دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

تجزیه هم‌بستگی برخی صفات زراعی با نشان گرهای ریزماهواره 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 ۱٤ صفت زراعی و ۹٦ باند حاصل از ۲۰ جفت آغازگر ریزماهواره روی ۲٦ کلون و ٤ رقم تجاری از راه هم‌بستگی کانونیکال مطالعه شد. میانگین تعداد آلل‌ها ۵/۱۵ آلل برای هر مکان ریزماهواره بود. میزان محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) آغازگرها بین ۰/۱۹ تا ۰/۷۱ متغیر بود. نشان گرهای AFO٦٢٧٣٤، UGSM٦٨٨ و UGSM٢ 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 حالی‌که نشانگرهای UGSM٣١ و SGM٦ 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 احتمالا 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 SMC٢٢٦CG به‌ترتیب ۲۵ و ۲٦ درصد و برای صفت درصد قند قابل استحصال توسط نشانگر AFO٦٢٧٣٤ (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 احتمالا 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، ریزماهواره، صفات زراعی، هم‌بستگی کانونیکال

مقدمه

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 وارد کننده شکر در جهان می‌باشد. برنامه‌ریزی صحیح در بخش‌های مختلف تحقیقاتی این گیاه موجب می‌شود از خروج سالیانه میلیون‌ها دلار ارز جلوگیری شود (۵). اصلاح درصد قند در نیشکر از دیدگاه تجارتی 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 اصلاح‌نژاد 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 RFLP، RAPD، AFLP، ریزماهواره (SSR) و SNP در اصلاح محصولات زراعی اهمیت زیادی دارند (۳). با این حال نشان گرهای مولکولی و صفات مورفولوژیک تکمیل‌کننده 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 ژرم‌پلاسم، تسهیل مکان‌یابی دقیق QTLها و تأیید ژن‌های کاندیدای مسئول صفات کمّی است (۱۲). توانمندترین این نشانگرها، نشانگرهای ریزماهواره هستند که در DNA هسته‌ای تمام یوکاریوت‌ها یافت شده (۱۰) و به‌دلیل تنوع زیاد، توزیع ژنومی گسترده، وراثت هم‌بارزی، تکرارپذیری، طبیعت چندآللی و مکان خاص کروموزومی برای نقشه‌برداری از ژن‌های مفید و انتخاب به کمک نشانگر مناسب بوده و اهمیت قابل ملاحظه‌ای در اصلاح‌نژاد مولکولی به‌دست آورده‌اند (۲۳). هوآرائو 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، QTLهایی 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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]
[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

از ۱۰۰۰ نشانگر AFLP و SSR یک نقشهٔ ژنتیکی گسترده‌ای به‌دست آوردند که در مجموع ۳۷ عدد QTL برای درصد قند (Pol و Brix) شناسایی شدند. سینگ و همکاران (۲۸) با استفاده از ۷۲۰ مارکر ریزماهواره (SSR)، واریته‌های تولیدکننده‌ی ساکارز بالا و واریته‌های 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 ریزماهواره‌های ایجاد شده جدید با صفات زراعی- اقتصادی مرتبط با قند در ژنوم کلون‌های امیدبخش نیشکر اصلاح شده در استان خوزستان می‌باشد.

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 NCo310 که ارقام شاهد محسوب می شوند، 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 ریزماهواره مرتبط با درصد قند و صفات وابسته به آن در نیشکر که از سوی کاردیرو و همکاران (۷)، لینگل و دایِر (۱۸)، سینگ و همکاران (۲۸،۲۷)، وَندادا و همکاران (۲۹) و گاویندارج (۱۳) معرفی شده بودند برای تکثیر آل‌های مختلف استفاده شد (جدول ۱).

جدول ۱- مشخصات مارکرهای 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* GCATACAAAGGACAATAATAAAAGA	۵۲
AI	F* CAAGTTCTACGCGTCCAAGAC	R* CAGATGTCCGTGACCATTAGT	۵۲
SMC226CG	F* GAGGCTCAGAAGCTGGCAT	R* ACCCTCTATTTCCGAGTTGGT	۵۲
SHY293573	F* CGTCTTGTGGATTGGATTGG	R* TGGATTGCTCAGGTGTTTCA	۵۸
UGSM 2	F* CCCATTCCTCAAATCTTATTC	R* ACGACCGCCCGCCTACTCAC	۵۵
UGSM 28	F* GTCCAGGCATAACATTCATT	R* TTCGCTCGGTCTCTCTATT	۵۵
UGSM 29	F* ACCAGTTCCTCTACGCCC	R* CATCCCATCCCTTGTGTC	۵۵
UGSM 31	F* CTCTCGCTTGCTTGTGTC	R* TAGTGGAAGGGTTCTGTTTG	۵۵
UGSM 38	F* CCGAGTGATGATGTGATGT	R* GGGACAACTAATGTAACTGATT	۵۵
UGSM 62	F* AGAACAATGGACACCTGAAC	R* GAGAGAACCACAACCGAAC	۵۲
UGSM 96	F* TACTTGACCCTTCTTCTTCC	R* GCCGATGGACACCTTGAC	۵۵
SGM 6	F* TACGGCAAGACAAATCAAG	R* TAGTATGTTTCGGTTCAAGCA	۴۵
SGM 10	F* AAGACCTCAACCCAGACAC	R* ATACAAACGAAATGCTACAGG	۴۸
SCM 16	F* GTGCGAGAGGAACTGTGT	R* AGCCCTGCCTAACAAGGA	۵۰
UGSM 482	F* GTGAATCTGCAGGCTGCTGGAAG	R* GCACTAGTCACTACTACACACGC	۵۲
UGSM 688	F* TATCTGATCGGTAGCAAATAGC	R* GTGGTTAAGAAGAGACTAAGTTCG	۵۵
UGSM 354	F* ACTGACACACACGCACAC	R* TGGAAGTGAATGAAGCGA	۵۵
AFO62734	F* CGTGTTCCTCTTCAACAACG	R* GCGACCGGATTATGATGATT	۵۸
SHY 293497	F* GCTAAGTTGCCGGATGAGAA	R* GTGATGGCGTGAACAATGAC	۴۹
SHY 293501	F* GTTCTCGACATGGGCCTACT	R* CTGCACTTTCGGTCCTTTTT	۵۴

استخراج و تکثیر DNA

استخراج DNA از برگ‌های جوان گیاه، به روش دلاپورتا و همکاران (۸) با اندکی تغییر انجام شد. برنامه PCR با استفاده از دستگاه ترموسایکلر بایورَد 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 تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل پلی‌اکریلامید واسرشته‌ساز ۸ درصد تفکیک و به روش نیترات نقره بر اساس دستور کار سانگوینتی و همکاران (۲۶) با اندکی تغییر رنگ‌آمیزی انجام شد.

داده‌های مولکولی بر اساس وجود و فقدان وجود باند به‌ترتیب به‌صورت یک و صفر برای هر جفت آغازگر اختصاصی کدگذاری گردید. میزان اطلاعات چندشکل آغازگر بااستفاده از فرمول زیر محاسبه گردید (۲۰):

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} pi^2 - \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=i+1}^{n} 2pi^2\, pj^2 \qquad [1]$$

که n تعداد آل‌ها و Pi فراوانی آل iام می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

برای شناسایی نواحی ژنومی دخیل در کنترل صفات زراعی اندازه گیری شده در کلون های 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 ریزماهواره 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 نشان‌دهنده‌ی وجود تنوع ژنتیکی متوسط در بین ژنوتیپ‌ها است. کاردیرو و همکاران (۷)، میانگین درصد PIC با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره را ۷۲٪ و سینگ و همکاران (۲۸)، با استفاده از ۱۶۸ نشانگر ریزماهواره میزان آن را میانگین ۰/۵۵ 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 حالی‌که 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.

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 به‌ترتیب 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 SH۲۹۳۵۷۳ و آلل ۲ از آغازگر UGSM۳۸ 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 AFO۶۲۷۳، بیشترین r2 مثبت و منفی (۱۲ و ۱۸ درصد) برای این صفت نشان دادند. از ۱۳ نشانگر مرتبط با ارتفاع ساقه، به‌ترتیب ۶ و ۷ نشانگر دارای هم‌بستگی مثبت و منفی بودند، که نشانگرهایی (آلل ۱ و ۲) از جفت آغازگرهای مکان ژنی UGSM۶۸۸ و AI بیشترینr2 مثبت (۱۴ درصد) و نشانگری (آلل ۴) از جفت آغازگر مکان ژنی UGSM۳۵۴، 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 AFO۶۲۷۳۴، به‌ترتیب 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.

جدول ۲– تجزیه واریانس مرکب با آزمایش مزرعه‌ای بین ژنوتیپ‌ها

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

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات						
		ارتفاع	تعداد میانگره	طول میانگره	قطر میانگره	تعداد ساقه در ۵متر	وزن ۱۰ساقه	وزن شربت
مکان	۲	۳۴۸۸۱۳/۸۷**	۱۵۴۱/۳۷**	۱۴۰۹/۱۸**	۳۳۶/۱۲**	۷۴۳۲۹/۷۳**	۲۲۴/۹۷**	۸۷/۵۶**
سال×بلوک	۴	۷۸۳۵۲/۶۲**	۹۰/۴۷**	۴۶۵/۸۴**	۱۹۷/۵۴**	۶۰۱۶۳/۷۹**	۱۶۴/۳۹**	۲۲/۲۱**
ژنوتیپ	۲۹	۸۷۲۰/۴۶**	۴۴/۸۹**	۵۳/۲۲**	۷۱/۰۸**	۲۸۲۶/۱۵**	۸۴۲/۲۴**	۴/۳۴**
ژنوتیپ×مکان	۵۸	۱۴۲۸/۸۶*	۷/۳۰**	۷/۱۵**	۳/۳۰ns	۸۳۳/۸۴ns	۲/۹۲ns	۰/۶۹ns
بلوک (سال×مکان)	۱۸	۳۲۶۳/۱۶**	۲۸/۲۱**	۱۰/۷۰**	۸/۳۲**	۴۳۶۶/۳۰**	۱۳/۵۸**	۳/۰۵**
سال	۲	۲۷۷۰۳۹/۵۲**	۱۰۰۴/۷۶**	۱۱۴۰/۶۵**	۱۱۹/۲۰**	۶۰۷۱۱/۱۵**	۱۷۵/۳۲**	۶۷/۵۵**
ژنوتیپ×سال	۵۸	۸۴۱/۶۰*	۴/۱۳ns	۳/۹۲ns	۲/۹۴ns	۴۳۸/۷۱ns	۲/۱۲ ns	۰/۴۴ns
ژنوتیپ×سال×مکان	۱۱۶	۸۶۱/۰۶**	۳/۹۸ns	۵/۱۳*	۲/۶۱ns	۷۰۲/۴۸ns	۲/۴۵ns	۰/ ۵۲ns
خطا	۵۰۴	۶۱۶/۶۶	۳/۹۱	۳/۸۲	۲/۵۳	۶۵۲/۳۷	۲/۲۳	۰/۵۱
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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

ادامه جدول ۲

Continued Table 2

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات						
		درصدشربت	درصد خلوص شربت	درصد بریکس	درصد پل	درصد قند	عملکرد نی	عملکرد شکر
مکان	۲	۸۸۶۴/۸۴**	۳۵۸۸/۱۲**	۳۹۱/۰۷**	۷۶۳/۵۰**	۴۶۵/۲۸**	۱۰۰۶۳۷/۲۰**	۲۹۵/۳۴**
سال × بلوک	۴	۱۷۳۲/۴۴**	۳۷۵/۱۴**	۲۵/۹۸**	۳۷/۲۲**	۲۳/۳۲**	۴۸۰۹۶/۸۶**	۷۲۵/۲۸**
ژنوتیپ	۲۹	۹۱/۳۲**	۵۴/۷۳**	۱۷/۴۱**	۲۰/۸۳**	۱۰/۴۳**	۴۰۱۴/۸۱**	۳۴/۹۸**
ژنوتیپ×مکان	۵۸	۳۵/۸۰*	۳۰/۴۱ns	۳/۳۱**	۴/۷۶**	۲/۷۸**	۱۲۲۸/۸۸**	۱۰/۳۴ns
بلوک (سال×مکان)	۱۸	۱۴۳/۸۳**	۷۹/۲۶**	۳/۵۶**	۵/۵۸**	۳/۹۳**	۶۱۴۷/۰۳**	۵۶/۴۵**
سال	۲	۳۹۶۱/۸۶**	۱۷۲۲/۱۶**	۳۴۵/۴۵**	۵۲۵/۲۶**	۲۹۰/۷۶**	۸۰۹۳۱/۶۱**	۲۳۴/۹۸**
ژنوتیپ×سال	۵۸	۲۸/۰۹ns	۱۸/۷۲ns	۱/۶۰ns	۲/۲۳ns	۱/۳۹ns	۴۳۹/۲۶ns	۵/۰۴ns
ژنوتیپ×سال×مکان	۱۱۶	۲۵/۳۱ns	۲۲/۳۲ns	۱/۵۷*	۲/۲۸ns	۱/۴۵ns	۹۰۹/۴۲ns	۹/۸۲ns
خطا	۵۰۴	۲۶/۳۶	۱۷/۷۷	۱/۲۴	۱/۹۳	۱/۲۴	۷۸۹/۲۰	۷/۷۴
ضریب تغییرات (CV)		۱۳/۳۸	۵/۰۴	۶/۰۰	۸/۹۱	۱۱/۹۳	۳۴/۱۲	۳۰/۷۱

* 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

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

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

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

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

* 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

به‌طوری که نشانگری (آلل ۶) از جفت آغازگرهای مکان ژنی SMC۲۲۶CG، بیشترین هم‌بستگی مثبت به ترتیب ۲۵ و ۲۶ درصد برای صفات عملکرد شکر و عمکرد نی را نشان داد. همچنین نشانگری (آلل۴) از مکان ژنی UGSM۳۵۴، بیشترین هم‌بستگی منفی به‌ترتیب ۲۰ و ۱۷ درصد برای صفات عملکرد شکر و عملکرد نی نشان داد. از ۱۲ نشانگر مرتبط با تعداد میانگره، به‌ترتیب 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 میانگره نشان دادند. از ۳۶ نشانگر مرتبط با قطر میانگره، تعداد 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 به‌ترتیب 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 میانگره 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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

نشانگری (آلل ۴) از جفت آغازگر UGSM۳۵۴ بیشترین r2 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 (آلل ۲) از جفت آغازگر مکان ژنی SHY۲۹۳۵۷۳، بیشترین r2 مثبت (۲۱ درصد) و نشانگری (آلل 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 (آلل ۱) از جفت آغازگر مکان ژنی SGM۱۰، بیشترین r2 مثبت (۱۳ درصد) و نشانگری (آلل 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 EST ۲۵) مرتبط با اجزای عملکرد به دست آوردند. به طوری که ۲۰ نشانگر برای ارتفاع، ۶ نشانگر برای قطر میانگره و ۱۵ نشانگر با تعداد ساقه مرتبط بودند و از تمام نشانگرهای مرتبط با ارتفاع و تعداد ساقه به‌ترتیب ۶ و ۸ نشانگر برروی 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 نشانگر SMC۲۲۶CG فقط در ژنوتیپ‌های با درصد قند پایین مشاهده شد که در مطالعه حاضر نیز همین نشانگر (آلل ۱) تنها با صفت قطر میانگره 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 SHY۲۹۳۴۹۷، AFO۶۲۷۰۴، UGSM۳۵۴، UGSM۶۲، AI، SHY۲۹۳۵۷۳، SGM۶، SMC۲۲۶CG و UGSM۳۱ 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 کنترل‌کننده 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 پرقند 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، سپاس گزاری می‌گردد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

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

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

R2	آلل	آغازگر	صفت	R2	آلل	آغازگر	صفت	R2	آلل	آغازگر	صفت	R2	آلل	آغازگر	صفت
-۰/۱۱**	۲	AI	وزن شربت	-۰/۱۶**	۲	UGSM31	وزن ۱۰ ساقه	۰/۱۷**	۷	SHY293497	قطر میانگره	-۰/۲۰**	۲	AFO62734	درصد بریکس
۰/۱۴**	۶	AI	وزن شربت	۰/۲۱**	۲	SHY293573	وزن ۱۰ ساقه	-۰/۳۰**	۱	SHY293501	قطر میانگره	-۰/۱۱**	۳	AFO62734	درصد بریکس
-۰/۱۸**	۵	AFO62704	وزن شربت	۰/۱۳**	۴	AI	وزن ۱۰ ساقه	-۰/۱۳**	۴	SHY293501	قطر میانگره	۰/۱۰**	۴	AFO62734	درصد بریکس
۰/۱۱**	۳	AFO62704	وزن شربت	۰/۱۶**	۶	AI	وزن ۱۰ ساقه	۰/۱۴**	۵	SHY293501	قطر میانگره	۰/۱۲**	۴	SGM6	درصد بریکس
-۰/۱۶**	۴	A	وزن شربت	۰/۱۲**	۲	AFO62704	وزن ۱۰ ساقه	۰/۱۸**	۶	SHY293501	قطر میانگره	-۰/۱۵**	۵	SHY293497	درصد بریکس
-۰/۲۰**	۲	AFO62734	درصد پُل	۰/۱۴**	۳	AFO62704	وزن ۱۰ ساقه	-۰/۲۱**	۷	SHY293501	قطر میانگره	-۰/۱۹**	۶	SHY293497	درصد بریکس
۰/۱۱**	۴	AFO62734	درصد پُل	-۰/۱۶**	۵	AFO62704	وزن ۱۰ ساقه	-۰/۱۴**	۱	SHY293573	قطر میانگره	۰/۱۴**	۴	SHY293573	درصد بریکس
۰/۱۰**	۴	SGM6	درصد پُل	۰/۱۴**	۶	AI	تعداد میانگره	۰/۲۲**	۲	SHY293573	قطر میانگره	۰/۱۲**	۴	SMC226CG	درصد بریکس
-۰/۱۲**	۵	SHY293497	درصد پُل	۰/۱۳**	۱	SGM6	تعداد میانگره	-۰/۲۳**	۶	SHY293573	قطر میانگره	-۰/۱۲**	۱	UGSM2	درصد بریکس
-۰/۱۴**	۶	SHY293497	درصد پُل	-۰/۱۱**	۵	SHY293497	تعداد میانگره	-۰/۱۶**	۷	SHY293573	قطر میانگره	-۰/۱۰**	۱	UGSM29	درصد بریکس
۰/۱۲**	۴	SHY293573	درصد پُل	-۰/۲۱**	۱	SHY293573	تعداد میانگره	-۰/۱۸**	۱	SMC226CG	قطر میانگره	۰/۱۳**	۴	UGSM31	درصد بریکس
۰/۱۱**	۴	SMC226CG	درصد پُل	۰/۱۱**	۴	SMC226CG	تعداد میانگره	۰/۲۵**	۴	SMC226CG	قطر میانگره	-۰/۱۴**	۱	UGSM354	درصد بریکس
-۰/۱۲**	۱	UGSM2	درصد پُل	۰/۱۰**	۱	UGSM28	تعداد میانگره	۰/۲۶**	۵	SMC226CG	قطر میانگره	-۰/۲۴**	۳	UGSM38	درصد بریکس
-۰/۱۵**	۳	UGSM38	درصد پُل	۰/۱۷**	۴	UGSM29	تعداد میانگره	۰/۱۲**	۳	UGSM28	قطر میانگره	-۰/۱۳**	۱	UGSM62	درصد بریکس
-۰/۱۲**	۱	UGSM62	درصد پُل	۰/۱۷**	۲	UGSM31	تعداد میانگره	۰/۱۵**	۴	UGSM29	قطر میانگره	۰/۱۴**	۲	AI	ارتفاع ساقه
۰/۱۲**	۴	AFO62734	درصد قند	۰/۱۰**	۱	UGSM38	تعداد میانگره	-۰/۳۴**	۱	UGSM354	قطر میانگره	۰/۱۰**	۴	SGM10	ارتفاع ساقه
-۰/۱۸**	۲	AFO62734	درصد قند	۰/۱۰**	۳	UGSM482	تعداد میانگره	۰/۴۰**	۳	UGSM354	قطر میانگره	-۰/۱۲**	۵	SGM10	ارتفاع ساقه
-۰/۱۲**	۶	SHY293497	درصد قند	۰/۱۱**	۷	UGSM62	تعداد میانگره	۰/۱۴**	۱	UGSM38	قطر میانگره	-۰/۱۰**	۱	SHY293573	ارتفاع ساقه
-۰/۱۲**	۱	UGSM2	درصد قند	-۰/۱۲**	۱	UGSM96	تعداد میانگره	-۰/۲۲**	۲	UGSM482	قطر میانگره	-۰/۱۱**	۴	SHY293573	ارتفاع ساقه
-۰/۱۲**	۱	UGSM62	درصد قند	۰/۱۲**	۴	UGSM62	طول میانگره	۰/۲۳**	۴	UGSM482	قطر میانگره	-۰/۱۲**	۴	UGSM2	ارتفاع ساقه
-۰/۱۴**	۴	A	عملکرد نی	۰/۱۶**	۶	UGSM62	طول میانگره	-۰/۱۴**	۱	UGSM62	قطر میانگره	۰/۱۳**	۱	UGSM354	ارتفاع ساقه
۰/۱۰**	۴	AI	عملکرد نی	۰/۱۴**	۲	UGSM354	طول میانگره	-۰/۱۲**	۶	UGSM62	قطر میانگره	-۰/۱۳**	۳	UGSM354	ارتفاع ساقه
۰/۱۰**	۷	SHY293497	عملکرد نی	-۰/۲۰**	۴	UGSM354	طول میانگره	۰/۱۶**	۷	UGSM62	قطر میانگره	-۰/۲۴**	۴	UGSM354	ارتفاع ساقه
۰/۲۱**	۵	SMC226CG	عملکرد نی	-۰/۱۹**	۲	UGSM2	طول میانگره	-۰/۱۵**	۱	UGSM688	قطر میانگره	۰/۱۰**	۳	UGSM482	ارتفاع ساقه
۰/۲۶**	۶	SMC226CG	عملکرد نی	-۰/۱۵**	۳	UGSM2	طول میانگره	۰/۱۸**	۱	UGSM96	قطر میانگره	۰/۱۲**	۴	UGSM62	ارتفاع ساقه
-۰/۱۰**	۴	UGSM2	عملکرد نی	۰/۱۵**	۵	SHY293497	طول میانگره	۰/۲۲**	۴	UGSM96	قطر میانگره	۰/۱۴**	۱	UGSM688	ارتفاع ساقه
-۰/۱۳**	۲	UGSM31	عملکرد نی	۰/۱۵**	۱	SGM10	طول میانگره	-۰/۳۳**	۶	UGSM96	قطر میانگره	-۰/۱۳**	۲	UGSM688	ارتفاع ساقه
-۰/۱۷**	۴	UGSM354	عملکرد نی	-۰/۱۲**	۵	AFO62704	طول میانگره	-۰/۱۶**	۴	A	عملکرد شکر	-۰/۱۲**	۳	A	قطر میانگره
-۰/۰۱**	۲	UGSM482	عملکرد نی	-۰/۱۲**	۲	UGSM482	وزن شربت	-۰/۱۳**	۲	AI	عملکرد شکر	-۰/۲۲**	۴	A	قطر میانگره
۰/۱۳**	۱	SGM10	تعدادساقه در ۵ متر	-۰/۱۲**	۲	UGSM31	وزن شربت	۰/۱۳**	۴	AI	عملکرد شکر	-۰/۲۴**	۵	AFO62734	قطر میانگره
۰/۱۱**	۵	SHY293497	تعدادساقه در ۵ متر	-۰/۱۷**	۴	UGSM354	وزن شربت	۰/۱۱**	۷	SHY293497	عملکرد شکر	-۰/۲۶**	۲	AI	قطر میانگره
۰/۱۰**	۶	AFO62704	تعدادساقه در ۵ متر	-۰/۱۴**	۱	SHY293573	وزن شربت	۰/۲۲**	۵	SMC226CG	عملکرد شکر	۰/۳۴**	۶	AI	قطر میانگره
-۰/۱۱**	۴	UGSM62	تعدادساقه در ۵ متر	۰/۱۶**	۲	SHY293573	وزن شربت	۰/۲۵**	۶	SMC226CG	عملکرد شکر	-۰/۱۷**	۱	SGM10	قطر میانگره
۰/۱۰**	۵	UGSM96	تعدادساقه در ۵ متر	۰/۱۵**	۷	SHY293497	وزن شربت	-۰/۱۲**	۲	UGSM31	عملکرد شکر	۰/۱۶**	۵	SGM10	قطر میانگره
۰/۱۰**	۶	UGSM96	تعدادساقه در ۵ متر	-۰/۱۳**	۴	SGM6	وزن شربت	-۰/۲۰**	۴	UGSM354	عملکرد شکر	۰/۲۰**	۵	SGM6	قطر میانگره
				-۰/۱۰**	۵	SCM16	وزن شربت	-۰/۲۵**	۴	UGSM354	وزن ۱۰ ساقه	-۰/۲۸**	۵	SHY293497	قطر میانگره

**: سطح احتمال ۱ درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

منابع

1. Aitken, K.S., P.A. Jackson and C.L. Mclntyre. 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 amongjute cultivars. Australian Journal of Crop Science, 1: 97-107.
4. Anusonpornpurm, 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. Biochemestry. 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 Genetica, 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* ssp.).II. Detection of QTL for yield components. Theor Appl |Genet, 105: 1027-1037.
15. Hoarau, J.Y., S. Glaucia, 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.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]

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

Sara Assareh Zadegan Dezfooli[1], Khalil Alami Saeid[2], Reza Mamaghani[3] and Zahra Khodarahmpour[4]

1- M.Sc. Department of Agricultural Management, Islamic Azad University Khouzestan Science and Research Branch (Corresponding author: sara.assareh@yahoo.com)
2- Assistant Professor, Ramin Agriculture and Natural Resource University
3- Professor, Islamic Azad University Khouzestan 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 bonds 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 UGSM31and 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 (r2) with agronomic traits can be used to select the parent crosses and improve high sugar varieties.

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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-10-22]

[DOI: 10.29252/jcb.8.18.104]