



ارزیابی تنوع ژنتیکی لاین‌های نوترکیب برنج (*Oryza sativa* L.) بر اساس برخی صفات کمی و کیفی

محمدعلی احمدی‌شاد^۱، علی اکبر عبادی^۲، محمد مهدی سوهانی^۳، حبیب‌الله سمیع زاده لاهیجی^۳ و مریم حسینی چالستری^۲

۱- دانشجوی دکتری گروه بیوتکنولوژی گیاهی، پردیس دانشگاهی دانشگاه گیلان

۲- استادیار مؤسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران
(نویسنده مسوول: ebady_al@yahoo.com)

۳- دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان
تاریخ دریافت: ۹۵/۱۱/۲۷ تاریخ پذیرش: ۹۶/۵/۲۳

چکیده

با توجه به اهمیت غذایی برنج و جایگاه استراتژیک آن در امنیت غذایی جهان، لازم است برای دستیابی به عملکرد بالا، کیفیت مطلوب و سایر صفات مهم اقتصادی و زراعی، ابتدا مطالعات جامعی از تنوع ژرم پلاسما این گیاه صورت گیرد. به همین منظور، تعداد ۱۴۴ لاین نوترکیب از جمعیت F_۶ برنج حاصل از تلاقی رقم محلی طارم دیلمانی به‌عنوان والد مادری با رقم اصلاح شده صالح به‌عنوان والد پدری به‌همراه چهار رقم شاهد (طارمی دیلمانی، هاشمی، صالح و علی کاظمی) در قالب طرح آگمنت در چهار بلوک به‌لحاظ ۱۱ صفت مهم کمی و کیفی مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین لاین‌ها از نظر کلیه صفات به‌جز صفات مرتبط با کیفیت دانه (محتوی آمیلوز و درجه حرارت ژلاتینی شدن)، اختلاف معنی‌داری وجود ندارد که طبق انتظار دلالت بر یکنواختی میان لاین‌ها بر اساس صفات مورد بررسی و پاسخ آن‌ها به گزینش می‌نماید. تجزیه به‌عامل‌ها سه عامل را معرفی نمود که ۸۷ درصد از تنوع کل را توجیه نمودند و با توجه به بار عامل‌ها به‌ترتیب مرتبط با تعداد دانه، تیپ و ساختار گیاه و کیفیت پخت نامگذاری شدند. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش حداقل واریانس وارد و معیار مربع فاصله اقلیدسی، ارقام در سه گروه اصلی قرار گرفتند که این تعداد گروه بر اساس تجزیه تابع تشخیص نیز مورد تأیید قرار گرفت. شناسایی تنوع فنوتیپی موجود، اطلاعات مفیدی در مدیریت کلکسیون‌ها فراهم می‌آورد و منابع ژنتیکی با ارزشی را در اختیار اصلاح‌گران قرار می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: برنج، تنوع ژنتیکی، صفات کمی و کیفی، لاین‌های نوترکیب

مقدمه

شباهت واقعی در بین ریخته ارثی ارقام بدست آورد، می‌بایست تنوع ژنتیکی موجود در بین ارقام را از نظر کلیه صفات مهم گیاهی مورد تجزیه قرار داد تا این ارزیابی بتواند به‌عنوان یک ابزار کلیدی در اختیار به‌نژادگر قرار گیرد (۴،۶). بنابراین اطلاع از ماهیت و میزان تنوع موجود در ژرم پلاسما، از اهمیت بسیار زیادی در برنامه‌های مختلف به‌نژادی برخوردار است، زیرا با وجود سطح بالای تنوع، حدود انتخاب نیز وسیع‌تر شده و همچنین والدینی که از لحاظ ژنتیکی متفاوت هستند، هیبریدهایی با هتروزیس بیشتر تولید کرده و احتمال بدست آوردن نتایج تفرق یافته برتر (تفکیک متجاوز) را افزایش می‌دهند. از طرف دیگر تعیین مشخصات و گروه‌بندی ژرم پلاسما به‌نژادگران امکان می‌دهد تا از دوباره‌کاری در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها خودداری نمایند (۵).

کاتو و همکاران (۷) نخستین افرادی بودند که ارقام برنج را بر اساس بعضی از خصوصیات ظاهری‌شان طبقه‌بندی کردند. آن‌ها بیش از ۹۰ واریته بومی و غیر بومی را مورد بررسی قرار دادند و آن‌ها را به دو گروه عمده ایندیکا و ژاپونیکا تقسیم کردند. میردیریکوند و همکاران (۱۱) ۸۲ رقم برنج ایرانی را از طریق صفات ظاهری، کمی، کیفی و تنوع آیزوزایمی طبقه‌بندی نمودند که نتایج حاصله حاکی از وجود تنوع عظیمی در ژرم پلاسما کشور بود. بهپوری و همکاران (۶) با ارزیابی سطح تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ مختلف برنج بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیک، سطح بالایی از تنوع

برنج بعد از گندم مهم‌ترین محصول غذایی ایران بوده و لذا انجام هر برنامه اصلاحی برای افزایش صفات کمی و کیفی در آن ضروری می‌باشد (۶). از اقدامات اساسی که قبل از انجام هر برنامه به‌نژادی باید مورد توجه قرار گیرد، دستیابی به تنوع ژنتیکی موجود است تا به‌نژادگر به نحو مطلوبی به خصوصیات ذخایر ژنتیکی آگاهی کامل حاصل نماید (۱۶،۶). از طرفی یکی از پیامدهای اجتناب ناپذیر کشاورزی مدرن که مبتنی بر استفاده از واریته‌های اصلاح شده با حداکثر عملکرد و کیفیت قابل قبول است، کاهش تنوع ذخایر ژنتیکی بوده است. اگرچه تخمین میزان کاهش تنوع ژنتیکی مشکل و یا غیرممکن است، ولی در اینکه تعداد بسیاری از ژن‌های مفید از دست رفته‌اند (فرسایش ژنتیکی) و ذخایر ژنتیکی با سرعت فزاینده‌ای کاهش یافته‌اند، تردیدی وجود ندارد. طوریکه با معرفی ارقام پرمحصول با زمینه ژنتیکی یکسان و مشابه توسط به‌نژادگران و کشت این ارقام در مزارع کشاورزان به تدریج منجر به حذف ارقام محلی با دارا بودن تنوع ژنتیکی بالا خواهد شد (۱۰). به‌عبارت دیگر شرایط لازم برای بروز آسیب‌پذیری ژنتیکی در گیاه برنج به مرور زمان آماده می‌گردد. بنابراین جمع‌آوری، نگهداری، مدیریت و ارزیابی تنوع ژنتیکی در ارقام مختلف برنج، امری بسیار ضروری و با ارزش بوده و می‌تواند به‌عنوان اجزای اصلی پروژه‌های به‌نژادی تلقی گردند (۱۲،۱۳). در به‌نژادی تنوع و انتخاب دو رکن اساسی بوده و برای اینکه بتوان انعکاس صحیحی از

لاین نوترکیب از جمعیت F₆ برنج حاصل از تلاقی رقم محلی طارم دیلمانی به عنوان والد مادری با رقم اصلاح شده صالح به عنوان والد پدری (جدول ۱) به همراه چهار رقم شاهد (طارمی دیلمانی، هاشمی، صالح و علی کاظمی) مورد ارزیابی قرار گرفت. این آزمایش در دو سال زراعی ۱۳۹۴ و ۱۳۹۵ در مزرعه تحقیقاتی موسسه تحقیقات برنج کشور در رشت، به ترتیب با طول و عرض جغرافیایی ۴۹ درجه و ۳۶ دقیقه شرقی و ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه شمالی با ارتفاع ۷- متر از سطح دریای آزاد و بافت خاک سیلتی رسی با pH حدود ۷ در قالب طرح آگمنت در چهار بلوک اجرا شد. مساحت هر کرت ۶ متر مربع و بوته‌ها به فواصل ۲۵×۲۵ سانتی‌متر و فاصله بین هر کرت ۵۰ سانتی‌متر و هر بوته بصورت تک نشاء کشت گردید. خزانه‌گیری در فروردین و نشاء کاری در اردیبهشت ماه هر سال زراعی و در مرحله ۴-۵ برگی صورت گرفت. کلیه عملیات زراعی از قبیل آبیاری، مبارزه با علف‌های هرز (وجین بصورت دستی)، مبارزه با آفات (کرم ساقه‌خوار و برگ‌خوار) و کودپاشی مطابق روش‌های معمول انجام شد. در کل و بنابر آنچه از منابع مختلف بر می‌آید، در برنج تنوع مطلوب و قابل قبولی از نظر اکثر صفات موجود است. بنابراین و با توجه به مطالب ذکر شده، هدف از اجرای این تحقیق، مطالعه تنوع ژنتیکی بخشی از ژرم پلاسم لاین‌های برنج و گروه‌بندی آن‌ها بر اساس داده‌های مرتبط با صفات کمی و کیفی بوده است، به این امید که علاوه بر شناسایی لاین‌ها و ژنوتیپ‌هایی که فاصله ژنتیکی بیشتری داشته و تعیین تنوع ژنتیکی را در زمان کوتاه‌تر و با سهولت بیشتر انجام داد.

ژنتیکی را گزارش نمودند و اظهار داشتند که می‌توان از متفاوت‌ترین و پرمحصول‌ترین ژنوتیپ‌های برنج در برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده نمود. کیانی و نعمت‌زاده (۸) نیز با استفاده از ۸ صفت زراعی، تنوع موجود در ۳۵ لاین خارجی به همراه ۲ لاین برنج ایرانی را مورد ارزیابی قرار دادند که نتایج آنان نیز بیانگر تنوع بالای ذخایر مورد بررسی بود. اله‌قلی‌پور و همکاران (۲) نیز ۹۴ ژنوتیپ مختلف برنج را بر اساس صفات مورفولوژیک و فیزیوشیمیایی دانه در نه گروه متفاوت طبقه‌بندی نمودند و اعلام کردند که جهت انتخاب هدفمند والدین مناسب، می‌توان از گروه‌های مختلف به‌منظور تولید رقم‌های جدید در برنامه‌های به‌نژادی بهره جست. همچنین در سطح بین‌المللی نیز گزارشات متعددی در زمینه استفاده از صفات مورفولوژیک به‌منظور ارزیابی تنوع ذخایر ژنتیکی برنج وجود دارد (۱۷، ۱۵). در کل و بنابر آنچه از منابع مختلف بر می‌آید، در برنج تنوع مطلوب و قابل قبولی از نظر اکثر صفات موجود است. بنابراین و با توجه به مطالب ذکر شده، هدف از اجرای این تحقیق، مطالعه تنوع ژنتیکی بخشی از ژرم پلاسم لاین‌های برنج و گروه‌بندی آن‌ها بر اساس داده‌های مرتبط با صفات کمی و کیفی بوده است، به این امید که علاوه بر شناسایی لاین‌ها و ژنوتیپ‌هایی که فاصله ژنتیکی بیشتری داشته و تلاقی آن‌ها عموماً از هتروزیس بیشتری نیز برخوردار خواهد بود، بتوان گروه‌بندی و تعیین تنوع ژنتیکی را در زمان کوتاه‌تر و با سهولت بیشتر انجام داد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، به‌منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی لاین‌ها جهت تعیین درجه خویشاوندی ژنتیکی آن‌ها، ۱۳۷

جدول ۱- خصوصیات والدین جمعیت مورد آزمایش

Table 1. Properties of population parents			جدول ۱- خصوصیات والدین جمعیت مورد آزمایش		
صالح	طارمی دیلمانی	خصوصیات	صالح	طارمی دیلمانی	خصوصیات
۳/۳	۱۰/۴	میزان خروج خوشه (سانتی‌متر)	۵/۹	۴	عملکرد (تن در هکتار)
۳۴/۵	۲۵/۸	طول خوشه (سانتی‌متر)	۱۹/۳	۱۳/۹	تعداد پنجه کل (عدد)
۷/۵۴	۷/۱	طول دانه خام (میلی‌متر)	۹۴	۸۲	روزهای تا ۵۰٪ گلدهی
۲/۲	۱/۹	عرض دانه خام (میلی‌متر)	۱۳۹/۲	۱۲۲/۵	تعداد دانه کل در خوشه (عدد)
۲۶/۷۲	۲۰/۴	درصد آمیلوز	۱۱۴	۱۳۵/۹	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
۷	۳/۲	درجه حرارت ژلاتینی شدن	۲/۸	۲/۴	وزن صد دانه (گرم)
۳۰	۶۰	درصد ثبات و قوام ژل	۳۰/۲	۳۵/۶	طول برگ پرچم (سانتی‌متر)
فاقد عطر	قوی	عطر	۱/۳	۱/۱	عرض برگ پرچم (سانتی‌متر)

جهت انجام تجزیه‌های آماری مورد استفاده قرار گرفت به منظور تعیین درجه خویشاوندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌بندی آن‌ها بر اساس صفات ارزیابی شده، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم افزار استفاده گردید.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس بر اساس طرح آگمنت (جدول ۲) نشان داد که بین لاین‌ها از نظر کلیه صفات به جز صفات مرتبط با کیفیت دانه (محتوی آمیلوز و درجه حرارت ژلاتینی شدن)، اختلاف معنی‌داری وجود ندارد که طبق انتظار دلالت بر یکنواختی میان لاین‌ها بر اساس صفات مورد

در طول دوره رشد و در زمان‌های مناسب طبق دستورالعمل ثبت مشخصات (SES)^۱ مؤسسه تحقیقات بین‌المللی برنج (IRRI)^۲ ارزیابی‌های لازم برای صفاتی مانند عملکرد دانه (تن در هکتار)، تعداد پنجه بارور، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول خوشه (سانتی‌متر)، طول و عرض برگ (سانتی‌متر)، تعداد دانه پر و پوک، وزن صد دانه (گرم) و همچنین دو صفت مرتبط با کیفیت پخت شامل محتوی آمیلوز (درصد) و درجه حرارت ژلاتینی شدن (درجه سانتی‌گراد) انجام گردید. کلیه ارزیابی‌ها طی دو سال بر روی ۱۰ بوته در هر کرت که بطور تصادفی انتخاب گردیدند، انجام شد. قبل از ارزیابی، بوته‌های خارج از تیپ حذف، سپس میانگین دو ساله مشاهدات در هر کرت

می‌باشد، ولی می‌توان از این شاخص نیز تا حدود زیادی برای مقایسه و بررسی اولیه سطح تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها استفاده نمود و یک دید کلی از میزان تفاوت موجود در بین آن‌ها پیدا کرد. از طرفی شاخص ضریب تغییرات تحت تأثیر واحد اندازه‌گیری صفات و یا دامنه تغییرات آن‌ها نبوده و بنابراین به‌عنوان یکی از مهم‌ترین و معتبرترین شاخص برآورد اولیه سطح تنوع در جمعیت‌ها مطرح بوده و از این نظر، نسبت به دیگر معیارهای ارزیابی تنوع نظیر دامنه تغییرات از اهمیت بیشتری برخوردار می‌باشد و می‌توان با اعتماد بیشتری گزینش‌های مطلوب را برای صفاتی که ضریب تغییرات بالاتری دارند، انجام داد. در این بررسی بالاترین ضریب تغییرات مربوط به صفت تعداد پنجه (۲۹/۹۹) و کمترین آن به صفت وزن صد دانه (۷/۸۲) مربوط بود (جدول ۳).

در کل نتایج این مطالعه بر اساس ارزیابی فنوتیپی، تجزیه واریانس و محاسبه شاخص‌های پراکندگی نشان داد که ژرمپلاسم برنج مورد مطالعه دارای تنوع پایین و به‌عبارتی درجه خلوص بالایی از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی می‌باشند که می‌تواند حاکی از کارایی روش‌های گزینش جهت انتخاب نسل‌ها باشد. بنابراین با توجه به این توضیحات می‌توان گفت که در این مطالعه بین لاین‌های مورد بررسی بقدر کافی خلوص ژنتیکی از نظر صفات مورد بررسی مشاهده گردید، لذا می‌تواند به‌عنوان منابع با ارزش ژنتیکی و دارای پتانسیل بالقوه برای امکان دسترسی به واریته‌های مناسب برنج در برنامه‌های مختلف اصلاحی به‌عنوان والد مورد استفاده قرار گیرند (۹).

بررسی و پاسخ آن‌ها به گزینش می‌نماید. بنابراین به نظر می‌رسد این لاین‌ها تا حد زیادی خالص شده و می‌توان بعد از تعیین میزان قرابت ژنتیکی آن‌ها بر اساس روش‌های چند متغیره مانند تجزیه خوشه‌ای از لاین‌های با فاصله بیشتر به عنوان والدین هیبریدها بهره جست. همچنین همانطور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود، تفاوت بین ارقام شاهد برای صفات تعداد پنجه، تعداد دانه پوک در خوشه، عملکرد دانه، محتوی آمیلوز و درجه حرارت ژلاتینی شدن در سطح احتمال یک درصد ($p \leq 0.01$)، برای صفت عرض برگ در سطح احتمال پنج درصد ($p \leq 0.05$) معنی‌دار و برای سایر صفات غیر معنی‌دار می‌باشد.

همچنین به‌منظور تجزیه و تحلیل توصیفی خصوصیات مورد ارزیابی و بررسی سطح تنوع فنوتیپی موجود در مواد گیاهی مطالعه شده، میانگین شاخص‌های حداقل، حداکثر، دامنه تغییرات، میانگین، اشتباه معیار و ضریب تغییرات طی دو سال زراعی محاسبه گردید. نتایج حاصل از محاسبه شاخص‌های فوق که در جدول ۳ ارائه شده است، یک دید اجمالی از محدوده صفات را فراهم نموده و تفاوت و تنوع موجود بین لاین‌ها را بر اساس این صفات نشان می‌دهد. برای بررسی اولیه و داشتن یک دید کلی از سطح تنوع و یا به عبارتی درجه خلوص موجود در بین ژنوتیپ‌ها می‌توان از دامنه و محدوده تغییرات استفاده کرد که در این بررسی کمترین ($0/5$) و بیشترین ($74/2$) این شاخص بترتیب مربوط به صفات عرض برگ و ارتفاع بوته می‌باشد (جدول ۳). اگرچه مقدار عددی این شاخص (دامنه تغییرات) تحت تأثیر واحد صفات

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده در لاین‌های مورد ارزیابی

Table 2. Analysis of variance of measured traits in evaluated lines

میانگین مربعات											تیمار	تکرار
تیمار	تکرار	ارتفاع بوته	عرض برگ	تعداد دانه پوک	تعداد دانه پر	تعداد دانه	وزن صد دانه	ضریب تغییرات	میانگین	خطا		
۱۳۶	۱۲۰/۹ ^{ns}	۵/۹۶ ^{ns}	۱/۴۳ ^{ns}	۱۴/۵ ^{ns}	۱۵/۸ ^{ns}	۱۲/۶ ^{ns}	۱۸/۵ ^{ns}	۱۱/۳ ^{ns}	۱۳/۵۹ ^{**}	۴/۳ ^{**}		
۳	۴۰۵/۳ ^{ns}	۱۵/۳۶ ^{ns}	۱۷/۰۱ ^{ns}	۶۱/۹ ^{ns}	۲۲/۶ ^{ns}	۱۱۰/۸ ^{ns}	۶/۳ ^{ns}	۱۱۰/۸ ^{ns}	۱/۰۸ ^{ns}	-۰/۹۳ ^{ns}		
۳	۳۰۱/۳ ^{ns}	۴۳/۱۸ ^{**}	۹/۳۹ ^{ns}	۵۵/۱ ^{ns}	۴۷/۲ [*]	۹۰/۵ ^{ns}	۸۷/۴ ^{**}	۹۰/۵ ^{ns}	۸/۳ ^{**}	۶/۵ ^{**}		
۱۳	۲۰۱/۶	۸/۳۸	۱۴/۵۸	۲۱/۸	۹/۲	۶۷/۶	۹/۶	۶۷/۶	۱/۵۱	-۰/۹۸		
-	۱۲/۹	۱۱/۶	۲۷/۶	۸/۳	۲۰/۲	۲۱/۵	۷/۹	۲۲/۷	۶/۲	۵/۹		

ns و **: بترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- مقادیر برخی آماره‌های توصیفی برای خصوصیات مورد ارزیابی

Table 3. Values of some descriptive statistics for evaluated characteristics

صفات	حداقل	حداکثر	دامنه تغییرات	میانگین \pm اشتباه معیار	ضریب تغییرات
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۷۹/۸	۱۵۴/۰	۷۴/۲	۱۰۹/۵ \pm ۰/۷	۱۱/۲۳
تعداد پنجه	۱۰/۲	۴۶/۲	۳۶/۰	۲۰/۷ \pm ۰/۳۶	۲۹/۹۹
طول خوشه (سانتی‌متر)	۲۲/۲	۳۹/۰	۱۶/۸	۲۹/۲ \pm ۰/۲۱	۱۲/۷
طول برگ (سانتی‌متر)	۲۲/۸	۴۶/۸	۲۴/۱	۳۳/۱ \pm ۰/۲۹	۱۵/۶
عرض برگ (سانتی‌متر)	۱/۱	۱/۶	-۰/۵	۱/۳ \pm ۰/۰۱	۱۰/۸
تعداد دانه پر	۵۶/۳	۹۹/۲	۴۲/۹	۷۸/۶ \pm ۰/۴۴	۹/۷۱
تعداد دانه پوک	۹/۰	۴۴/۸	۳۵/۸	۲۰/۲ \pm ۰/۳۴	۱۹/۸
وزن صد دانه (گرم)	۲/۱	۳/۱	۱/۰	۲/۶ \pm ۰/۰۱	۷/۸۲
عملکرد دانه (تن در هکتار)	۳/۱	۷/۶	۴/۵	۴/۸ \pm ۰/۰۴	۱۶/۵۱
محتوی آمیلوز (درصد)	۱۷/۰	۲۷/۱	۱۰/۱	۲۴/۷ \pm ۰/۱۲	۸/۳
درجه حرارت ژلاتینی شدن (درجه سانتی‌گراد)	۳/۲	۷/۰	۳/۸	۶/۶ \pm ۰/۰۶	۱۵/۴۷

در فضا از طریق تأثیر بر میزان نفوذ نور خورشید به داخل کانوپی، روی فتوسنتز و در نهایت عملکرد گیاه مؤثر می‌باشد (۱۸). در مجموع عامل دوم را می‌توان در ارتباط با تیپ و ساختار گیاه نام‌گذاری نمود.

در عامل سوم صفات محتوی آمیلوز (۰/۲۳۱)، درجه حرارت ژلاتینی شدن (۰/۱۹۸) و وزن صد دانه (۰/۱۱۵) نسبت به سایر صفات مورد ارزیابی دارای بار عامل مثبت‌تری می‌باشد، از این رو این عامل را می‌توان، عاملی در ارتباط با کیفیت پخت نام‌گذاری نمود. میزان آمیلوز به عنوان یکی از اجزای اصلی و تعیین کننده کیفیت پخت در ارقام برنج به شمار می‌آید و دارای ارتباط تنگاتنگی با اکثر خصوصیات چسبندگی نشاسته دانه برنج می‌باشد (۱). به عبارت دیگر هر چه میزان آمیلوز در نشاسته دانه برنج بیشتر باشد، میزان پارامترهای چسبندگی هم بیشتر می‌گردد و دانه‌ها پس از پخت، خشک و سفت می‌شوند، در مقابل در صورت کم بودن میزان آمیلوز، حداکثر چسبندگی و چسبندگی نهایی نیز به حداقل رسیده و دانه‌ها پس از پخت نرم و چسبندگی می‌شوند. اله‌قلی‌پور و همکاران (۲) با استفاده از تجزیه به عامل‌ها به روش حداکثر درست‌نمایی و با استفاده از میانگین برخی صفات مهم کمی و کیفی بر روی ۹۴ رقم مختلف برنج گزارش نمودند که چهار عامل اصلی و مستقل در مجموع ۷۵/۶۴ درصد از تنوع کل را توجیه می‌نمایند که سهم این عامل‌ها به ترتیب ۲۴/۵۳، ۱۹/۰۲، ۱۷/۱۳ و ۱۴/۹۶ درصد بود.

نتایج تجزیه به عامل‌ها برای خصوصیات ارزیابی شده در جدول ۴ آورده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود سه عامل اصلی و مستقل در مجموع ۸۷ درصد از تنوع کل را توجیه نمودند که سهم آن‌ها به ترتیب ۴۹، ۲۸ و ۱۰ درصد است (جدول ۴). میزان بالای اشتراک اکثر صفات نشان می‌دهد تعداد فاکتور مورد انتخاب مناسب و عامل‌های منتخب تا حدود زیادی توانسته‌اند تغییرات صفات را به نحو مطلوبی توجیه نمایند. بالا بودن میزان شاخص KMO (۰/۵۹۸) نیز می‌تواند حاکی از مطلوبیت تجزیه عاملی برای این خصوصیات باشد (۲). همچنین، هر چه میزان واریانس عاملی مستقلی بیشتر باشد، به اعتبار آن عامل در تفسیر تغییرات کل داده‌ها افزوده می‌شود. در عامل اول صفات تعداد دانه پر (۰/۸۱۷)، عرض برگ (۰/۶۹۸) و تعداد دانه پوک (۰/۵۹۷) همگی دارای بار عامل مثبت و بالایی نسبت به سایر صفات بودند. این عامل‌ها را می‌توان در ارتباط با تعداد دانه دانست. در عامل دوم صفات طول برگ (۰/۸۲۶)، ارتفاع بوته (۰/۷۹۱) و طول خوشه (۰/۶۵۸) دارای بار عامل مثبت و تعداد پنجه (۰/۴۱۹) که بیانگر تعداد خوشه در واحد سطح و از اجزای عملکرد می‌باشد، دارای بار عامل منفی معنی‌داری با عملکرد هستند، در حالی که تعداد پنجه با عملکرد دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار است (۱۸،۳). بین طول برگ و زاویه برگ در برنج همبستگی بالایی وجود دارد، یعنی برگ‌های بلند افقی‌تر و برگ‌های کوتاه، عمودی‌ترند و بنابراین آرایش و جهت برگ‌ها

جدول ۴- بار عامل‌های دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر عامل، نسبت تجمعی واریانس توجیه شده و ریشه‌های مشخصه
Table 4. Load of rotated factors, component and cumulative variances for each factors and Eigen values

صفات	اول	دوم	سوم
ارتفاع بوته	-۰/۲۱۴	۰/۷۹۱	-۰/۰۲۷
تعداد پنجه	-۰/۰۶۹	-۰/۲۸۴	-۰/۲۵۳
طول خوشه	۰/۰۷۶	۰/۶۵۸	-۰/۱۵۸
طول برگ	۰/۲۸۳	۰/۸۲۶	۰/۰۶۵
عرض برگ	۰/۶۹۸	۰/۰۶۸	-۰/۲۶۴
تعداد دانه پر	۰/۸۱۷	۰/۱۳۲	-۰/۰۷۲
تعداد دانه پوک	۰/۵۹۷	۰/۱۳۹	-۰/۱۴۹
وزن صد دانه	-۰/۲۳۷	-۰/۱۸۵	۰/۱۱۵
عملکرد دانه	۰/۲۲۴	۰/۱۵۴	-۰/۰۹۲
محتوی آمیلوز	۰/۲۰۱	-۰/۱۹۵	۰/۲۳۱
درجه حرارت ژلاتینی شدن	-۰/۱۴۸	-۰/۱۴۵	۰/۱۹۸
واریانس (%)	۰/۴۹	۰/۲۸	۰/۱۰
واریانس تجمعی (%)	۰/۴۹	۰/۷۷	۰/۸۷
ریشه مشخصه	۹/۴۱۸	۵/۶۵۸	۳/۳۲۹

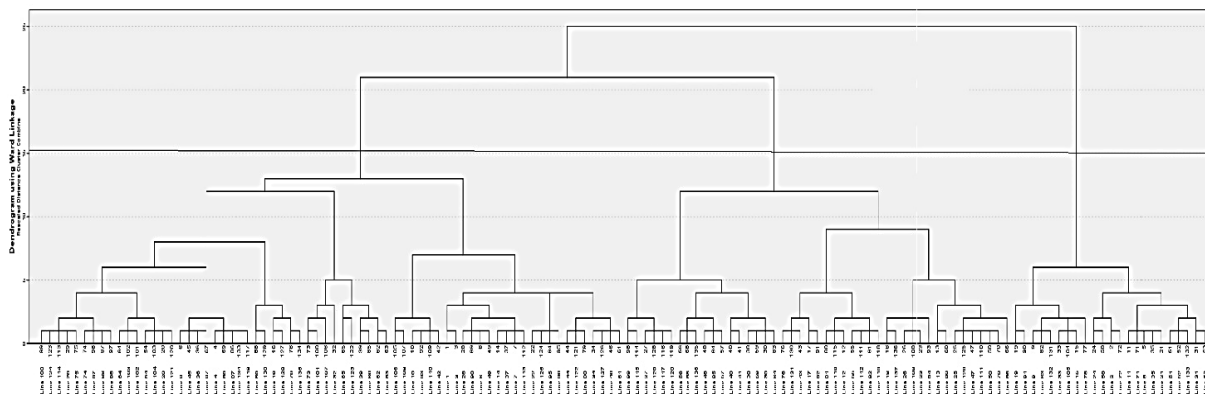
تعداد دانه در خوشه و با تضعیف عامل دوم تعداد پنجه را افزایش داد و به بوته‌ای با تعداد دانه در خوشه بیشتر و تعداد پنجه زیاده‌تر رسید و به تیپ ایده‌آل نزدیک شد. بدیهی است که رسیدن به تیپ ایده‌آل نیاز به آزمایش‌های جامع داشته و نتیجه تجزیه به عامل‌ها در این بررسی تنها ایده‌ای کلی را می‌تواند ارائه نماید.

جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس کلیه صفات مورد ارزیابی، تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش حداقل واریانس وارد (Ward) و معیار مربع فاصله اقلیدسی با داده‌های استاندارد انجام شد (شکل ۱). بر اساس تجزیه تابع تشخیص، ژنوتیپ‌ها

بر اساس مفروضات تجزیه به عامل‌ها، عوامل پنهانی، مستقل از یکدیگرند، به عبارتی تغییر در یک عامل موجب تغییر در عوامل دیگر نخواهد شد. در نتیجه می‌توان صفات مختلفی را که تحت تأثیر عوامل مختلف قرار دارند، بطور همزمان بهبود بخشید و در این صورت می‌توان برای رسیدن به عملکرد بالا و تیپ ایده‌آل به تقویت یا تضعیف یکی از هر سه عامل پنهانی پرداخت و امید داشت که صفات تحت تأثیر هر یک از این عوامل، با تغییر عوامل دیگر دچار تردید نخواهند شد و یا حداقل این تغییرات زیاد نخواهد بود. بر اساس نتایج پژوهش حاضر، با تقویت عامل اول، می‌توان

تلاقی‌های هدفمند انتخاب نمود. از آنجائی که ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از خوشه‌ها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های دیگر هستند، بنابراین می‌توان از لاین‌های با فاصله ژنتیکی بیشتر (لاین‌های مربوط به خوشه‌های اول و سوم) به‌عنوان والدین هیبرید با حداکثر بهره‌برداری از پدیده هتروزیس استفاده نمود.

در سه خوشه اصلی با خصوصیات درون گروهی مشابه و بین گروهی غیر مشابه قرار گرفتند (جدول ۵). گروه اول، دوم و سوم بترتیب شامل ۶۸، ۴۵ و ۲۳ لاین بودند. لازم به توضیح است که در برنامه‌های مختلف به‌نژادی، با توجه به گروه‌بندی انجام شده و برآورد میانگین صفات برای ارقام موجود در هر خوشه (کلاستر)، می‌توان والدین مناسب را برای انجام



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای لاین‌های مورد بررسی بر اساس روش وارد
Figure 1. Cluster analysis of studied lines based on Ward method

زراعی ارقام موجود اقدام نمود. همچنین پیشنهاد می‌شود به منظور استفاده بهینه از زمان و تسریع فرآیندهای اصلاحی، ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی لاین‌های انتخابی به‌عنوان والد مورد بررسی قرار گیرد، تا لاین‌هایی که دارای قابلیت ترکیب بیشتری با یکدیگر هستند، با اطمینان بیشتری در برنامه‌های دورگ‌گیری شرکت داده شوند.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله نگارندگان از دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان و همچنین مؤسسه تحقیقات برنج کشور که امکانات لازم برای انجام این تحقیق و بررسی را فراهم نمودند، تشکر و قدردانی می‌نمایند.

بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش، خلوص ژنتیکی نسبتاً بالایی بین لاین‌های ارزیابی شده از نظر صفات مورد بررسی وجود دارد، که حاکی از ارزشمند بودن این ذخائر و لزوم توجه بیشتر در حفظ، نگهداری، ارزیابی و شناسایی آنهاست. مسلماً استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف همراه با نشانگرهای مورفولوژیک (ریخت‌شناسی) جهت شناسایی چنین تنوعی در ژرم‌پلاسم برنج مطالعه شده بطور مؤثر و کاراتری می‌تواند در مدیریت نگهداری ژرم پلاسم‌ها و همچنین در شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب برای اهداف مختلف اصلاحی مفید باشند. همچنین بر اساس نتایج بدست آمده می‌توان با انتخاب لاین‌های با حداقل قرابت ژنتیکی (فاصله ژنتیکی بیشتر) و انجام تلاقی‌های لازم و هدفمند بین آنها، برای تولید ارقام هیبرید و اصلاح خصوصیات مهم

منابع

1. Abouzari-Gazafrodi, A., R. Honarnegad and M.H. Fotokian. 2009. The investigation of genetic diversity with morphological data in rice varieties (*Oryza sativa* L.). Pajouhesh & Sazandegi, 78: 110-117 (In Persian).
2. Allahgholipour, M., B. Rabiei, A.A. Ebadi, M. Hossieni and M. Yekta. 2010. Starch viscosity properties: New criteria for assessment of cooking quality of rice (*Oryza Sativa* L.) cultivars. Iranian Journal of Crop Sciences, 12(2): 140-151 (In Persian).
3. Allahgholipour, M., E. Farshadfar and B. Rabiei. 2014. Morphological and Physico-Chemical Diversity in Different Rice Cultivars by Factor and Cluster Analysis. Cereal Research, 4(4): 293-307 (In Persian).
4. Allahgholipour, M., S. Salehi and A.A. Ebadi. 2004. An Evaluation of Genetic Diversity, and Classification of Rice Varieties. Iranian Journal agricultural science, 35(4): 973-981 (In Persian).
5. Bagheri, N.A., N.A. Babaeiyan Jelodar and H. Nataj. 2008. Genetic diversity of Iranian rice germplasm based on morphological traits, 6(2): 235-243 (In Persian).
6. Behpouri, A., M. Kheradnam and E. Bijanzadeh. 2006. Evaluation of Genetic Variation in Rice (*Oryza Sativa* L.) Genotypes Using Some Agronomic and Morphological Traits. Journal of Agricultural Sciences, 12(4): 799-809 (In Persian).
7. Kato, A. 1998. The affinity of rice varieties as shown by the fertility of hybrid plants. Science bulletin of the Faculty of Agriculture, Kyushu University 3: 132-147.
8. Kiani, G. and Gh. Nematzadeh. 2012. Genetic diversity of fertility restoring lines in rice based on morphological characteristics. Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi), 97: 122-130 (In Persian).
9. Konate, A.K., A. Zang, H. Kam. A. Sanni and A. Audebert. 2016. Genetic variability and correlation analysis of rice (*Oryza Sativa* L.) inbred lines based on agro morphological traits. African Journal of Agricultural Research, 11(35): 3340- 3346.
10. Lisa, L., A. Elias, S.M. Rahman, M.S. Shahid, S. Iwasaki and T. Hasan. 2011. Physiology and gene expression of the rice landrace under salt stress. Functional Plant Biology, 38: 282-292.
11. Mirderikvand, M., G. H. NeamatZadeh, A. Alamy and B. Gharehyazi. 2004. Evaluation of Genetic Diversity in Iranian Rice Using Isozyme Markers. Iranian Journal of Agricultural Science, 35: 143-153.
12. Rahimi, M., B. Rabiei, H. Samizadeh and A. Kafi Ghasemi. 2010. Combining ability and heterosis in rice (*Oryza Sativa* L.) cultivars. Journal of Agricultural Science and Technology, 12: 223-231.
13. Ram, S.G., V. Thiruvengadam and K.K. Vinod. 2007. Genetic diversity among cultivars, landraces and wild relatives of rice as revealed by microsatellite markers. Journal of Applied Genetics, 48: 337-345.
14. Roy, P.S., A.K. Dash, H.N. Subudhi, R. Nageswara, G. Gundimeda and J.N. Rao. 2014. Molecular and morphological characterization of Indian rice hybrids. Australian Journal of Crop Science, 8(12): 1607-1614.
15. Sinha, A.K. and P.K. Mishra. 2013. Agro-morphological characterization and morphology based genetic diversity analysis of landraces of rice variety (*Oryza Sativa* L.) of bankura district of west Bengal. International Journal of Current Research, 5(10): 2764-2769.
16. Vejdani. p. 1993. The role of plant genetic material in gene banks and raise crops. 1th National Iranian Crop Science Congress, pp: 287-292
17. Wijayawardhana, H.C.D., H.M.V.G. Herath, P.A. Weerasinghe and H.M.D.A.K. Herath. 2015. Morphological Variation in Selected Sri Lankan Rice (*Oryza Sativa* L.) Accessions in Relation to the Vegetative Parameters. Tropical Agricultural Research, 26(2): 380-389.
18. Zaynali Nejad, K., A.F. Mirlohi, G. Nemat Zadeh and A. Rezai. Genetic Diversity in some of Iranian Rice (*Oriza sativa* L.) Germplasm Base on Morphological Traits. JWSS. 2004, 7(4): 199-214 (In Persian).

The Assessment of Genetic Variation of Rice (*Oryza Sativa* L.) Recombinant Lines Based On Some of Quantitative and Qualitative Traits

Mohammad Ali Ahmadi Shad¹, Ali Akbar Ebadi², Mohammad Mehdi Sohani³,
Habibollahe Samizadh Lahiji³ and Maryam Hosseini Chaleshtori²

1- Ph.D. Student, Department of Plant Biotechnology, University campus2, University of Guilan,
2- Assistant Professor, Rice Research Institute of Iran (RRII), Agricultural Research Education and Extension
Organization (AREEO)-Rasht-Iran, (Corresponding author: ebady-al@yahoo.com)
3- Associate Professor Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Guilan,
Received: February 15, 2017 Accepted: August 13, 2017

Abstract

Given the importance of rice for food and its strategic position in the global food security, it is necessary the comprehensive study of the diversity of its germplasm to achieve high performance, quality and other important economic and agronomic traits. For this purpose, 137 rice recombinant lines from F₆ population derived from Tarom Deilamani and Saleh cultivars as maternal and paternal parents, respectively, along with four check cultivars (Tarom Deilamani, Hashemi, Saleh and Ali Kazemi) were evaluated in an augment design un four blocks for 11 important quantitative and qualitative traits. The results of analysis of variance showed a non-significant difference between studied lines for all traits except amylose content and gelatinization temperature traits. The factor analysis presented three factors that explained 87% of total variation and according to the factors loading were named related to grain number, plant type and structure and cooking quality, respectively. Cluster analysis results based on Ward's minimum variance and Square Euclidean distance criteria grouped the cultivars in three main groups that the number of groups was confirmed based on discriminant function analysis. Identification of available phenotypic variation, provide useful information in collection management and allow breeders to approach valuable genetic resources.

Keywords: Genetic variation, Inbred line, Quantitative and qualitative traits, Rice