The identified informative markers in the present study can be used for breeding projects if confirmed in subsequent experiments.

**Keywords:** Cold Stress, Informative Marker, Microsatellite, Rice