



تجزیه هم‌بستگی برخی صفات زراعی با نشان گرهای ریزماهوره برای انتخاب کلون‌های پرقند نیشکر در استان خوزستان

سارا عصاره زادگان دزفولی^۱، خلیل عالمی سعید^۲، رضا مامقانی^۳ و زهرا خدارحم‌پور^۴

۱- کارشناس ارشد، گروه کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات خوزستان، (نویسنده مسوول: sara.assareh@yahoo.com)

۲- استادیار، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین

۳- استاد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات خوزستان

۴- دانشیار، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شوشتر، شوشتر، ایران

تاریخ دریافت: ۹۲/۱۱/۲۹ تاریخ پذیرش: ۹۳/۸/۴

چکیده

روش تجزیه هم‌بستگی، امکان شناسایی اولیه و سریع ژن‌های کنترلکننده صفات کمی را ممکن می‌سازد. در این تحقیق ارتباط بین ۱۴ صفت زراعی و ۹۶ باند حاصل از ۲۰ جفت آغازگر ریزماهوره روی ۲۶ کلون و ۴ رقم تجاری از راه هم‌بستگی کانونیکال مطالعه شد. میانگین تعداد آلل‌ها ۵/۱۵ آلل برای هر مکان ریزماهوره بود. میزان محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) آغازگرها بین ۰/۱۹ تا ۰/۷۱ متغیر بود. نشان گرهای AFO۶۲۷۳۴، UGSM۶۸۸ و UGSM۲ با بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی آغازگرها، بیشترین شاخص چندشکلی را نشان دادند و توانستند بهتر از بقیه نشانگرها فاصله ژنتیکی ارقام را مشخص کنند، در حالی که نشانگرهای UGSM۳۱ و SGM۶ با کمترین مقدار شاخص چندشکلی، توانایی جداسازی ژنوتیپ‌ها را نداشتند. نتایج تجزیه هم‌بستگی کانونیکال نشان داد که بین تعداد زیادی از مکان‌های ژنی و حداقل یکی از صفات زراعی به جز درصد شربت و درصد خلوص شربت ارتباط معنی‌داری وجود دارد. بنابراین احتمالاً می‌توان از این مکان‌های ژنی برای انتخاب بهینه صفات مورفولوژیک در نیشکر استفاده کرد. بیشترین هم‌بستگی مربوط به صفت عملکرد شکر و عملکرد نی توسط نشانگر SMC۲۲۶CG به ترتیب ۲۵ و ۲۶ درصد و برای صفت درصد قند قابل استحصال توسط نشانگر AFO۶۲۷۳۴ (۱۲ درصد) به دست آمد. همچنین برخی از نشانگرها با بیش از یک صفت ارتباط نشان می‌دهند که بیان گر این است که این صفات پیوستگی بسیار نزدیکی با همدیگر داشته و یا احتمالاً تحت تاثیر ژن‌های چنداثره قرار دارند. در مطالعات آینده، از باند نشانگرهای شناسایی شده که هم‌بستگی (r²) بالایی با صفات زراعی دارند، می‌توان برای انتخاب والدین تلاقی‌ها و اصلاح ارقام پرقند استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: نیشکر، قند، ریزماهوره، صفات زراعی، هم‌بستگی کانونیکال

مقدمه

یک دیگر بوده و نمی‌توانند به تنهایی ابزار سودمندی در روش‌های مختلف اصلاحی محسوب شوند (۱۹). بررسی رابطه بین نشانگرهای مولکولی و صفات زراعی دارای کاربردهای متعددی از جمله امکان بررسی پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ‌های خاص پیش از ارزیابی فنوتیپی، شناسایی آلل‌های صفت مطلوب در مجموعه‌های ژرم‌پلاسما، تسهیل مکان‌یابی دقیق QTLها و تأیید ژن‌های کاندیدای مسئول صفات کمی است (۱۲). توانمندترین این نشانگرها، نشانگرهای ریزماهوره هستند که در DNA هسته‌ای تمام یوکاریوت‌ها یافت شده (۱۰) و به دلیل تنوع زیاد، توزیع ژنومی گسترده، وراثت هم‌بازری، تکرارپذیری، طبیعت چندآلی و مکان خاص کروموزومی برای نقشه‌برداری از ژن‌های مفید و انتخاب به کمک نشانگر مناسب بوده و اهمیت قابل ملاحظه‌ای در اصلاح نژاد مولکولی به‌دست آورده‌اند (۲۳). هوارا و همکاران (۱۴) با استفاده از ۱۰۰۰ نشانگر AFLP مطالعه‌ای را در خصوص شناسایی صفات کمی (QTL) مؤثر بر عملکرد انجام دادند که اولین مطالعه گسترده برای نقشه‌یابی QTLهای مرتبط با صفات زراعی در نیشکر بود. مینگ و همکاران (۲۱) با استفاده از نشانگر RFLP، AFLP و RFLPهایی را برای صفت درصد قند گزارش نمودند که میزان اندکی از تنوع فنوتیپی مشاهده شده را توجیه کردند. همچنین آتکین و همکاران (۱)، با بیش

نیشکر (*Saccharum sp.*) مهم‌ترین گیاه قندی است، که تقریباً ۵۰ درصد از شکر جهان را تأمین می‌کند (۲۸). ایران با مصرف سرانه ۲۹/۵ کیلوگرم شکر، جزء ۱۰ کشور بزرگ واردکننده شکر در جهان می‌باشد. برنامه‌ریزی صحیح در بخش‌های مختلف تحقیقاتی این گیاه موجب می‌شود از خروج سالانه میلیون‌ها دلار ارز جلوگیری شود (۵). اصلاح درصد قند در نیشکر از دیدگاه تجاری بسیار مهم است، زیرا باعث افزایش درآمد حاصل از افزایش قند بدون برداشت بیشتر می‌شود. ولی علی‌رغم وراثت‌پذیری بالای درصد قند، در بیش از ۴۰ سال گذشته پیشرفت‌های محدودی در بهبود مقدار قند در برنامه‌های اصلاح نژاد نیشکر به دست آمده است (۱۶). اما با توجه به اندازه ۷۶۰ تا ۹۲۶ Mbp (۹) و پیچیدگی ژنوم نیشکر پیشرفت کمی به‌دست آمده است (۲۷). امروزه طیف وسیع ابزارهای ژنومی در دسترس هستند و فرصت‌های جدیدی برای تغییر درک ما از معماری ژنتیکی نیشکر و بررسی سیستم عملکردی آن فراهم کرده‌اند (۱۵). در میان این تکنیک‌ها مارکرهای مولکولی مبتنی بر DNA مانند AFLP، RAPD، RFLP، ریزماهوره (SSR) و SNP در اصلاح محصولات زراعی اهمیت زیادی دارند (۳). با این حال نشان گرهای مولکولی و صفات مورفولوژیک تکمیل‌کننده

مواد و روش‌ها

آزمایشی در سه سال زراعی ۱۳۸۷-۸۹ و در سه منطقه کشت و صنعت نیشکرکاری شامل کشت و صنعت‌های میان‌آب و امام خمینی (ره) در شمال و صنعت امیرکبیر در جنوب اهواز روی ۲۶ کلون برتر به همراه ۴ رقم تجاری CP57-614، CP69-1062، CP48-103 و NC0310 که ارقام شاهد محسوب می‌شوند، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. خصوصیات کمی و کیفی شامل: ارتفاع ساقه، تعداد میانگره، طول میانگره وسط، قطر میانگره وسط، وزن ۱۰ ساقه، تعداد ساقه در ۵ متر طول، وزن شربت، درصد شربت، درصد خلوص شربت، درصد پُل، درصد بریکس، درصد قند قابل استحصال، عملکرد شکر در هکتار و عملکرد نی در هکتار اندازه‌گیری شدند.

کنار آن از مجموعه‌ای از نشانگرهای ریزماهوره مرتبط با درصد قند و صفات وابسته به آن در نیشکر که از سوی کاردیرو و همکاران (۷)، لینگل و دایر (۱۸)، سینگ و همکاران (۲۸، ۲۷)، وندادا و همکاران (۲۹) و گلوپندراج (۱۳) معرفی شده بودند برای تکثیر آل‌های مختلف استفاده شد (جدول ۱).

از ۱۰۰۰ نشانگر AFLP و SSR یک نقشه ژنتیکی گسترده‌ای بدست آوردند که در مجموع ۳۷ عدد QTL برای درصد قند (Pol و Brix) شناسایی شدند. سینگ و همکاران (۲۸) با استفاده از ۷۲۰ مارکر ریزماهوره (SSR)، وارپته‌های تولیدکننده‌ی ساکارز بالا و وارپته‌های تولیدکننده‌ی ساکارز کم را مورد ارزیابی قرار دادند. که ۱۳۰ عدد از مارکرها تنها در والدین با قند بالا مشاهده شدند. آن‌ها نتیجه گرفتند این مارکرها، می‌توانند در ارزیابی ژرم‌پلاسم و انواع آزمون‌های شناسایی و شجره‌ای نیشکر در پژوهش‌های آتی مفید واقع شوند. جوردن و همکاران (۱۷) با استفاده از نشانگر AFLP، رفی و همکاران (۲۵) و آتکین و همکاران (۳) با استفاده از هر دو نشانگر AFLP و SSR، تعدادی QTL با اثرات مثبت و منفی برای صفات مرتبط با عملکرد در نیشکر، شناسایی نمودند. با این حال تاکنون بررسی ارتباط بین نشانگرهای ملکولی و درصد قند در شرایطی مانند خوزستان صورت نگرفته است. به همین منظور این تحقیق با هدف ارزیابی و بررسی ارتباط ریزماهوره‌های ایجاد شده جدید با صفات زراعی - اقتصادی مرتبط با قند در ژنوم کلون‌های امیدبخش نیشکر اصلاح شده در استان خوزستان می‌باشد.

جدول ۱- مشخصات مارکرهاى مورد استفاده در این آزمایش

Table 1. Details of markers used in this experimen

نام مارکر	توالی رفت ۵' → ۳'	توالی برگشت ۳' → ۵'	دمای اتصال
A	F* TCGGGACGAATCTGTTGAG	R* GCATACAAAGACAATAATAAAGA	۵۲
AI	F* CAAGTTCTACGCGTCCAAGAC	R* CAGATGTCCTGACCATTAGT	۵۲
SMC226CG	F* GAGGCTCAGAAGCTGGCAT	R* ACCCTCTATTCCGAGTTGGT	۵۲
SHY293573	F* CGTCTTGTGGATTGGATTGG	R* TGGATTGCTCAGGTGTTTCA	۵۸
UGSM 2	F* CCCATTCTCAAATCTTATTC	R* ACGACCGCCCGCTACTCAC	۵۵
UGSM 28	F* TCCAGGCATAAACATTCAAT	R* TTCGCTCGGTCTCTCTATT	۵۵
UGSM 29	F* ACCAGTTCCTCTACGCC	R* CATCCATCCCTTGTGTC	۵۵
UGSM 31	F* CTCTCGCTTGCTTGTGTC	R* TAGTGGAAAGGGTTCGTTTG	۵۵
UGSM 38	F* CCGAGTGATGATGTGATGT	R* GGGACAACTAATGTAAGTACTGATT	۵۵
UGSM 62	F* AGAACAAATGGACACCTGAAC	R* GAGAGAACCACAACCGAAC	۵۲
UGSM 96	F* TACTTGACCCTTCTTCTTCC	R* GCCGATGGACACCTTGAC	۵۵
SGM 6	F* TACGGCAAGACAAATCAAG	R* TAGTATGTTTCGGTCAAGCA	۴۵
SGM 10	F* AAGACCTCAACCCAGACAC	R* ATACAAACGAAATGTCTACAGG	۴۸
SCM 16	F* GTGCGAGAGGAAGTGT	R* AGCCCTGCCTAACAAGGA	۵۰
UGSM 482	F* GTGAATCTCAGGCTGTGGAAG	R* GCACTAGTCACTACTACACGC	۵۲
UGSM 688	F* TATCTGATCGGTAGCAAATAGC	R* GTGGTTAAGAAGAGACTAAGTTCG	۵۵
UGSM 354	F* ACTGACACACACGCACAC	R* TGGAAAGTGAATGAAGCGA	۵۵
AFO62734	F* CGTGTCTCTTCAACAACG	R* GCGACCGGATTATGATGATT	۵۸
SHY 293497	F* GCTAAGTTGCCGGATGAGAA	R* GTGATGGCGTGAACAATGAC	۴۹
SHY 293501	F* GTTCTCGACATGGGCCTACT	R* CTGCACCTTCGGTCTCTTTT	۵۴

استخراج و تکثیر DNA

تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل پلی‌اکریلامید واسرشته‌ساز ۸ درصد تفکیک و به روش نیترا نقره بر اساس دستور کار سانگوینتی و همکاران (۲۶) با اندکی تغییر رنگ‌آمیزی انجام شد.

داده‌های مولکولی بر اساس وجود و فقدان وجود باند به ترتیب به صورت یک و صفر برای هر جفت آغازگر اختصاصی کدگذاری گردید. میزان اطلاعات چندشکل آغازگر با استفاده از فرمول زیر محاسبه گردید (۲۰):

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{j=1}^n \sum_{i=j+1}^n 2p_i^2 p_j^2 \quad [1]$$

که n تعداد آل‌ها و Pi فراوانی آل نام می‌باشد.

استخراج DNA از برگ‌های جوان گیاه، به روش دلاپورتا و همکاران (۸) با اندکی تغییر انجام شد. برنامه PCR با استفاده از دستگاه ترموسایکلر بایورد در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر DNA ژنومی، ۲/۵ میکرولیتر بافر ۱۰X، ۰/۵ میکرولیتر 10mM dNTP، ۰/۷۵ میکرولیتر کلرید منیزیم 50mM، ۱/۲۵ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای رفت و برگشت (با غلظت 10μM)، ۰/۱۲۵ میکرولیتر آنزیم Taq پلی‌مراز و در نهایت ۱۶/۱۲۵ میکرولیتر آب دوبار تقطیر انجام شد. به منظور کاهش محصول کاذب چرخه حرارتی بر اساس پروتکل Touch Down تنظیم گردید. محصولات

تجزیه همبستگی کانونیکال نشان داد (جدول ۴) به جز صفات درصد شربت و درصد خلوص شربت بین نشانگرهای مورد بررسی و صفات مورد بررسی همبستگی‌های بسیار معنی‌داری وجود دارد. در این میان بیشتر نشانگرها به ترتیب با قطر میانگره، تعداد میانگره، درصد بریکس، وزن شربت، عملکرد نی در هکتار، ارتفاع ساقه و درصد پُل ارتباط داشته‌اند. متوسط همبستگی مارکرها با صفات زراعی - اقتصادی ۰/۱۲۶ بوده است. بیشترین و کمترین ضریب تبیین (r²) کل نشانگرها به ترتیب مربوط به صفت قطر میانگره (۰/۳۸۷) و تعداد ساقه در ۵ متر طول (۰/۰۷۰) بود که می‌تواند بیانگر این باشد که صفات قطر میانگره بیشتر تحت تاثیر ژنتیک و تعداد ساقه بیشتر تحت تاثیر محیط بودند. از بین صفاتی که با نوارهای SSR همبستگی نشان دادند.

آن‌هایی که در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بودند (جدول ۵)، میزان صفت در تمامی ژنوتیپ‌ها مورد ارزیابی قرار گرفت. از ۱۴ نشانگر مرتبط با صفت بریکس، ۵ نشانگر دارای همبستگی مثبت و ۹ نشانگر منفی بودند، که آلل ۴ از آغازگر SHY۹۳۵۷۳ و آلل ۲ از آغازگر UGSM۲۸ بیشترین همبستگی (r²) مثبت و منفی (۱۴ و ۲۴ درصد) برای آن نشان دادند. هم چنین از ۵ نشانگر مرتبط با درصد قند قابل استحصال، ۱ نشانگر دارای همبستگی مثبت و ۴ نشانگر منفی بودند، که آلل‌های ۴ و ۲ از جفت آغازگر مکان ژنی AFO۶۲۷۳۳، بیشترین r² مثبت و منفی (۱۲ و ۱۸ درصد) برای این صفت نشان دادند. از ۱۳ نشانگر مرتبط با ارتفاع ساقه، به ترتیب ۶ و ۷ نشانگر دارای همبستگی مثبت و منفی بودند، که نشانگرهایی (آلل ۱ و ۲) از جفت آغازگرهای مکان ژنی UGSM۶۸۸ و AI بیشترین r² مثبت (۱۴ درصد) و نشانگری (آلل ۴) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۲۵۴، بیشترین r² منفی (۲۴ درصد) برای این صفت نشان دادند. از ۱۰ نشانگر مرتبط با درصد پُل، به ترتیب ۴ و ۶ نشانگر دارای همبستگی مثبت و منفی بودند، که نشانگرهایی (آلل‌های ۴ و ۲) از جفت آغازگرهای مکان ژنی SHY۲۹۳۵۷۳ و AFO۶۲۷۳۳، به ترتیب بیشترین r² مثبت (۱۲ درصد) و منفی (۲۰ درصد) را برای این صفت نشان دادند. از ۸ نشانگر مرتبط با عملکرد شکر، ۴ نشانگر اثر مثبت و ۴ نشانگر اثر منفی و از ۱۰ نشانگر مرتبط با عملکرد نی نیز ۵ نشانگر اثر مثبت و ۵ نشانگر دارای اثر منفی بودند.

برای شناسایی نواحی ژنومی دخیل در کنترل صفات زراعی اندازه گیری شده در کلون‌های مورد بررسی از روش همبستگی کانونیکال استفاده شد (۲۲). برای تجزیه واریانس و همبستگی کانونیکال بین صفات زراعی و مولکولی از نرم‌افزار SAS ۹.۲ استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات زراعی (جدول ۲) نشان داد اختلاف بین ارقام برای همه چهارده صفت مورد بررسی در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار می‌باشد. نشانگرهای مورد بررسی، با میانگین ۵/۱۵ آلل برای هر آغازگر در مجموع ۹۶ آلل چندشکل نشان دادند (جدول ۳). بیشترین تعداد آلل مربوط به مکان‌های ژنی UGSM۶۲، SHY۲۹۳۴۹۷، SHY۲۹۳۵۰۱، SHY۲۹۳۵۷۳ (۷ آلل) و کمترین تعداد آلل مربوط به جایگاه ژنی UGSM۶۸۸ (۲ آلل) بود.

سینگ و همکاران (۲۸) تعداد آلل‌های بیشتری با بعضی نشانگرهای مشابه در این تحقیق گزارش داده‌اند. کمتر بودن تعداد آلل‌ها و درصد چندشکلی در تحقیق حاضر به علت تعداد کم کلون‌های مورد مطالعه می‌باشد. زیرا کاردیرو و همکاران (۷) نیز با استفاده از ۹۱ نشانگر میکروستلایت تعداد ۱۲-۳ آلل را در بین ۵ ژنوتیپ و سینگ و همکاران (۲۸) نیز با استفاده از ۱۶۸ نشانگر ریزماهوره تعداد ۱۱-۲ آلل را در بین ۲۰ ژنوتیپ، گزارش دادند. بیشترین میزان محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) آغازگرها مربوط به آغازگر AFO۶۲۷۳۴ (۰/۷۱) و کمترین آن مربوط به UGSM۳۱ (۰/۱۹) با متوسط ۰/۴۶ برآورد گردید (جدول ۳)، که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی متوسط در بین ژنوتیپ‌ها است. کاردیرو و همکاران (۷)، میانگین درصد PIC با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره را ۷۲٪ و سینگ و همکاران (۲۸)، با استفاده از ۱۶۸ نشانگر ریزماهوره میزان آن را میانگین ۵۵٪ درصد گزارش دادند. نشانگرهای AFO۶۲۷۳۴، UGSM۶۸۸ و UGSM۲ با بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی آغازگرها، بهتر از همه نشانگرهای مورد استفاده، توانستند فاصله ژنتیکی ارقام را مشخص کنند، در حالی که نشانگرهای UGSM۳۱ و SGM۶ با کمترین مقدار شاخص چندشکلی، توانایی جداسازی ژنوتیپ‌ها را نداشته‌اند. ارتباط خاصی بین افزایش تعداد آلل و مقدار محتوای اطلاعات چندشکلی آغازگرها نیز وجود ندارد.

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب با آزمایش مزرعه‌ای بین ژنوتیپ‌ها

Table 2. Combined analysis of variance with a field test between the genotypes

میانگین مربعات							
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع	تعداد میانگره	طول میانگره	قطر میانگره	تعداد ساقه در ۵ متر	وزن ۱۰ ساقه
مکان	۲	۳۴۸۱۱۳/۸۷ ^{**}	۱۵۴۱/۳۷ ^{**}	۱۴۰۹/۱۸ ^{**}	۳۳۶/۱۲ ^{**}	۷۳۳۹/۷۳ ^{**}	۲۲۴/۹۷ ^{**}
سال-بلوک	۴	۷۸۳۵۲/۶۲ ^{**}	۹۰/۴۷ ^{**}	۴۶۵/۸۴ ^{**}	۱۹۷/۵۴ ^{**}	۶۰۱۶۳/۷۹ ^{**}	۱۶۴/۳۹ ^{**}
ژنوتیپ	۲۹	۸۷۲۰/۴۶ ^{**}	۴۴/۸۹ ^{**}	۵۳/۲۳ ^{**}	۷۱/۰۸ ^{**}	۲۸۲۶/۱۵ ^{**}	۸۴۲/۲۴ ^{**}
ژنوتیپ×مکان	۵۸	۱۴۲۸/۸۶ [*]	۷/۳۰ ^{**}	۷/۱۵ ^{**}	۳/۳۰ ^{ns}	۸۳۳/۸۴ ^{ns}	۲/۹۲ ^{ns}
بلوک (سال×مکان)	۱۸	۳۳۶۳/۱۶۶ ^{**}	۲۸/۲۱ ^{**}	۱۰/۷۰ ^{**}	۸/۳۲ ^{**}	۴۳۶۳/۳۰ ^{**}	۱۲/۵۸ ^{**}
سال	۲	۲۷۷۰۳۹/۵۲ ^{**}	۱۰۰۴/۷۶ ^{**}	۱۱۴۰/۶۵ ^{**}	۱۱۹/۲۰ ^{**}	۶۰۷۱۱/۱۵ ^{**}	۱۷۵/۳۲ ^{**}
ژنوتیپ×سال	۵۸	۸۴۱/۶۰ [*]	۴/۱۳ ^{ns}	۳/۹۷ ^{ns}	۲/۹۴ ^{ns}	۴۳۸/۷۱ ^{ns}	۲/۱۷ ^{ns}
ژنوتیپ×سال×مکان	۱۱۶	۸۶۱/۰۶ ^{**}	۳/۹۸ ^{ns}	۵/۱۳ ^{**}	۲/۶۱ ^{ns}	۷۰۲/۴۸ ^{ns}	۲/۴۵ ^{ns}
خطا	۵۰۴	۶۱۶/۶۶	۳/۹۱	۳/۸۲	۲/۵۳	۶۵۲/۳۷	۲/۲۳
ضریب تغییرات (CV)		۱۳/۴۳	۱۲/۶۴	۱۶/۰۵	۶/۹۸	۲۱/۸۲	۲۳/۸۱
							۲۹/۱۰

* و **: به ترتیب در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

Continued Table 2

میانگین مربعات							درجه آزادی	منابع تغییرات
عملکرد شکر	عملکرد نی	درصد قند	درصد پل	درصد بریکس	درصد خلوص شربت	درصد شربت		
۲۹۵/۳۴**	۱۰۰۶۳۷/۲۰**	۴۶۵/۲۸**	۷۶۳/۵۰**	۳۹۱/۰۷**	۳۵۸۸/۱۲**	۸۸۶۴/۸۴**	۲	مکان
۷۲۵/۲۸**	۴۸۰۹۶/۸۶**	۲۳/۳۲**	۳۷/۲۲**	۲۵/۹۸**	۲۷۵/۱۴**	۱۷۳۲/۴۴**	۴	سال × مکان
۳۴/۹۸**	۴۰۱۴/۸۱**	۱۰/۴۳**	۲۰/۸۳**	۱۷/۴۱**	۵۴/۷۳**	۹۱/۳۳**	۲۹	ژنوتیپ
۱۰/۳۴ ^{NS}	۱۲۲۸/۸۸**	۲/۷۸**	۴/۷۶**	۳/۲۱**	۳۰/۴۱ ^{NS}	۳۵/۸۰*	۵۸	ژنوتیپ×مکان
۵۶/۴۵**	۶۱۴۷/۰۳**	۳/۹۳**	۵/۵۸**	۳/۵۶**	۷۹/۲۶**	۱۴۳/۸۳**	۱۸	بلوک (سال×مکان)
۲۳۴/۹۸**	۸۰۹۳/۱۶۱**	۲۹۰/۷۶**	۵۲۵/۲۶**	۳۴۵/۴۵**	۱۷۲۲/۱۶**	۳۹۶/۸۶**	۲	سال
۵/۰۴ ^{NS}	۴۳۹/۲۶ ^{NS}	۱/۳۹ ^{NS}	۲/۲۳ ^{NS}	۱/۶۰ ^{NS}	۱۸/۷۳ ^{NS}	۲۸/۰۹ ^{NS}	۵۸	ژنوتیپ×سال
۹/۸۳ ^{NS}	۹۰۹/۴۳ ^{NS}	۱/۴۵ ^{NS}	۲/۲۸ ^{NS}	۱/۵۷*	۲۲/۳۱ ^{NS}	۲۵/۳۱ ^{NS}	۱۱۶	ژنوتیپ×سال×مکان
۷/۷۴	۷۸۹/۲۰	۱/۲۴	۱/۹۳	۱/۲۴	۱۷/۷۷	۲۶/۳۶	۵۰۴	خطا
۳۰/۷۱	۳۴/۱۲	۱۱/۹۳	۸/۹۱	۶/۰۰	۵/۰۴	۱۳/۳۸		ضرب تغییرات (CV)

* و **: به ترتیب در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- مشخصات مارکرهای مورد استفاده در این آزمایش

Table 3. Details markers used in this experiment

نام مارکر	PIC	تعداد آلل	نام مارکر	PIC	تعداد آلل
A	۰/۴۷	۶	UGSM 96	۰/۴۸	۶
AI	۰/۲۵	۶	SGM 6	۰/۲۰	۵
SMC226CG	۰/۵۹	۶	SGM 10	۰/۶۰	۵
SHY293573	۰/۵۹	۷	SCM 16	۰/۴۲	۳
UGSM 2	۰/۶۶	۴	UGSM 482	۰/۴۶	۴
UGSM 28	۰/۳۰	۵	UGSM 688	۰/۷۰	۲
UGSM 29	۰/۳۵	۵	UGSM 354	۰/۶۳	۴
UGSM 31	۰/۱۹	۴	AFO62734	۰/۷۱	۶
UGSM 38	۰/۲۷	۴	SHY 293497	۰/۳۵	۷
UGSM 62	۰/۵۹	۷	SHY 293501	۰/۳۹	۷
میانگین PIC	۰/۴۶		میانگین آلل‌ها	۵/۱۵	

جدول ۴- تأثیر کلیه مارکرهای مولکولی بر هر کدام از صفات زراعی

Table 4. The effect of all molecular markers on each of the of agronomic traits

تعداد نشانگر (N)	R ² (T)	صفات مورفولوژیک	تعداد نشانگر (N)	R ² (T)	صفات مورفولوژیک
۸	۰/۰۹۹**	ارتفاع ساقه	۴	۰/۰۹۶**	درصد قند قابل استحصال
۵	۰/۰۷۰**	تعداد ساقه در ۵ متر طول	۶	۰/۱۲۹**	طول میانگوه وسط
۱۲	۰/۱۲۵**	تعداد میانگوه	۶	۰/۰۹۰**	عملکرد شکر در هکتار
۰	۰/۰۴۸ ^{NS}	درصد شربت	۹	۰/۰۸۶**	عملکرد نی در هکتار
۱۱	۰/۱۵۱**	درصد بریکس	۱۷	۰/۳۸۷**	قطر میانگوه وسط
۸	۰/۱۱۵**	درصد پل	۵	۰/۱۷۷**	وزن ۱۰ ساقه
۰	۰/۰۵۳ ^{NS}	درصد خلوص شربت	۹	۰/۱۳۴**	وزن شربت
میانگین کل صفات	۰/۱۲۶				

* و **: به ترتیب در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، R² (T): ضریب تبیین تمامی نشانگرهای آگاهی بخش برای صفات کمی، N: تعداد نشانگرهای آگاهی بخش برای صفات کمی

۱۷ و ۱۹ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگرهایی (آلل‌های ۳ و ۱) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۳۵۴، بیشترین r² مثبت و منفی به ترتیب ۴۰ و ۳۴ درصد برای این صفت نشان دادند. از ۱۳ نشانگر مرتبط با وزن شربت، تعداد ۴ و ۹ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگری (آلل ۲) از جفت آغازگر مکان ژنی SHY۲۹۳۵۷۳، بیشترین r² مثبت (۱۶ درصد) و نشانگری (آلل ۵) از جفت آغازگر مکان ژنی AFO۶۲۷۰۴ بیشترین r² منفی (۱۸ درصد) برای این صفت نشان دادند. از ۹ نشانگر مرتبط با طول میانگوه وسط، تعداد ۵ و ۴ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگری (آلل ۶) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۶۲ بیشترین r² مثبت (۱۶ درصد) و

به طوری که نشانگری (آلل ۶) از جفت آغازگرهای مکان ژنی SMC۲۲۶CG، بیشترین همبستگی مثبت به ترتیب ۲۵ و ۲۶ درصد برای صفات عملکرد شکر و عملکرد نی را نشان داد. همچنین نشانگری (آلل ۴) از مکان ژنی UGSM۳۵۴، بیشترین همبستگی منفی به ترتیب ۲۰ و ۱۷ درصد برای صفات عملکرد شکر و عملکرد نی نشان داد. از ۱۲ نشانگر مرتبط با تعداد میانگوه، به ترتیب ۹ و ۳ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگرهایی (آلل‌های ۲ و ۴) از مکان‌های ژنی UGSM۳۱ و UGSM۲۹، بیشترین همبستگی مثبت (۱۷ درصد) و نشانگری (آلل ۱) از مکان ژنی SHY۲۹۳۵۷۳، بیشترین همبستگی منفی (۲۱ درصد) را برای صفت تعداد میانگوه نشان دادند. از ۳۶ نشانگر مرتبط با قطر میانگوه، تعداد

نشانگر SMC۲۲۶CG فقط در ژنوتیپ‌های با درصد قند پایین مشاهده شد که در مطالعه حاضر نیز همین نشانگر (آل) تنها با صفت قطر میانگه وسط همبستگی منفی معنی‌دار را نشان داد. آنوسونپومپورم و همکاران (۵) نیز با استفاده از ۱۸۰ نشانگر AFLP را مورد استفاده قرار دادند. تعداد ۳۰ عدد QTL برای صفات کنترل کننده قطر ساقه، پنجه‌زنی و درصد فیبر شناسایی کردند. هر QTL برای صفت قطر ساقه ۳/۷ تا ۱۰/۷٪، محتوای فیبر ۳/۷ تا ۹/۹٪ و پنجه‌زنی ۴ تا ۸٪ از تنوع را توجیه نمودند، که ۵۸ درصد از QTL‌های فیبر روی آن اثرات منفی را نشان دادند.

با توجه به تحقیق حاضر می‌توان گفت آغازگرهای UGSM۶۲، UGSM۳۵۴، AFO۶۲۷۰۴، SHY۲۹۳۴۹۷، UGSM۳۱ و SMC۲۲۶CG، SGM۶، SHY۲۹۳۵۷۳، AI بیش از سایر آغازگرها در نواحی کدکننده صفات زراعی قرار داشتند، لذا تغییرات بیشتری از صفات مورد بررسی را نشان دادند. همچنین نتایج نشان داد برخی از نشانگرها با بیش از یک صفت ارتباط نشان دادند، این گونه صفات یا پیوستگی بسیار نزدیکی با همدیگر دارند و یا توسط مکان‌های ژنی پلیوتروپ کنترل می‌شوند. برای تعیین وجود پیوستگی بین نشانگرها و صفات مختلف زراعی به تهیه جمعیت‌های تفرق نیاز می‌باشد تا بر اساس آن بتوان نقشه‌های پیوستگی تهیه و سپس مکان‌های کنترل کننده این صفات بر روی کروموزوم را مشخص کرد (۶). با توجه به این که اکثر مکان‌های مورد بررسی بر روی صفات زراعی مورد مطالعه موثر بودند می‌توان از نشانگرهایی که همبستگی (r2) بالایی با صفات زراعی دارند، برای انتخاب والدین تلاقی‌ها و اصلاح ارقام پررشد استفاده کرد. در نهایت می‌توان گفت که تجزیه مکان‌یابی ارتباطی می‌تواند روشی کارآمد، کم هزینه و سریع برای شناسایی نشانگرهای مرتبط با صفات زراعی باشد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از کلیه مسئولان محترم مرکز تحقیقات و توسعه نیشکر استان خوزستان به پاس کمک‌های بی‌دریغ ارزنده علمی و همکاری در زمینه اجرای طرح، سپاس‌گزاری می‌گردد.

نشانگری (آل ۴) از جفت آغازگر UGSM۳۵۴ بیشترین منفی (۲۰ درصد) برای این صفت نشان دادند. از ۸ نشانگر مرتبط با وزن ۱۰ ساقه، تعداد ۵ و ۳ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگری (آل ۲) از جفت آغازگر مکان ژنی SHY۲۹۳۵۷۳، بیشترین r2 مثبت (۲۱ درصد) و نشانگری (آل ۴) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۳۵۴، بیشترین r2 منفی برای این صفت نشان دادند. در نهایت، از ۶ نشانگر مرتبط با صفت تعداد ساقه در ۵ متر طول، تعداد ۵ و ۱ نشانگر دارای اثر مثبت و منفی بودند، که نشانگری (آل ۱) از جفت آغازگر مکان ژنی SGM۱۰، بیشترین r2 مثبت (۱۳ درصد) و نشانگری (آل ۴) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۶۲، بیشترین r2 منفی (۱۱ درصد) را نشان دادند. فرانکو و همکاران (۱۱) برای بررسی ارتباط میان صفات زراعی و مولکولی از ۲۰ نشانگر ریزماهواره استفاده نمودند. نتایج همبستگی کانونیکال نشان داد این دو گروه صفات زراعی و مولکولی مستقل از هم نیستند که با نتایج این مطالعه مشابه بود. همچنین نتایج همبستگی برای صفت عملکرد نی در هکتار (۹۶ درصد) و برای صفت عملکرد شکر (۹۲ درصد) در سطح احتمال ۱٪ معنی‌داری نشان داد. پینتو و همکاران (۲۴) با استفاده از ۲۱۵ نشانگر ریزماهواره ژنومی (gSSR) و عملکردی (EST-SSR)، ۴۳ نشانگر (۱۸SSR و ۲۵ EST) مرتبط با اجزای عملکرد به دست آوردند. به طوری که ۲۰ نشانگر برای ارتفاع، ۶ نشانگر برای قطر میانگه و ۱۵ نشانگر با تعداد ساقه مرتبط بودند و از تمام نشانگرهای مرتبط با ارتفاع و تعداد ساقه به ترتیب ۶ و ۸ نشانگر بر روی این صفات اثر منفی داشتند.

همچنین از QTL‌های شناسایی شده مرتبط با پارامترهای کیفیتی نیز ۱۸ مارکر با بریکس، ۱۹ مارکر با درصد پل و ۱۲ مارکر مرتبط با درصد فیبر معرفی شدند. وندادا و همکاران (۲۹) در مطالعه ای برای شناسایی ژنوتیپ‌های با ساکارز بالا در مراحل اولیه رشد از نشانگرهای SSR، مرتبط با ژن ساکاروز استفاده نمودند که با نتایج این مطالعه مشابه بود، به عنوان مثال آلل bp500 نشانگر AI فقط در ژنوتیپ‌های با درصد قند بالا مشاهده شد. همین آلل (شماره ۴) نیز در مطالعه حاضر با صفات عملکرد شکر، عملکرد نی و وزن ۱۰ ساقه همبستگی مثبت را نشان داد. همچنین آلل ۹۲۰bp

جدول ۵- هم‌بستگی فنوتیپی صفات زراعی با آلل‌های آغازگرهای مورد مطالعه

Table 5. Phenotypic correlation of agronomic traits with alleles of primers studied

صفت	آغازگر	آلل	R2	صفت	آغازگر	آلل	R2	صفت	آغازگر	آلل	R2	صفت	آغازگر	آلل	R2
درصد بریکس	AFO62734	۲	-۰/۲۰**	قطر میانگره	SHY293497	۷	-۰/۱۷**	وزن ۱۰ ساقه	UGSM31	۲	-۰/۱۶**	وزن شربت	AI	۲	-۰/۱۱**
درصد بریکس	AFO62734	۳	-۰/۱۱**	قطر میانگره	SHY293501	۱	-۰/۳۰**	وزن ۱۰ ساقه	SHY293573	۲	-۰/۲۱**	وزن شربت	AI	۶	-۰/۱۴**
درصد بریکس	AFO62734	۴	-۰/۱۰**	قطر میانگره	SHY293501	۴	-۰/۱۳**	وزن ۱۰ ساقه	AI	۴	-۰/۱۳**	وزن شربت	AFO62704	۵	-۰/۱۸**
درصد بریکس	SGM6	۴	-۰/۱۲**	قطر میانگره	SHY293501	۵	-۰/۱۴**	وزن ۱۰ ساقه	AI	۶	-۰/۱۶**	وزن شربت	AFO62704	۳	-۰/۱۱**
درصد بریکس	SHY293497	۵	-۰/۱۵**	قطر میانگره	SHY293501	۶	-۰/۱۸**	وزن ۱۰ ساقه	AFO62704	۲	-۰/۱۳**	وزن شربت	A	۴	-۰/۱۶**
درصد بریکس	SHY293497	۶	-۰/۱۹**	قطر میانگره	SHY293501	۷	-۰/۲۱**	وزن ۱۰ ساقه	AFO62704	۳	-۰/۱۴**	درصد پُل	AFO62734	۲	-۰/۲۰**
درصد بریکس	SHY293573	۴	-۰/۱۴**	قطر میانگره	SHY293573	۱	-۰/۱۴**	وزن ۱۰ ساقه	AFO62704	۵	-۰/۱۶**	درصد پُل	AFO62734	۴	-۰/۱۱**
درصد بریکس	SMC226CG	۴	-۰/۱۲**	قطر میانگره	SHY293573	۲	-۰/۲۳**	تعداد میانگره	AI	۶	-۰/۱۴**	درصد پُل	SGM6	۴	-۰/۱۰**
درصد بریکس	UGSM2	۱	-۰/۱۲**	قطر میانگره	SHY293573	۶	-۰/۲۳**	تعداد میانگره	SGM6	۱	-۰/۱۳**	درصد پُل	SHY293497	۵	-۰/۱۲**
درصد بریکس	UGSM29	۱	-۰/۱۰**	قطر میانگره	SHY293573	۷	-۰/۱۶**	تعداد میانگره	SHY293497	۵	-۰/۱۱**	درصد پُل	SHY293497	۶	-۰/۱۴**
درصد بریکس	UGSM31	۴	-۰/۱۳**	قطر میانگره	SMC226CG	۱	-۰/۱۸**	تعداد میانگره	SHY293573	۱	-۰/۲۱**	درصد پُل	SHY293573	۴	-۰/۱۲**
درصد بریکس	UGSM354	۱	-۰/۱۴**	قطر میانگره	SMC226CG	۴	-۰/۲۵**	تعداد میانگره	SMC226CG	۴	-۰/۱۱**	درصد پُل	SMC226CG	۴	-۰/۱۱**
درصد بریکس	UGSM38	۳	-۰/۲۴**	قطر میانگره	SMC226CG	۵	-۰/۲۶**	تعداد میانگره	UGSM28	۱	-۰/۱۰**	درصد پُل	UGSM2	۱	-۰/۱۲**
درصد بریکس	UGSM62	۱	-۰/۱۳**	قطر میانگره	UGSM28	۳	-۰/۱۲**	تعداد میانگره	UGSM29	۴	-۰/۱۷**	درصد پُل	UGSM38	۳	-۰/۱۵**
ارتفاع ساقه	AI	۲	-۰/۱۴**	قطر میانگره	UGSM29	۴	-۰/۱۵**	تعداد میانگره	UGSM31	۲	-۰/۱۷**	درصد پُل	UGSM62	۱	-۰/۱۲**
ارتفاع ساقه	SGM10	۴	-۰/۱۰**	قطر میانگره	UGSM354	۱	-۰/۳۴**	تعداد میانگره	UGSM38	۱	-۰/۱۰**	درصد قند	AFO62734	۴	-۰/۱۳**
ارتفاع ساقه	SGM10	۵	-۰/۱۲**	قطر میانگره	UGSM354	۳	-۰/۴۰**	تعداد میانگره	UGSM482	۳	-۰/۱۰**	درصد قند	AFO62734	۲	-۰/۱۸**
ارتفاع ساقه	SHY293573	۱	-۰/۱۰**	قطر میانگره	UGSM38	۱	-۰/۱۴**	تعداد میانگره	UGSM62	۷	-۰/۱۱**	درصد قند	SHY293497	۶	-۰/۱۲**
ارتفاع ساقه	SHY293573	۴	-۰/۱۱**	قطر میانگره	UGSM482	۲	-۰/۲۲**	تعداد میانگره	UGSM96	۱	-۰/۱۲**	درصد قند	UGSM2	۱	-۰/۱۲**
ارتفاع ساقه	UGSM2	۴	-۰/۱۲**	قطر میانگره	UGSM482	۴	-۰/۲۳**	طول میانگره	UGSM62	۴	-۰/۱۲**	درصد قند	UGSM62	۱	-۰/۱۲**
ارتفاع ساقه	UGSM354	۱	-۰/۱۳**	قطر میانگره	UGSM62	۱	-۰/۱۴**	طول میانگره	UGSM62	۶	-۰/۱۶**	عملکرد نی	A	۴	-۰/۱۴**
ارتفاع ساقه	UGSM354	۳	-۰/۱۳**	قطر میانگره	UGSM62	۶	-۰/۱۲**	طول میانگره	UGSM354	۲	-۰/۱۴**	عملکرد نی	AI	۴	-۰/۱۰**
ارتفاع ساقه	UGSM354	۴	-۰/۲۴**	قطر میانگره	UGSM62	۷	-۰/۱۶**	طول میانگره	UGSM354	۴	-۰/۲۰**	عملکرد نی	SHY293497	۷	-۰/۱۰**
ارتفاع ساقه	UGSM482	۳	-۰/۱۰**	قطر میانگره	UGSM688	۱	-۰/۱۵**	طول میانگره	UGSM2	۲	-۰/۱۹**	عملکرد نی	SMC226CG	۵	-۰/۲۱**
ارتفاع ساقه	UGSM62	۴	-۰/۱۲**	قطر میانگره	UGSM96	۱	-۰/۱۸**	طول میانگره	UGSM2	۳	-۰/۱۵**	عملکرد نی	SMC226CG	۶	-۰/۲۶**
ارتفاع ساقه	UGSM688	۱	-۰/۱۴**	قطر میانگره	UGSM96	۴	-۰/۲۲**	طول میانگره	SHY293497	۵	-۰/۱۵**	عملکرد نی	UGSM2	۴	-۰/۱۰**
ارتفاع ساقه	UGSM688	۲	-۰/۱۳**	قطر میانگره	UGSM96	۶	-۰/۳۳**	طول میانگره	SGM10	۱	-۰/۱۵**	عملکرد نی	UGSM31	۲	-۰/۱۳**
قطر میانگره	A	۳	-۰/۱۲**	عملکرد شکر	A	۴	-۰/۱۶**	طول میانگره	AFO62704	۵	-۰/۱۲**	عملکرد نی	UGSM354	۴	-۰/۱۷**
قطر میانگره	A	۴	-۰/۲۲**	عملکرد شکر	AI	۲	-۰/۱۳**	وزن شربت	UGSM482	۲	-۰/۱۲**	عملکرد نی	UGSM482	۲	-۰/۱۰**
قطر میانگره	AFO62734	۵	-۰/۲۴**	عملکرد شکر	AI	۴	-۰/۱۳**	وزن شربت	UGSM31	۲	-۰/۱۲**	تعدادساقه در ۵ متر	SGM10	۱	-۰/۱۳**
قطر میانگره	AI	۲	-۰/۲۶**	عملکرد شکر	SHY293497	۷	-۰/۱۱**	وزن شربت	UGSM354	۴	-۰/۱۷**	تعدادساقه در ۵ متر	SHY293497	۵	-۰/۱۱**
قطر میانگره	AI	۶	-۰/۳۴**	عملکرد شکر	SMC226CG	۵	-۰/۲۲**	وزن شربت	SHY293573	۱	-۰/۱۴**	تعدادساقه در ۵ متر	AFO62704	۶	-۰/۱۰**
قطر میانگره	SGM10	۱	-۰/۱۷**	عملکرد شکر	SMC226CG	۶	-۰/۲۵**	وزن شربت	SHY293573	۲	-۰/۱۶**	تعدادساقه در ۵ متر	UGSM62	۴	-۰/۱۱**
قطر میانگره	SGM10	۵	-۰/۱۶**	عملکرد شکر	UGSM31	۲	-۰/۱۲**	وزن شربت	SHY293497	۷	-۰/۱۵**	تعدادساقه در ۵ متر	UGSM96	۵	-۰/۱۰**
قطر میانگره	SGM6	۵	-۰/۲۰**	عملکرد شکر	UGSM354	۴	-۰/۲۰**	وزن شربت	SGM6	۴	-۰/۱۲**	تعدادساقه در ۵ متر	UGSM96	۶	-۰/۱۰**
قطر میانگره	SHY293497	۵	-۰/۲۸**	وزن ۱۰ ساقه	UGSM354	۴	-۰/۲۵**	وزن شربت	SCM16	۵	-۰/۱۰**	تعدادساقه در ۵ متر	UGSM96	۶	-۰/۱۰**

**؛ سطح احتمال ۱ درصد

منابع

1. Aitken, K.S., P.A. Jackson and C.L. McIntyre. 2006. Quantitative trait loci identified for sugar related traits in a sugarcane (*Saccharum spp.*) cultivar × *Saccharum officinarum* population. *Theor Appl Genet*, 112: 1306-1317.
2. Aitken, K.S., S. Hermann, K. Krno, G.D. Bonnett, L.C. McIntyre and P.A. Jackson. 2008. Genetic control of yield related stalk traits in sugarcane. *Theoretical and Applied Genetics*, 117:1191–1202.
3. Akhter, J., S. Islam, A. Sajib, N. Ashraf, S. Hapue and H. Khan. 2008. Microsatellite markers for determining genetic identities and genetic diversity among jute cultivars. *Australian Journal of Crop Science*, 1: 97-107.
4. Anusornpornpurn, S., R. Lersrutaiyotin, C. Rattanakreetakul, A. Thamchaipenet and P. Weerathaworn. 2008. Identifying QTLs for fiber content and agronomic characters in sugarcane using AFLP markers. *Kasetsart Journal: Natural Science*, 42: 668-675.
5. Barat Shoushtari, M., S. ahmadian and Gh. Asfiyae. 2007. Sugarcane in Iran. Vol 1, Publish 1, Aeezh Press, Tehran, 336 pp.
6. Bassam, B., J.G. Caetano-Anolles. and P.M. Gressho. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Anal. Biochemistry*. 196: 80-83.
7. Cordeiro, G.M., G.O. Taylor and R.J. Henry. 2000. Characterization of microsatellites markers from sugarcane (*Saccharum spp.*), a highly polyploidy species. *Plant of Science*, 155:161-168.
8. Dellaporta, S.L., J. Wood and J.B. Hicks. 1983. A plant DNA mini preparation: version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1: 19-21.
9. D'Hont, A. and J.C. Glaszman. 2001. Sugarcane genome analysis with molecular markers, a first decade of research. *Proceedings International Society of Sugar Cane Technologists*, 24: 556-559.
10. Flavell, A.J., E. Dunbar, R. Anderson, S.R. Pearce, R. Hartley and A. Kumar. 1992. Ty1-copia group retrotransposons are ubiquitous and heterogeneous in higher plants. *Nucleic Acids Research*, 20: 3639-3644.
11. Franco, F.P., E.G. Freitas, C.T.S. Dias, H.P. Hoffmann, M.A.S. Vieira and M.S. Carneiro. 2008. Canonical correlation of agroindustry traits and molecular in sugarcane cultivars. *Resumos do 54º Congresso Brasileiro de Genética*, ISBN, 978-85-89109-06-2.
12. Gebhardt, C., A. Ballvora, B. Walkemeier, P. Oberhagemann and K. Schuler. 2004. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: A case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. *Molecular Breeding*, 13: 93-102.
13. Govindaraj, P., R. Ramesh, C. Appunu, S. Swapna and P.J. Priji. 2012. DNA fingerprinting of subtropical sugarcane (*Saccharum Spp.*) genotypes using sequence tagged microsatellites sites (STMS) markers. *Division of Crop Improvement, Sugarcane Breeding Institute, Coimbatore – India, Plant Archives*, 12: 347-352.
14. Hoarau, J.Y., L. Grivet, B. Offmann, L.M. Raboin, J.P. Diorflat, J. payet, M. Hellmann, A. D'Hont and J.C. Glaszmann. 2002. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum spp.*).II. Detection of QTL for yield components. *Theor Appl Genet*, 105: 1027-1037.
15. Hoarau, J.Y., S. Glauca, A. D'Hont, M. Menossi, L.R. Pinto, A.P. Souza, L. Grivet, C.F.M. Menck, E.C. Ulian and M. Vincentz. 2007. Sugarcane: A tropical crop with a highly complex genome. In: *Morot-Gaudry Jean-François (ed.), Lea P. (ed.), Briat Jean-François (ed.). Functional plant genomics*. 481-499 pp., Enfield: Science Publishers.
16. Jackson, P.A. 2005. Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research in press*, 92: 277-290.
17. Jordan, D.R., R.E. Casu, P. Besse, B.C. Carroll, N. Berding and C.L. McIntyre. 2004. Markers associated with stalk number and suckering in sugarcane with tillering and rhizomatousness QTLs in sorghum. *Genome*, 47: 988-993.
18. Lingle, S.E. and J.M. Dyer. 2004. Polymorphism in the promoter region of the sucrose synthase-2 gene of *Saccharum* genotypes. *Journal American Society Sugar Cane Technologists*, 24: 241-249.
19. Martinez, L., P. Caragnaro, R. Masuekki and J. Rodriguez. 2003. Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*Vitis vinifera L.*) varieties using morphological data and AFLP markers. *Molecular Biology and Genetics*. 6: 241-250.
20. Mateescu, R.G, Z. Zhang, K. Tsai, J. Phavaphutanon, N.I. Burton Wursten, G. Lust, R. Quaas, K. Murphy, G.M. Acland, R.J. Todhunter. 2005. Analysis of allele fidelity, polymorphic information content and density of microsatellites in a genome-wide screening for hip dysplasia in a crossbreed pedigree. *Oxford Journals*, 96: 847-853.
21. Ming, R., S.C. Liu, J.E. Bowers, P.H. Moore, J.E. Irvine and A.H. Paterson. 2002. Construction of a *Saccharum* consensus genetic map from two interspecific crosses. *Crop Science*, 42: 570-583.
22. Moghaddam, B., S.A. Mohammadi and M. Aghaei Sarbarzeh. 2009. Introduction to multivariate statistical methods. Vol 1, Publish 2, Parivar Press, Tabriz. 280 pp.
23. Parker, G.D., P.N. Fox, P. Langridge, K. Chalmers, B. Whan and P.F. Ganter. 2002. Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. *Euphytica*, 124: 293-306.
24. Pinto, L.R., D.C. Leite, T.M. Favero, M.M. Pastina, A.A.F. Garcia, D. Perecin, B.S. Goncalves, S. Creste, M.A. Xavier, M.A.P Bidoia and M.G.A. Landell. 2011. Identification of microsatellite marker associated with yield components and quality parameters in sugarcane. *International Sugar Journal*, 113: 140-144.
25. Reffay N., P.A. Jackson, K.S. Aitken, J.Y. Hoarau, A. D'Hont, P. Besse and C.L. McIntyre. 2005. Characterisation of genome regions incorporated from an important wild relative into Australian sugarcane. *Molecular Breeding*, 15: 367-381.
26. Sanguinetti, C.J., E. Dias Neto and A.J.G. Simpson. 1994. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *Biotechniques*, 17: 915-919.
27. Singh, R.K., S.K. Mishra, S.P. Singh, N. Mishra and M.L. Sharma. 2010. Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids. *Australian Journal of Crop Science*, 4: 115-124.
28. Singh, R.K., S. Srivastava, S.P. Singh, M.L. Sharma, T. Mohopatra, N.K. Singh and S.B. Singh. 2008. Identification of new microsatellite DNA markers for sugar and related traits in sugarcane. *Sugar Tech*, 10: 327-333.
29. Vandana, V., K. Ashok, Dhawan and V.K. Gupta. 2010. PCR Primers for identification of high sucrose *Saccharum* genotypes. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 16: 107-111.

Correlation Analysis of Some Agronomic Traits by using Microsatellite Markers for Select High Sugar Sugarcane Clones in Khuzestan Province

Sara Assareh Zadegan Dezfooli¹, Khalil Alami Saeid², Reza Mamaghani³ and Zahra Khodarahmpour⁴

1- M.Sc. Department of Agricultural Management, Islamic Azad University Khuzestan Science and Research Branch (Corresponding author: sara.assareh@yahoo.com)

2- Assistant Professor, Ramin Agriculture and Natural Resource University

3- Professor, Islamic Azad University Khuzestan Science and Research Branch

4- Associate Professor, Islamic Azad University Shoushtar Branch, Shoushtar, Iran

Received: February 18, 2014 Accepted: October 26, 2014

Abstract

Correlation analysis method makes possible early and rapid identification of genes controlling quantitative traits. In this research, the relationship between 14 agronomic traits and 96 bands obtained from 20 pairs of microsatellite primers on 26 clones and four commercial cultivars has been studied by Canonical correlation. The average number of alleles was 5.15 for each microsatellite location. The polymorphic information content (PIC) of primers was variable between 0.19 and 0.71. Markers of AFO62734, UGSM688 and UGSM2 with the most polymorphic information content of the primers showed the most polymorphic index and could identify the genetic distance of numbers better than the rest of the markers. While markers of UGSM31 and SGM6 with lowest amount of Polymorphic index were not able to isolate genotypes. The results of canonical correlation analysis indicated that there is significant relationship between large number of loci and at least one of the agronomic traits except the percentage of juice and the percentage of juice purity. Therefore, there is probability of using these loci to select the optimal of morphological traits in sugarcane. The most correlation related to sugar yield trait and straw yield were obtained by marker of SMC226CG respectively 25 and 26 percent and for percentage trait of white sugar by marker of AFO62734 (%12). Also some markers showed more than one association trait which indicates that these traits have close conjunction with each other or probably are under the influence of multi-effect genes. In future studies, the band of identified markers which have high correlation (r^2) with agronomic traits can be used to select the parent crosses and improve high sugar varieties.

Keywords: Agronomic traits, Canonical Correlation, Microsatellite, Sugar, Sugarcane