

ارزیابی تنوع و اعتبار سنجی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با تحمل تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج (*Oryza sativa* L.)

Assessment of diversity and validation of microsatellite markers associated with salinity tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes

سیده آمنه روحانی^۱، علی مومنی^۲، علی اکبر عبادی^۳ و بهزاد قره یاضی^۴

چکیده

روحانی، س. آ.، ع. مومنی، ع. عبادی و ب. قره یاضی. ۱۳۹۷. ارزیابی تنوع و اعتبار سنجی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با تحمل تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج (*Oryza sativa* L.). مجله علوم زراعی ایران. ۲۰(۴): ۳۶۰-۳۴۴.

این تحقیق به منظور اعتبارسنجی تعداد ۱۰ نشانگر ریزماهواره پیوسته با ژن‌ها و جایگاه‌های مختلف تحمل شوری از جمله ژن *Saltol* که به فاصله صفر تا هشت سانتی‌مورگان از جایگاه‌های ژنی قرار داشته و ارزیابی تنوع آللی این ژن‌ها در ۵۹ ژنوتیپ برنج طی سال‌های ۹۰-۱۳۸۸ در موسسه تحقیقات برنج کشور انجام شد. در این آزمایش ارزیابی برای تعدادی از صفات مورفولوژیک مهم مرتبط با تحمل تنش شوری شامل نمره تحمل شوری، ارتفاع گیاهچه، وزن خشک ریشه، وزن خشک اندام هوایی و محتوای آب نسبی برگ انجام شد. ژنوتیپ‌های برنج در مرحله گیاهچه‌ای در دو تیمار ۰/۹ دسی‌زیمنس بر متر (بدون تنش) و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر (تنش شوری) مورد ارزیابی قرار گرفتند. غربال مولکولی با استفاده از ۱۰ نشانگر مورد استفاده در ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه، ۶۰ آلل را در ژنوتیپ‌های برنج ایجاد نمود. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون لجستیک نشان داد که از ۱۰ جایگاه ریزماهواره پیوسته، چهار نشانگر توجیه‌کننده تغییرات در واکنش به شوری به ترتیب RM315 برای ارتفاع گیاهچه، RM223 برای وزن خشک ریشه و ارتفاع گیاهچه، RM3627 برای وزن خشک ریشه، ارتفاع گیاهچه و محتوای آب نسبی برگ و RM8094 برای وزن خشک ریشه و محتوای آب نسبی برگ بودند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای براساس داده‌های مولکولی با استفاده از ضریب Yule و روش UPGMA، ژنوتیپ‌های برنج به پنج گروه تقسیم شدند. با توجه به اینکه سه نشانگر پیوسته شناسایی شده (RM8094، RM3627 و RM315) روی کروموزوم یک واقع شده و با ژن *Saltol* نیز پیوسته هستند، می‌توان از آنها در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل و حساس برنج استفاده کرده و ژنوتیپ‌های واجد این جایگاه‌ها را در برنامه‌های اصلاح برای تحمل به شوری مورد استفاده قرار داد.

واژه‌های کلیدی: برنج، تنش شوری، تنوع ژنتیکی، ریزماهواره و نشانگرهای پیوسته.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۱۲/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۰/۱۲ این مقاله مستخرج از پایان‌نامه کارشناسی ارشد نگارنده اول و پروژه تحقیقاتی برنامه چالش جهانی آب و غذا (CPWF, PN:7) موسسه تحقیقات برنج کشور می‌باشد.

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه زنجان.

۲- دانشیار موسسه تحقیقات برنج کشور - معاونت مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی. (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: amoumeni@areeo.ac.ir)

۳- استادیار موسسه تحقیقات برنج کشور - رشت، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی.

۴- استاد پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی.

مقدمه

بیش از سه چهارم از سطح زمین با آب شور پوشیده شده است و نمک بخش زیادی از اراضی جهان را متاثر ساخته است. در حال حاضر حدود ۸۰۰ میلیون هکتار از اراضی دنیا (حدود ۶ درصد از کل اراضی دنیا) تحت تأثیر شوری هستند و از این مقدار حدود ۲۰ درصد از اراضی زراعی (۴۵ میلیون هکتار) که تحت آبیاری هستند، شور می‌باشند (Ali *et al.*, 2014). از مجموع ۱۶۵ میلیون هکتار سطح کشور ایران، حدود ۳۴ میلیون هکتار که ۴/۱ میلیون هکتار آن فاریاب هستند، تحت تأثیر شوری قرار داشته و یا شور هستند (Fathi and Rezaei, 2013).

برنج یکی از محصولات عمده غذایی در دنیا و از جمله ایران است که در ابتدای مراحل رشد (گیاهچه‌ای) و مرحله زایشی بسیار حساس به تنش شوری می‌باشد (Suriya-aruroj *et al.*, 2004). در حال حاضر، تنش شوری دومین چالش بزرگ در خاک‌های مناطق زیر کشت برنج در دنیا به شمار می‌رود (Gregorio *et al.*, 2002). در ایران و در استان‌های برنج‌خیز شمالی مقادیر زیادی از اراضی شالیزاری شور شده و یا در معرض شوری قرار دارند، به‌طوری که مناطق وسیعی از مرکز تا شرق استان مازندران واقع در اراضی ساحلی دارای آب نسبتاً شور تا خیلی شور و یا دارای خاک شور هستند. در استان گیلان نیز در نواحی مختلف از جمله حاشیه تالاب انزلی، اراضی ساحلی و همچنین مناطقی از پیربازار و نواحی اطراف (رشت) دچار شوری خاک و آب هستند و در بخشی از این مناطق زمین‌های زراعی بدون کشت رها شده است (Moumeni *et al.*, 2009). بدین جهت بهبود تحمل شوری در برنج یکی از راهکارهای اساسی بشمار می‌رود که می‌تواند به افزایش تولید این محصول در مناطق تحت تأثیر شوری کمک کرده و باعث شود تا در آینده تولید برنج در مناطق تحت تنش شوری، که در حال حاضر قابلیت کشت را ندارند،

گسترش یابد (Suriya-aruroj *et al.*, 2004). وجود تنوع در ژرم پلاسما برنج و بهره‌گیری از تنوعات مفید و وارد کردن آن به ژنوتیپ‌های حساس رایج، می‌تواند به حفظ و پایداری تولید کمک کند (Moumeni and Shokri-Vahed, 2013). در این راستا آزمایشات متعددی جهت درک میزان تنوع در سطح مولکولی و در رابطه با ژن‌های شناخته شده مسئول تحمل تنش شوری و همچنین اعتبارسنجی آنها در ژرم پلاسما برنج صورت گرفته است. در آزمایشی توسط محمدی‌نژاد و همکاران (Mohammadi-Nejad *et al.*, 2008) در رابطه با برآورد تنوع نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با مکان ژنی کمی (QTL) به نام Saltol در مرحله گیاهچه‌ای در ۳۶ ژنوتیپ برنج و در شرایط تنش شوری (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) مشخص شد که در جمعیت حداقل ۳ آلل برای نشانگر RM10702 تا ۱۴ آلل برای نشانگر RM8094 تولید شده و نقش کروموزوم یک در تحمل تنش شوری نیز به اثبات رسید. قبلاً نیز گزارش شده بود که مکان ژنی کمی (QTL) بزرگ‌اثر Saltol روی کروموزوم شماره یک و در مجاورت نشانگرهای RM23 و RM140 قرار دارد (Gregorio *et al.*, 2002). گزارش شده است که این QTL بیش از ۷۰ درصد از تنوع در جذب نمک را در گیاه برنج کنترل می‌کند (Bonilla *et al.*, 2002). در آزمایش دیگری روی ۵۷ ژنوتیپ برنج در مرحله گیاهچه‌ای و تحت تنش شوری (۱۰ دسی‌زیمنس بر متر) با استفاده از ۲۱ نشانگر پیوسته با Saltol QTL نشان داده شد که هشت نشانگر دارای چندشکلی بودند و میزان محتوای اطلاعات ژنتیکی (PIC) آنها ۰/۵۲ تا ۰/۸۲ بود (Krishnamurthy *et al.*, 2014). واکنش تحمل تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای روی ۳۳ ژنوتیپ برنج بومی در هند با اعمال تیمارهای شوری (۴ تا ۱۴ دسی‌زیمنس بر متر) و ارزیابی طول ریشه، طول اندام هوایی و زیست توده گیاه نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها و

اثرات تیمارهای شوری اختلاف معنی‌داری وجود داشت و سنجش تنوع در سطح مولکولی با استفاده از ۱۱ نشانگر پیوسته SSR مشخص نمود که سه نشانگر RM8094، RM336 و RM8046 از شاخص‌ترین نشانگرها جهت تمایز تحمل شوری در ژنوتیپ‌ها بودند (Ali et al., 2014). آنها همچنین گزارش نمودند که با افزایش میزان شوری، طول ریشه، طول اندام‌های هوایی و زیست توده گیاهی بطور معنی‌داری کاهش یافتند. در آزمایشی روی ۲۹ ژنوتیپ برنج (چهار رقم بومی) و ۲۵ لاین ارسالی از موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج (IRRI)، تحت تنش شوری (هشت دسی‌زیمنس بر متر) در مرحله گیاهچه‌ای و ارزیابی تنوع ژنتیکی در سطح مولکولی با استفاده از ۳۰ نشانگر SSR، نشان داد که مقدار PIC برای نشانگرهای مورد استفاده از ۰/۰۷ تا ۰/۷۱ (متوسط ۰/۴۵) متغیر بود و تعداد آلل برای نشانگرهای مورد استفاده نیز بین حداقل ۲ تا حداکثر ۶ عدد (متوسط ۳/۵۳) بود (Gholizadeh and Navabpour, 2014). با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره واقع روی کروموزوم شماره یک و ناحیه QTL *Saltol* با طول ۵ Mb که مسئول تحمل تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای بودند، مشخص شد که از میان ۲۱ نشانگر، هشت تای آنها در ۹۴ ژنوتیپ برنج مورد ارزیابی چندشکل بوده و نشانگرهای RM10839 و RM3412 به عنوان نشانگرهای شاخص در تشخیص تحمل شوری در مرحله گیاهچه‌ای شناخته شدند (Krishnamurthy et al., 2015). سنجش تحمل تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای براساس شاخص‌های نسبی رشد نظیر طول ریشه، طول اندام هوایی، وزن ریشه و اندام هوایی میان ۱۲ ژنوتیپ برنج در تنش شوری (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) نشان دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها برای این شاخص در شرایط بدون تنش و تنش بود و برای پنج نشانگر SSR ناحیه QTL *Saltol* نیز ۲۳ آلل با میانگین PIC حدود ۰/۶۶ شناسایی شدند. نتایج یک آزمایش نشان

داد که از هشت نشانگر SSR جهت ارزیابی چندشکلی QTL *Saltol* در ۱۴۲ ژنوتیپ برنج در مرحله گیاهچه‌ای در اراضی ساحلی، برای دو نشانگر RM562 و RM8094 به ترتیب ۵ و ۱۳ آلل، با حداکثر PIC حدود ۰/۹۹ شناخته شده و گزارش شد که RM8094 نشانگر مناسبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل از حساس بود (Ganie et al., 2016). در آزمایشی که روی میزان جوانه‌زنی بذر ۵۳ ژنوتیپ برنج در شرایط تنش شوری و اسمزی و با استفاده از ۲۶ نشانگر SSR پیوسته با صفات مرتبط با شوری و خشکی انجام شد، در مجموع ۱۱۸ آلل (هم‌ردیف ژنی) با میانگین ۴/۵۴ به ازای هر جایگاه، تولید شدند (Raiesi and Sabouri, 2016). براین اساس از میان نشانگرهای مورد استفاده، نشانگرهای RM572، RM8094، RM7075، RM3627، RM10839 و RM562 در نزدیکی جایگاه‌ها و QTL‌های مرتبط با تحمل تنش شوری مکان‌یابی شدند. نشانگر ریزماهواره RM315 نیز در دو جمعیت حاصل از تلاقی برگشتی در شرایط شوری بالا (۱۸ دسی‌زیمنس بر متر) روی کروموزوم یک و نشانگر RM111 روی کروموزوم شش گزارش شدند. نقشه پیوستگی کروموزوم هشت در این آزمایش نشان داد که جایگاه نشانگر RM223 متصل با ژن تحمل شوری در فاصله ۷/۲ سانتی مورگان بود. نشانگر RM5699 نیز با استفاده از گیاهان جمعیت F₂ و خانواده‌های F₃ روی کروموزوم دو گزارش شد (Temnykh et al., 2000).

با توجه به اینکه اطلاعات مرتبط با ژن‌های شناسایی شده پیوسته با تنش شوری در رابطه با ژرم‌پلاسم برنج ایرانی چندان زیاد نیست، از این رو اعتبارسنجی و تعیین تنوع آللی جایگاه‌های پیوسته شناسایی شده با صفات مسئول در تحمل شوری می‌تواند در انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب جهت برنامه‌های اصلاحی برنج برای تحمل شوری حائز اهمیت باشد. در این تحقیق نشانگرهای SSR پیوسته با ژن‌ها و QTLs مسئول تحمل شوری انتخاب شدند تا اعتبارسنجی این نشانگرهای

پیوسته در واکنش تعدادی ژرم پلاسما برنج ایرانی در شرایط تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای، تعیین تنوع آللی و دسته‌بندی ژرم پلاسما انجام شده و تعدادی از صفات مهم مرتبط با تحمل شوری در مرحله گیاهچه‌ای ارزیابی شوند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق شامل ۵۹ رقم بومی و اصلاح شده برنج و چند رقم خارجی، از جمله ارقام شاهد استاندارد (پوکالی؛ متحمل به شوری و IR29؛ حساس به شوری) بودند که بذر آنها از موسسه تحقیقات برنج کشور و موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج (IRRI) تهیه شدند. ویژگی‌ها و شجره ژنوتیپ‌های برنج در جدول ۱ ارائه شده است. ارزیابی ژنوتیپ‌های برنج از نظر تحمل تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای به صورت آزمایش فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار طی سال‌های ۹۰-۱۳۸۸ در موسسه تحقیقات برنج کشور-رشت انجام شد. تیمارهای آزمایشی شامل: ۱- بدون تنش (شاهد) (۹/۰ دسی‌زیمنس بر متر) و ۲- تنش شوری (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) بودند که بر اساس آزمایش مقدماتی که حدود ۵۰ درصد رقم شاهد حساس (IR29) از بین رفته بودند، انتخاب و در محیط کشت هیدروپونیک (یوشیدا) روی گیاهچه‌ها اعمال شدند. بذرها بعد از ضد عفونی با قارچ کش کاربوکسین تیرام، در ژرمیناتور در دمای ۲۷ درجه سانتی‌گراد جوانه‌دار شده و سپس دو عدد بذر جوانه‌دار شده به ظروف پلاستیکی با ابعاد ۲۰×۳۰×۴۰ سانتی‌متر حاوی محلول یوشیدا منتقل شدند (Yoshida et al., 1976). در هر یک از ظرف‌ها در سطح محلول یک ورقه یونولیتی با ۱۱ ردیف که در هر ردیف ۱۰ سوراخ یک سانتیمتری تعبیه شده بود، جهت استقرار بذرها جوانه‌دار شده و رشد گیاهچه‌ها (Gregorio et al., 1997)؛ با تغییرات جزئی) قرار داده شد (شکل ۱). گیاهچه‌ها سپس در اتاقک

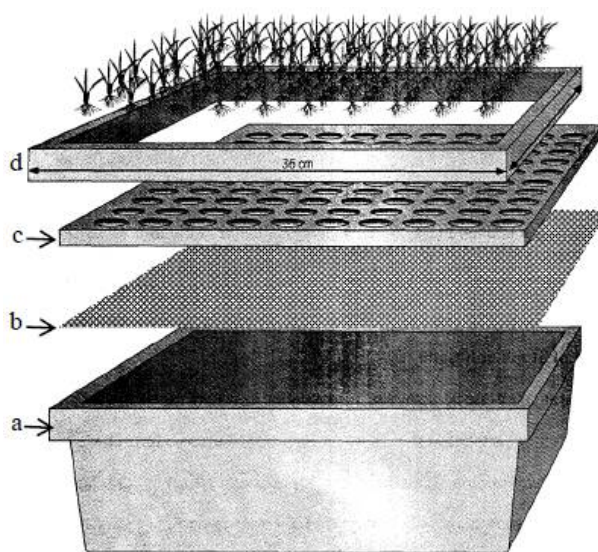
رشد در معرض ۱۴ ساعت روشنایی و ۱۰ ساعت تاریکی با دمای 25 ± 2 درجه سانتی‌گراد (تاریکی) و 30 ± 2 درجه سانتی‌گراد (روشنایی) و رطوبت نسبی ۸۰ درصد، نگهداری شدند. در طی آزمایش محلول داخل ظرف‌ها هفته‌ای یک بار تعویض و همزمان اسیدیته محلول به صورت روزانه با استفاده از هیدروکسید سدیم (NaOH) یک نرمال و یا اسید کلریدریک (HCl) یک نرمال تنظیم می‌شد. پس از گذشت ۱۰ روز از رشد گیاهچه‌ها در محلول یوشیدا و زمانی که گیاهچه‌ها ۳-۴ برگگی شدند، تیمار شوری (هشت دسی‌زیمنس بر متر) به مدت یک هفته اعمال و پس از آن، میزان شوری به ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر رسانده و ثابت نگه داشته شد.

ارزیابی پنج صفت مهم که در اغلب منابع جهت غربال جمعیت‌های بزرگ مورد استفاده قرار می‌گیرند (Chunthaburee et al., 2016; Safitri et al., 2017) شامل شاخص تحمل شوری، ارتفاع گیاهچه، وزن خشک ریشه، وزن خشک اندام هوایی و محتوای آب نسبی برگ (RWC) از سومین روز بعد از اعمال شوری نهایی (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) آغاز شد. محتوای آب نسبی برگ در روز سوم (دهمین روز از اعمال تیمار شوری)، شاخص تحمل شوری، وزن خشک ریشه و اندام هوایی و ارتفاع گیاهچه در روز هفتم بعد از اعمال شوری (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) (دو هفته بعد از اعمال تیمار شوری اولیه) اندازه‌گیری شدند. شاخص تحمل شوری به صورت $\text{کد} = 1$ بسیار متحمل: رشد طبیعی و بدون علائم برگگی، $\text{کد} = 3$ متحمل: رشد نسبتاً طبیعی، برگ‌ها در نوک سفید شده و تعداد کمی از برگ‌ها سفید و لوله شده‌اند، $\text{کد} = 5$ تحمل متوسط: رشد کند، بسیاری از برگ‌ها لوله شده، تعدادی از برگ‌ها افراشته هستند، $\text{کد} = 7$ حساس: توقف رشد، بسیاری از برگ‌ها خشک و تعدادی از گیاهان مرده‌اند، $\text{کد} = 9$ بسیار حساس: همه گیاهان مرده و خشک شده‌اند، ارزیابی شدند (Gregorio et al., 1997). ارتفاع

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های برنج مورد استفاده در آزمایش

Table 1. Rice genotypes characteristics used in this experiment

ردیف No.	ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	منشأ Origin	ردیف No.	ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	منشأ Origin	ردیف No.	ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	منشأ Origin
1	Ghasr-o-dashti	Local	21	Ahlami-Tarom	Local	41	Hasansarei-Atashgah	Local
2	Gerdeh	Local	22	Dasht	Local	42	Hasan-sarai-P.Gh	Local
3	4	Local	23	Dom-Siah	Local	43	Zireh	Local
4	Gharib	Local	24	Neda	Improved	44	Tarom-Amiri	Local
5	Shahpasand	Local	25	Tarom-Mahali	Local	45	Ali-Kazemi	Local
6	Hassan-saraei	Local	26	Onda	Italy	46	Gil3	Improved
7	Mehr	Improved	27	Anbarbo	Local	47	Champa-Boudar	Local
8	IR28	IRRI	28	Sang-Tarom	Local	48	Dorfak	Improved
9	Amol1	Improved	29	Sang-Jo	Local	49	Gil1	Improved
10	Rashti	Local	30	Gharib-Siah-Reyhani	Local	50	Domsefid	Local
11	Sadri	Local	31	Hasani	Local	51	SHZ2	China
12	Anbarbo-Ilam	Local	32	Jahesh	Improved	52	Line229	Exotic
13	Abji-boji	Local	33	Tabesh	Improved	53	Dom-zard	Local
14	Mir-Tarom	Local	34	Fajr	Improved	54	Sahpasand-Mazandaran	Local
15	Ghashangeh	Local	35	Sahel	Improved	55	Tarom Deylamani	Local
16	Deylamani	Local	36	Bejar	Improved	56	Tarom-Pakotah	Local
17	Mohamadi-Chaparsar	Local	37	Nemat	Improved	57	Shiroudi	Improved
18	Mosa-Tarom	Local	38	Sepidroud	Improved	58	IR29	IRRI
19	Rashti-Sard	Local	39	Khazar	Improved	59	Pokkali	India
20	Amol3	Improved	40	Tarom Mantagheh	Local			



شکل ۱- شمای ظروف پلاستیکی مورد استفاده در آزمایش ارزیابی تحمل تنش شوری ژنوتیپ‌های برنج در مرحله گیاهچه‌ای

a: جعبه پلاستیکی، b: توری پلاستیکی، c: ورقه یونولیتی و d: نگهدارنده یونولیتی (گریگوریو و همکاران، ۱۹۹۷)

Fig. 1. Plastic box features used for screening of rice genotypes under salinity stress at vegetative stage.

a: plastic box, b: nylon net, c: styrofoam plate and d: supporter (Gregorio *et al.*, 1997)

اندازه‌گیری شد.

برای تجزیه و تحلیل مولکولی، ابتدا استخراج DNA از نمونه‌های برگ‌ی ژنوتیپ‌های برنج در شرایط کنترل و بعد از طی دوره تاریکی (جهت استخراج با کیفیت بهتر DNA) به طور جداگانه و با روش CTAB انجام شد (Doyle and Doyle, 1990). سپس کمیت DNA روی ژل آگارز ۰/۷ درصد الکتروفورز ارزیابی شد. غربال مولکولی ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از ۱۰ نشانگر SSR پیوسته با جایگاه‌های ژنی و اجزای تحمل شوری انجام شد (جدول ۲). برای این منظور واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) با استفاده از دستگاه ترموسایکلر و در حجم هر نمونه ۱۰ میکرولیتر انجام شد. مراحل و شرایط آزمایش شامل: ۱- واسرشته سازی اولیه به مدت سه دقیقه و دمای ۹۴ درجه سانتی گراد، ۲- واسرشته سازی به مدت ۳۰ ثانیه و دمای ۹۴ درجه سانتی گراد، ۳- اتصال آغازگر به مدت ۳۰ ثانیه و دمای ۵۰ تا ۶۷ درجه سانتی گراد، ۴- بسط توسط آنزیم *Taq pol* به

گیاهچه‌ها با استفاده از خط کش از محل طوقه تا انتهای بلندترین برگ توسعه یافته اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری محتوای آب نسبی، از جوان‌ترین برگ گیاه که کاملاً گسترش یافته بود حدود دو سانتی متر نمونه برگ‌ی تهیه و پس از توزین با ترازوی حساس (۰/۰۰۱ گرم)، به مدت چهار ساعت در دمای اتاق در داخل آب مقطر قرار داده شدند. پس از جذب آب، وزن آماس نمونه‌ها اندازه‌گیری شده و سپس در دمای ۷۰ درجه سانتی گراد در آون به مدت ۲۴ ساعت خشکانده و سپس توزین شدند. با اندازه‌گیری وزن خشک نمونه‌ها، محتوای آب نسبی با استفاده از رابطه (۱) محاسبه شد (Suriya-arunroj *et al.*, 2004).

$$\text{RWC} = [(Fw - Dw) / (Sw - Dw)] \times 100 \quad (1)$$

Fw: وزن تر برگ بعد از نمونه‌برداری، Dw: وزن خشک برگ بعد از خشکاندن و Sw: وزن اشباع برگ هستند. وزن خشک اندام هوایی و ریشه گیاهچه‌ها پس از خشکاندن نمونه‌ها در دمای ۷۰ درجه سانتی گراد،

جدول ۲- مشخصات نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در آزمایش

Table 2. Microsatellite markers characteristics used in this experiment

ردیف No.	نشانگر Marker	کروموزوم Chr.	دمای اتصال Annealing temp. (°C)	اندازه نواری Band size (bp)	توالی آغازگر (مستقیم و معکوس) Primer sequences (F=Forward, R=Reverse)	منبع Reference
1	RM572	1	55	259	F CGGTTAATGTCATCTGATTGG R TTCGAGATCCAAGACTGACC	Ammar, 2004
2	RM3627	1	50	116	F GGCTACTCGAGCAAGCTCTG R ACCTACCCGTCATCCCTCTC	Poland <i>et al.</i> , 2004
3	RM8094	1	55	209	F AGTTTGTACACATCGTATA R CGCGACCAGTACTACTACTA	Singh <i>et al.</i> , 2007
4	RM10839	1	60	206	F ATGCCATGAATGTAACCGAGACG R AGAGAGCAATCCATGCATCTTCC	Mohammadi-Nejad <i>et al.</i> , 2008
5	RM562	1	55	248	F GATCAGTCGGTCATAAACG R CACCTTCCTCTTCTGCTG	Poland <i>et al.</i> , 2004
6	RM315	1	55	124	F CGGTCAAATCATCACCTGAC R AAGGCTTGCAAGGGAAG	Lang <i>et al.</i> , 2001
7	RM111	6	60	124	F CACAACCTTTGAGCACCGGGTC R ACGCCTGCAGCTTGATCACCGG	Poland <i>et al.</i> , 2004
8	RM223	8	67	184	F GAGTGAGCTTGGGCTGAAAC R GAAGGCAAGTCTTGCACTG	Lang <i>et al.</i> , 2001
9	RM5699	2	55	167	F ATCGTTTCGCATATGTTT R ATCGGTAAAAGATGAGCC	Ammar, 2004
10	RM7075	1	60	375	F GCGTTGCAGCGGAATTTGTAGG R CCCTGCTTCTCTCGTGCAGTCG	Reddy <i>et al.</i> , 2017

$$PIC = 1 - \sum p_i^2 \quad \text{رابطه (۲)}$$

p : فراوانی آلل i ام می‌باشد.

تجزیه خوشه‌ای داده‌های مولکولی با استفاده از نرم‌افزار NTSYSpc ver2.02e و الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه Yule، طبق روش چوی و همکاران (Choi *et al.*, 2010)، انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که اثر تیمار تنش شوری روی صفات وزن خشک اندام هوایی و وزن خشک ریشه معنی‌دار نبود، اما اثر آن بر ارتفاع گیاهچه (با میانگین ۱۰/۳ درصد کاهش) و محتوای آب نسبی (با میانگین ۵/۳ درصد کاهش)، در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود. اثر ژنوتیپ‌های برنج، به‌جز برای وزن خشک ریشه، برای سایر صفات معنی‌دار بود. نتایج نشان داد که از میان ژنوتیپ‌های برنج، اغلب ارقام (بیش از ۴۲ رقم)، از جمله ۱۰ رقم شامل: IR28، موسی طارم، جهش، خزر، چمپا بودار، حسن سرایی، اونداء، مهر و عنبربوی ایلام دارای شاخص تحمل شوری ۷ یا بالاتر بودند و از این‌رو جزء ارقام حساس و خیلی حساس شناخته شدند. رقم IR29 نیز که ژنوتیپ شاهد حساس به شوری بود در این گروه قرار گرفت. سه رقم پوکالی، شیرودی، شاه پسند مازندران دارای شاخص تحمل شوری ۳ و ۴ بودند و از این‌رو جزء ارقام با واکنش متحمل دسته‌بندی شدند. سایر ارقام از قبیل ندا، طارم منطقه، آجی بوجی، سنگ جو، رشتی، حسنی، دم سفید در گروه تحمل متوسط ارزیابی شدند.

نتایج نشان داد که اغلب ارقام ایرانی مورد ارزیابی واکنشی شبیه رقم شاهد حساس IR29 داشتند. دسته‌بندی ارقام در گروه‌های بسیار حساس، حساس، متحمل متوسط و متحمل نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی ارقام مورد ارزیابی در مرحله گیاهچه‌ای در شرایط تنش شوری بود. در یک آزمایش میزان

مدت ۴۵ ثانیه و دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد، ۵- بسط نهایی به مدت پنج دقیقه و دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و ۶- نگهداری در دمای چهار درجه سانتی‌گراد بود که مراحل دوم تا چهارم به صورت Touch down در ۱۰ و ۲۵ چرخه انجام شدند. جهت تفکیک قطعات تکثیر شده، از الکتروفورز عمودی (Bio-Rad, USA) و ژل پلی‌آکرلامید واسرشته‌ساز ۶ درصد در طی یک تا ۱/۵ ساعت و توان ۱۰۰ وات استفاده شد. پس از پایان الکتروفورز، رنگ آمیزی ژل با روش نترات نقره انجام شد.

تجزیه واریانس داده‌های حاصل از ارزیابی صفات گیاهی در شرایط کنترل و تیمار با استفاده از نرم افزار SAS Institute. 2011. The SAS System SAS v9.3 (SAS Institute. 2011. The SAS System SAS v9.3 for Windows. Release 9.3, SAS Inst., Cary, NC. USA) و روش PROC GLM انجام شد. پیش از تجزیه واریانس داده‌ها، آزمون همگنی و توزیع نرمال داده‌ها با استفاده از روش PROC Univariate انجام شد. میانگین‌های صفات با استفاده از روش PROC Means و آزمون حداقل تفاوت معنی‌داری (LSD) در سطح احتمال پنج درصد مورد مقایسه قرار گرفتند. تجزیه همبستگی پیرسون بین صفات مورد مطالعه با استفاده از روش PROC CORR انجام شد. تجزیه رگرسیون لجستیک جهت انجام آزمون پیوستگی (Cosegregation) بین هر کدام از صفات و آلل‌های هر نشانگر به طور جداگانه با استفاده از نرم افزار SPSS Ver15 انجام شد.

جهت تجزیه داده‌های مولکولی، اثرانگشت الگوی نوارهای DNA برای نشانگر ریزماهواره به صورت مشاهده‌ای و براساس وجود (۱) و عدم وجود (صفر) امتیاز داده شدند. سپس با استفاده از نسخه GenAlEx 6.5 آماره‌های هتروزیگوسیتی در هر جایگاه (محتوی اطلاعات چند شکلی؛ PIC) و فراوانی آللی مشاهده شده در هر جایگاه با استفاده از رابطه (۲) محاسبه شد (Peakall and Smouse, 2012).

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات گیاهچه‌ای ۱۰ رقم با تحمل بالا و ۱۰ رقم برنج حساس در تیمارهای بدون تنش و تنش شوری

Table 3. Mean comparison of seedling traits under normal and salinity stress treatments for 10 most tolerant and 10 susceptible rice genotypes

متحمل ترین ژنوتیپ Most tolerant genotype				حساس ترین ژنوتیپ Most susceptible genotype			
ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	محتوای آب نسبی RWC (%)	ارتفاع گیاهچه Seedling height (cm)		ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	محتوای آب نسبی RWC (%)	ارتفاع گیاهچه Seedling height (cm)	
Domsefid	دم سفید	4.56 ^{ns}	-0.38 ^{ns}	Onda	-6.87 ^{ns}	0.90 ^{ns}	
Hasani	حسینی	-1.01 ^{ns}	2.72*	Mosa-tarom	18.17*	3.48*	
Rashti	رشتی	1.94 ^{ns}	1.35 ^{ns}	Jahesh	8.12 ^{ns}	0.99 ^{ns}	
Sang-Jo	سنگ جو	-0.63 ^{ns}	2.42*	Khazar	19.94*	0.69 ^{ns}	
Abji-boji	آبجی بوجی	-7.33 ^{ns}	0.33 ^{ns}	Champa-Bodar	4.59 ^{ns}	0.61 ^{ns}	
Tarom-Mantaghe	طارم منطقه	0.49 ^{ns}	1.91 ^{ns}	Hasan-sarai	-0.57 ^{ns}	0.46 ^{ns}	
Neda	ندا	5.85 ^{ns}	-0.58 ^{ns}	Mehr	9.38 ^{ns}	0.02 ^{ns}	
Shahpasand-Mazandaran	شاهپسند مازندران	-4.79 ^{ns}	3.22*	IR28	6.69 ^{ns}	0.39 ^{ns}	
Shiroudi	شیرودی	-4.02 ^{ns}	0.18 ^{ns}	Anbarbo-Ilam	-5.29 ^{ns}	1.42 ^{ns}	
Pokkali	پوکالی	5.36 ^{ns}	1.05 ^{ns}	Line229	7.18 ^{ns}	0.01	
Mean	میانگین §	70.67	7.82		65.91	7.04	

ns، * و **: به ترتیب نشان دهنده تفاوت غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد، با استفاده از آزمون حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) می‌باشند. ¥: نشان دهنده تفاوت میانگین صفت (تیمار بدون تنش با تنش شوری) و §: میانگین کل صفت در هر گروه از ژنوتیپ‌ها می‌باشند

ns, *and **: Non significant and significant differences at 5% and 1% probability levels, using Least Significant Differences (LSD) test. ¥: Difference of mean of the trait (normal and stress condition), §: Grand mean of trait in each set of genotypes

جدول ۴- ضرایب همبستگی پیرسون بین صفات گیاهچه‌ای ژنوتیپ‌های برنج در تیمارهای بدون تنش و تنش شوری

Table 4. Pearson correlation coefficients between seedling traits of rice genotypes under normal and salinity stress treatments

Seedling traits	صفات گیاهچه‌ای		وزن خشک اندام هوایی Shoot dry weight	وزن خشک ریشه Root dry weight	ارتفاع گیاهچه Seedling height	محتوای آب نسبی Relative water content	نمره تحمل شوری Salinity tolerance score
Shoot dry weight	وزن خشک اندام هوایی	S†	1.000	**0.499	**0.732	**0.512	**0.421
		C	1.000	0.165 ^{ns}	**0.705	**0.422	-
Root dry weight	وزن خشک اندام ریشه	S			**0.577	**0.408	**0.358
		C			0.197 ^{ns}	0.045 ^{ns}	-
Seedling height	ارتفاع گیاهچه	S				**0.660	**0.477
		C				**0.423	-
Relative water content	محتوای آب نسبی	S					**0.535
		C					-
Salinity tolerance score	نمره تحمل به شوری	S					1.000
		C					-

ns، * و **: به ترتیب نشان دهنده تفاوت غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد می‌باشند
- فاقد داده در تیمار بدون تنش، †: تیمارهای آزمایشی؛ S: تنش شوری و C: بدون تنش

ns, *and **: Non significant and significant differences at 5% and 1% probability levels
- no data in control treatment, †: treatments; S: Salinity stress and C: Control

شاخص تحمل شوری برای ارقام شاخص مانند پوکالی و IR29 به ترتیب ۳/۰ و ۵/۴ گزارش شد (Chunthaburee *et al.*, 2016). در آزمایش حاضر همچنین مشخص شد که رقم موسی طارم با دارا بودن بالاترین نمره شاخص تحمل شوری و بیشترین کاهش در صفات، به عنوان حساس ترین ژنوتیپ و رقم شیروودی با کمترین کاهش در ارتفاع گیاهچه، افزایش محتوای آب نسبی و نمره شاخص تحمل پایین، رقمی با واکنش مناسب از نظر تحمل شوری شناخته شدند. در آزمایشی که روی تعداد متنوعی از ارقام برنج از جمله ارقام ایرانی و خارجی در سه تیمار بدون تنش (۱/۲) دسی زیمنس بر متر، لب شور (۴ دسی زیمنس بر متر) و شور (۸ دسی زیمنس بر متر) در مرحله گیاهچه ای اجرا شد گزارش گردید که ارقام سپیدرود، خزر، IR28 و IR29 بسیار حساس به شوری بودند (Sabouri *et al.*, 2008). در همین گزارش ارقام طارم محلی، غریب، شاه پسند مازندران و اهلمی طارم به دلیل دارا بودن زیست توده، طول ریشه و اندام هوایی بیشتر، در گروه ارقام متحمل قرار گرفتند. با توجه به اینکه در آزمایش حاضر از شدت شوری بالاتری استفاده شده است، تحمل متوسط این ارقام را می توان با این عامل مرتبط دانست. در آزمایش دیگری که روی تعدادی از صفات از جمله نمره تحمل شوری در ارقام برنج انجام شد، برای ارقام قصرالدشتی، موسی طارم، خزر، سپیدرود، آمل ۳، نعمت و IR28 واکنش حساسیت گزارش شد (Mirdar-Mansuri *et al.*, 2012).

مقایسه میانگین ها برای صفاتی که در تجزیه واریانس معنی دار شده بودند، در ۱۰ رقم با تحمل بالا و ۱۰ رقم برنج بسیار حساس در تیمار بدون تنش و تنش شوری نشان داد که ارقام سنگ جو، شاه پسند مازندران و حسنی، به ترتیب با ۲/۱۱-، ۱/۵۰- و ۲/۷۳- سانتی متر، کاهش معنی داری در ارتفاع گیاهچه نسبت به تیمار شاهد داشتند (جدول ۳). نتایج نشان داد که کمترین کاهش در ارتفاع گیاهچه مربوط

به رقم شیروودی (۰/۱۸ سانتی متر) بود. برای صفت محتوای آب نسبی برگ، تفاوت معنی داری بین تیمار بدون تنش و تنش شوری مشاهده نشد. در میان ارقام حساس، تفاوت معنی داری برای ارتفاع گیاهچه در رقم موسی طارم (۵/۴۸- سانتی متر) در تیمارهای بدون تنش و تنش شوری مشاهده شد. در بین ژنوتیپ های حساس، دو رقم موسی طارم و خزر تفاوت معنی داری برای محتوای آب نسبی برگ داشتند. سوریا-اروج و همکاران (Suriya-aruroj *et al.*, 2004) با آزمایش روی ۱۶ ژنوتیپ برنج تحت تنش شوری در مرحله گیاهچه ای گزارش دادند که طول اندام هوایی بیشتر، وزن خشک زیاد ریشه و اندام هوایی با تحمل به تنش شوری مرتبط بودند. آنها اعلام کردند که در شرایط تنش گیاهان با محتوای آب نسبی بالاتر متحمل به شوری بودند. سینکلر و لادلو (Sinclair and Ludlow, 1985) نیز پیشنهاد کردند که محتوای آب نسبی در مقایسه با پتانسیل آبی، شاخص بهتری برای بیان وضعیت آب در اندام های گیاهی است، ضمن آنکه روش ارزان، سریع و مناسب تری، در مقایسه با سایر روش های پرهزینه مرتبط به تحمل به شوری، محسوب می شود. لی و همکاران (Lee *et al.*, 2003) نیز در آزمایشی روی ارقام مختلف برنج ژاپونیکا و ایندیکا در شرایط تنش شوری (۱۲ دسی زیمنس بر متر) اختلاف معنی داری در صفات ارتفاع گیاهچه، وزن خشک ریشه و اندام هوایی بین تیمارهای بدون تنش و تنش شوری گزارش نمودند.

به منظور درک روابط بین صفات مورد ارزیابی در دو تیمار اعمال شده، تجزیه همبستگی بین صفات در شرایط تنش و بدون تنش انجام شد. نتایج نشان داد که پس از اعمال تنش شوری همبستگی معنی داری بین کلیه صفات مورد مطالعه وجود داشت، در حالی که این معنی داری در تیمار بدون تنش بین همه صفات برقرار نبود (جدول ۴). در هر دو تیمار بدون تنش و تنش شوری، ارتفاع گیاهچه و وزن خشک اندام هوایی

بالاترین همبستگی مثبت و معنی دار (به ترتیب $r=0.705$ و $r=0.732$) را در سطح احتمال یک درصد داشتند. در عین حال محتوای آب نسبی گیاه همبستگی مثبت و معنی داری با ارتفاع گیاهچه‌ها ($r=0.660$) و وزن خشک ریشه ($r=0.408$) (در سطح احتمال ۵ درصد) نشان داد. بین شاخص تحمل شوری و صفات مورد ارزیابی همبستگی منفی و معنی داری مشاهده شد که این میزان با محتوای آب نسبی گیاه بالاترین مقدار ($r=-0.535$; $p < 0.01$) بود. وجود همبستگی منفی معنی دار بین شاخص تحمل شوری و وزن خشک ریشه و اندام هوایی در آزمایشی روی ۱۲ ژنوتیپ برنج در تنش شوری (۱۰ دسی‌زیمنس بر متر) (Chunthaburee et al., 2016) و همچنین در آزمایشی روی شش ژنوتیپ برنج در تنش شوری (۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) (Rajesh et al., 2015) در مرحله گیاهچه‌ای نیز گزارش شده است. در آزمایش دیگری نشان داده شد که ژنوتیپ‌هایی از برنج که محتوای آب نسبی بالا داشتند، میزان خسارت تنش شوری کمتری را نشان دادند (Suriya-arunroj et al., 2004). بعلاوه گزارش شده است که ژنوتیپ‌های برنج که در معرض تنش شوری قرار داشتند، طول ساقه‌چه، زیست توده گیاه و محتوای آب نسبی در گروه حساس به طور معنی داری کاهش یافتند (Ali et al., 2014b). این کاهش می‌تواند به علت اثرات سمیت نمک و کاهش قابلیت دسترسی به عناصر غذایی، به ویژه در مرحله گیاهچه‌ای باشد (Safitria et al., 2017). افزایش محتوای آب نسبی در ژنوتیپ‌های متحمل برنج می‌تواند باعث افزایش میزان محافظت کننده‌های اسمزی شود که این موضوع وارد شدن خسارت به سلول را در اثر از دست دادن آب، کاهش خواهد داد (Yancey et al., 1982).

غربال ژنتیکی ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از ۱۰ نشانگر SSR پیوسته با ژن‌ها و QTL‌های مسئول تحمل شوری که روی کروموزوم‌هایی با ژن‌های مسئول

تحمل شوری قرار دارند، انجام شد. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل مولکولی نشان داد که کلیه نشانگرهای مورد استفاده در این آزمایش در بین ژنوتیپ‌های برنج مورد ارزیابی چندشکلی داشتند و از ۱۰ جفت نشانگر مورد استفاده، در مجموع ۶۰ آلل (نوار) در بین ۵۹ رقم (با میانگین ۶ آلل) تکثیر شدند. تعداد آلل‌های تکثیر شده بین حداقل دو برای نشانگر RM10839 تا حداکثر ۱۲ برای نشانگر RM3627 متغیر بود. کوچک‌ترین قطعه به دست آمده (۱۱۶ جفت باز) در نشانگر RM315 و بزرگ‌ترین آن (۴۰۰ جفت باز) مربوط به نشانگر RM7075 بود.

محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) محاسبه شده در این آزمایش و در جمعیت ارقام اصلاح شده ۰/۶۰۸ و برای جمعیت ارقام بومی ۰/۵۷۶ بود. بیشترین میزان هتروزیگوسیتی مربوط به نشانگر RM3627 (۰/۸۶۴) و کمترین آن مربوط به نشانگر RM111 (۰/۰۵۳) مشاهده شد که هر دو در جمعیت ارقام بومی مشاهده شدند (جدول ۵). این موضوع نشان می‌دهد که میزان تنوع آللی برای نشانگر RM3627 در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بالاتر بود، در نتیجه آلل‌های کنترل کننده جهت تحمل شوری متنوع بوده و تعداد متعددی از آنها در مسیر کنترلی می‌توانند نقش ایفا کنند.

در عین حال برای نشانگر RM562 چهار آلل و PIC حدود ۰/۴۰۱ گزارش شده است (Gholizadeh and Navabpour, 2015) که با نتایج حاصل از آزمایش حاضر تا حد زیادی نزدیک می‌باشد. البته تفاوت در آلل‌ها و میزان PIC وابسته به جمعیت است که بسته به زمینه ژنتیکی ارقام، می‌تواند متفاوت باشد. گزارش شده است که نشانگرهایی با میزان PIC بیشتر از ۰/۵ دارای اطلاعات مفید و تنوع قابل قبولی هستند و می‌توان از آنها در برنامه‌های اصلاحی بطور اثربخشی استفاده کرد (Krishnamurthy et al., 2015).

جهت دسته بندی ژنوتیپ‌های برنج براساس الگوی نوار تولید شده حاصل از تکثیر ۱۰ نشانگر ریزماهواره

جدول ۵- محتوای اطلاعات چندشکلی در نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در آزمایش

Table 5. Polymorphic information content of SSR markers used in this experiment

نشانگر Marker	جمعیت ژنوتیپ‌های اصلاح شده برنج Improved rice genotypes population		جمعیت ژنوتیپ‌های بومی برنج Local rice genotypes population	
	محتوی اطلاعات چندشکلی Polymorphic Information Content	تعداد نمونه No. genotypes	محتوی اطلاعات چندشکلی Polymorphic Information Content	تعداد نمونه No. genotypes
RM315	0.649	22	0.661	37
RM111	0.224	22	0.053	37
RM223	0.702	22	0.768	37
RM562	0.724	22	0.688	37
RM3627	0.847	22	0.864	37
RM7075	0.690	22	0.369	37
RM10839	0.165	22	0.470	37
RM8094	0.764	22	0.785	37
RM572	0.463	22	0.408	37
RM5699	0.835	22	0.693	37
میانگین Mean	0.608	-	0.576	-

SHZ2، Line229، IR29، شیرودی، پوکالی، اعضای گروه چهارم بودند. این گروه هم مجموعه‌ای متنوع از ارقام حساس و متحمل نظیر پوکالی را در بر داشت. علت تنوع می‌تواند به تنوع در سازوکارهای تحمل شوری در هر یک از ژنوتیپ‌ها مرتبط باشد که در سطح مولکولی نیز چنین وضعیتی را ایجاد نمود و ممکن است صفات دیگری را نیز شامل شوند که در این آزمایش بررسی نشدند. موسی طارم به تنهایی در گروه پنجم قرار گرفت.

تجزیه و تحلیل رگرسیون لجستیک بین صفات و داده‌های مولکولی نشان داد که در مجموع از میان ۱۰ نشانگر مورد استفاده، چهار جایگاه RM223، RM3627 و RM8094 جمعاً با ۱۰ آلل در شرایط تنش شوری رابطه معنی‌داری با حداقل یک صفت داشتند که از میان آنها نشانگر RM8094 با چهار آلل، یک آلل با وزن خشک اندام هوایی ($R^2=0/276$)، یک آلل با ارتفاع گیاهیچه ($R^2=0/320$) و دو آلل با محتوای آب نسبی گیاه ($R^2=0/465$ و $R^2=0/386$)، بیشترین سهم را داشتند (جدول ۶) که در عین حال تعدادی از این آلل‌ها توجیه‌کننده تغییرات در ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بودند. در آزمایش انجام شده توسط لانگ و

پیوسته با اجزای مختلف مسئول تحمل تنش شوری، تجزیه خوشه‌ای انجام شد. نتایج نشان داد که ۵۹ ژنوتیپ مورد ارزیابی در چهار گروه اصلی و پنج گروه فرعی (در گروه‌های اصلی) دسته‌بندی شدند (شکل ۲). در گروه اول ارقام قصرالدشتی، گرده، حسن سرایی آتشگاه، حسن سرایی پیچیده غلاف، شماره ۴، غریب، دم سفید، حسن سرایی، رشتی، صدری، موسی طارم، طارم منطقه، علی کاظمی، چمپا بودار، گیل ۱، میر طارم، شاه‌پسند، آبجی بوجی، طارم دیلمانی، رشتی سرد، سنگ جو، شاه‌پسند مازندران، دیلمانی، طارم پاکوتاه، اهلمی طارم، سنگ طارم، طارم محلی، حسنی، دم سیاه، عنبر بوی ایلام، غریب سیاه ریحانی، قشنگه، طارم امیری، دم زرد، آمل ۱، اوند، IR28، عنبر بو قرار گرفتند. به جز گیل ۱، آمل ۱، اوند، IR28 که ارقام اصلاح شده هستند، سایر اعضای تشکیل دهنده این گروه ارقام بومی بودند. این ژنوتیپ‌ها در گروه با حساسیت بالا تا متوسط با نمره تحمل شوری بالاتر از ۵ قرار گرفتند. محمدی چپر سر به طور جداگانه در گروه دوم قرار گرفت. گروه سوم از ژنوتیپ‌های مهر، زیره، گیل ۳، درفک تشکیل شد. آمل ۳، دشت، ندا، سپیدرود، نعمت، جهش، تابش، فجر، ساحل، بچار،

"ارزیابی تنوع و اعتبار سنجی نشانگرهای..."

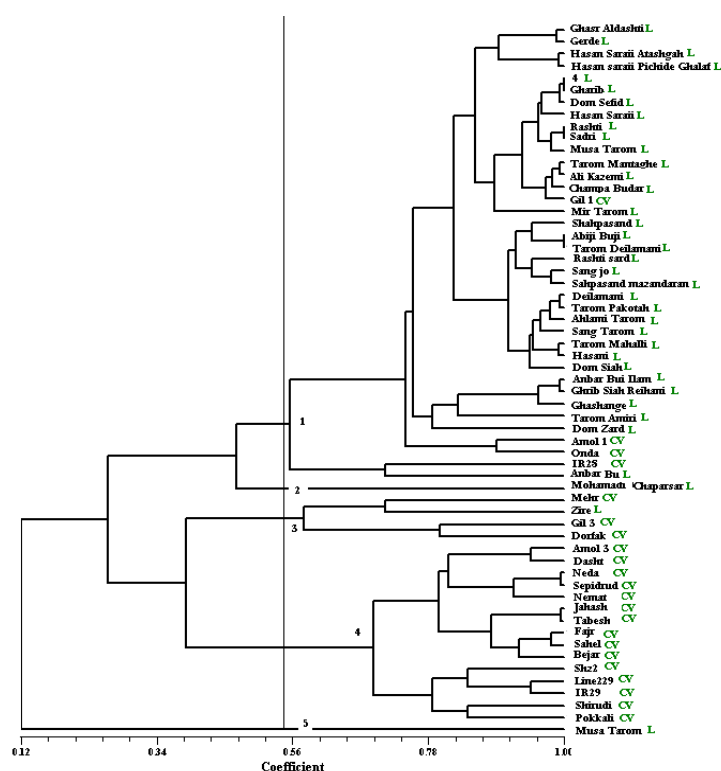
جدول ۶- وضعیت نشانگرها و تعداد آلل‌های دارای پیوستگی با تغییرات صفات در ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش شوری

Table 6. Performance of markers and number of alleles co-segregated with traits in rice genotypes under salinity stress

نشانگر Marker	تعداد آلل تکثیر شده No. of amplified allele	محتوای آب نسبی Relative water content (RWC)	ارتفاع گیاهچه Seedling height	وزن خشک ریشه Root dry weight	وزن خشک اندام هوایی Shoot dry weight
RM315	3	-	1	-	-
RM111	3	-	2	-	-
RM223	5	-	2	-	1
RM562	7	-	1	-	1
RM3627	12	1 [†]	3	-	1
RM7075	6	-	1	-	-
RM10839	2	2	2	-	-
RM8094	10	2	-	1	-
RM572	3	-	-	-	1
RM5699	9	-	1	1	-

†: آلل‌های پیوسته با هر صفت در سطح احتمال یک درصد انتخاب شدند

†: Cosegregated alleles with each trait was selected at $p < 0.001$



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از داده‌های مولکولی حاصل از ۱۰ نشانگر ریزماهواره، L: ژنوتیپ‌های بومی و CV: ارقام اصلاح شده ایرانی و خارجی

Fig. 2. Dendrogram generated through cluster analysis on molecular data from SSR linked markers to salinity tolerance in rice genotypes; L: Local, CV: Iranian improved cultivars

همکاران (Lang et al., 2001) گزارش شد که نشانگر RM223 با ژن تحمل شوری روی کروموزوم ۸ پیوسته بود. در آزمایش دیگری برای دو نشانگر RM562 و RM8094 به ترتیب ۵ و ۱۳ آلل با حداکثر PIC حدود ۰/۹۹ گزارش شد و همچنین مشخص شد که RM8094 نشانگر مناسبی برای تفکیک و تمایز ژنوتیپ‌های متحمل از حساس بود (Ganie et al., 2016).

نتیجه‌گیری

نتایج این تحقیق نشان داد که غربالگری مولکولی با استفاده از ۱۰ نشانگر ریزماهواره در ژنوتیپ‌های برنج مورد ارزیابی در مجموع ۶۰ آلل در ژنوتیپ‌های برنج ایجاد نمود. همچنین از ۱۰ نشانگر (مکان ژنی) ریزماهواره پیوسته، چهار نشانگر توجیه‌کننده تغییرات در واکنش به شوری؛ به ترتیب RM315 برای ارتفاع گیاهچه، RM223 برای وزن خشک ریشه ($R^2=0/160$) و ارتفاع گیاهچه ($R^2=0/431$)، RM3627 وزن خشک ریشه و ارتفاع گیاهچه و محتوای آب نسبی و RM8094 برای وزن خشک ریشه ($R^2=0/525$) و محتوای آب نسبی ($R^2=0/465$) بودند.

تجزیه خوشه‌ای براساس داده‌های مولکولی با استفاده از ضریب Yule و روش گروه‌بندی UPGMA، ژنوتیپ‌های برنج را به پنج دسته تقسیم کرد. با توجه به ارتباط چهار جایگاه شناسایی شده توسط نشانگرهای RM8094، RM3627 و RM315 که روی کروموزوم یک واقع شده و با ژن *Saltol* پیوسته هستند و تغییرات در صفات مورد ارزیابی را به خوبی توجیه کردند، ژنوتیپ‌های متحمل نظیر پوکالی، شاه‌پسند و حسنی بخوبی شناسایی شدند، بنابراین می‌توان از آنها در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل و حساس برنج استفاده کرده و ژنوتیپ‌های واجد این جایگاه‌ها را در برنامه‌های اصلاح برای تحمل به شوری مورد استفاده قرار داد.

سپاسگزاری

این مقاله حاصل از یک پروژه تحقیقاتی خاص است که در قالب بخشی از برنامه چالش جهانی آب و غذا، به شماره ۷ (CPWF, PN:7) در موسسه تحقیقات برنج کشور- رشت و با همکاری موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج (IRRI) اجرا شد.

منابع مورد استفاده

References

- Ali, M. N., L. Yeasmin, S. Gantait, R. Goswami and S. Chakraborty. 2014. Screening of rice landraces for salinity tolerance at seedling stage through morphological and molecular markers. *Physiol. Mol. Biol. Plants*. 20(4): 411–423.
- Ammar, M.H.M. 2004. Molecular mapping of salt tolerance in rice. PhD Thesis, Indian Agriculture Research Institute, New Delhi, India.
- Bonilla, P., J. Dvorak, D. Mackill, K. Deal and G. Gregorio. 2002. RFLP and SSLP mapping of salinity tolerance genes in chromosome 1 of rice (*Oryza sativa* L.) using recombinant inbred lines. *Philippines Agric. Sci.* 85: 68–76.
- Choi, S. S., S. H. Cha and C. C. Tappert. 2010. A survey of binary similarity and distance measures. *Syst. Cybernet. Informat.* 8(1): 3–48.
- Chunthaburee, S., A. Dongsansuk, J. Sanitchon, W. Pattanagul and P. Theerakulpisut. 2016. Physiological and biochemical parameters for evaluation and clustering of rice cultivars differing in salt tolerance at

- seedling stage. Saudi J. Biol. Sci. 23: 467–477.
- Doyle, J. J. and J. L. Doyle. 1990.** Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus. 12: 13-15.
- Fathi, M. and M. Rezaei. 2013.** Soil Salinity in the Central Arid Region of Iran: Isfahan Province. P. 141-153. In Shahid S. *et.al* (Eds.) Developments in Soil Salinity Assessment and Reclamation. Springer, Dordrecht.
- Ganie, S. A., M. J. Borgohain, K. Kritika, A. Talukdar, D. R. Pani and T. K. Mondal. 2016.** Assessment of genetic diversity of *Saltol* QTL among the rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. Physiol. Mol. Biol. Plants, 22(1):107–114.
- Gholizadeh, F. and S. Navabpour. 2014.** Estimation of genetic diversity in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using SSR markers under salinity stress. Iran. J. Plant Physiol. 4(3): 1039-1046.
- Gregorio, G. B., D. Senadhira, R. D. Mendoza, N. L. Manigbas, J. P. Roxas and C. Q. Guerta. 2002.** Progress in breeding for salinity tolerance and associated abiotic stresses in rice. Field Crops Res. 76: 91–101.
- Gregorio, G. B., Senadhira, D. and R. D. Mendoza. 1997.** Screening rice for salinity tolerance. IRRI Discussion Paper Series no. 22, International Rice Research Institute, Manila, Philippines.
- Krishnamurthy, S. L., S. K. Sharma, V. Kumar, S. Tiwari and N. K. Singh. 2015.** Analysis of genomic region spanning *Saltol* using SSR markers in rice genotypes showing differential seedlings stage salt tolerance. J. Plant Biochem. Biotechnol. 25(3): 331-336
- Krishnamurthy, S. L., S. K. Sharma, V. Kumar, S. Tiwari, V. Batra and N. K. Singh. 2014.** Assessment of genetic diversity in rice genotypes for salinity tolerance using *Saltol* markers of chromosome 1. Indian J. Genet. 74(2): 243-247.
- Lang, N. T., Z. Li and B. C. Buu. 2001.** Microsatellite markers linked to salt tolerance in rice. Omonrice. 9: 9-21.
- Lee, K. S., W. Y. Choi and J. C. Ko. 2003.** Salinity tolerance of *japonica* and *indica* rice (*Oryza sativa* L.) at the seedling stage. Planta. 216: 1043-1046.
- Mirdar-Mansuri, S., N. A. Babaeian-Jelodar and N. Bagheri. 2012.** Evaluation of rice genotypes to salt stress in different growth stages via phenotypic and random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker assisted selection. Afr. J. Biotechnol. 11(39):9362-9372.
- Mohammadi-Nejad, G., A. Arzani, A. M. Rezai, R. K. Singh and G. B. Gregorio. 2008.** Assessment of rice genotypes for salt tolerance using microsatellite markers associated with the *saltol* QTL. Afr. J. Biotechnol. 7(6): 730-736.
- Moumeni, A. and H. Shokri-Vahed. 2013.** Genetic analysis of salt tolerance in Iranian selected rice genotypes. Iran. J. Crop Sci. 15(2): 90-106. (In Persian with English abstract).
- Moumeni, A., M. Mohammadian and M. Z. Nouri. 2009.** Field screening of rice genotypes for salinity tolerance in Mazandaran. Electronic J. Crop Prod. 2: 129-144 (In Persian with English abstract).
- Peakall, R. and P. E. Smouse. 2012.** GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. Bioinformatics. 28(19): 2537–2539.

- Poland, D., M. Sawkins, J. M. Ribaut and D. Hoisington. 2004.** Resilient crops for water limited environments. Proceedings of a Workshop Held at Cuernavaca, Mexico, 24-28 May 2004. Mexico. D.F. CIMMYT.
- Raiesi, T. and A. Sabouri. 2016.** Investigation and comparison of aerobic and Iranian rice based on markers linked to traits related to drought and salinity tolerance and their relationship with germination traits under osmotic stress. Iranian J. Field Crops Sci. 47(3): 503-514. (In Persian with English abstract).
- Rajesh, B., D. O. Marjorie, E. James, M. Abdelbagi and M. Satyen. 2015.** Phenotyping rice (*Oryza sativa* L.) genotypes for physiological traits associated with tolerance of salinity at seedling stage. Sci. Agric. 12(3): 156-162.
- Reddy, I. N. B. L., S. M. Kim, B. K. Kim, I. S. Yoon and T. R. Kwon. 2017.** Identification of rice accessions associated with K^+/Na^+ ratio and salt tolerance based on physiological and molecular responses. Rice Sci. 24(6): 360-364.
- Sabouri, H., A. Rezai and A. Moumeni. 2008.** Evaluation of salt tolerance in Iranian landrace and improved rice cultivars. J. Water Soil Sci. 12(45): 47-63. (In Persian with English abstract).
- Safitria, H., B. S. Purwokob, I. S. Dewic and S. W. Ardieb. 2017.** Salinity tolerance of several rice genotypes at seedling stage. Indon. J. Agric. Sci. 18(2): 63-68.
- Sinclair, T. P. and M. M. Ludlow. 1985.** Who taught plants thermodynamics? The unfulfilled potential of plant water potential. Aust. J. Plant Physiol. 33: 213-7.
- Singh, R. K., G. B. Gregorio and R. K. Jain. 2007.** QTL mapping for salinity tolerance in rice. Physiol. Mol. Biol. Plants. 13(2): 87-99.
- Suriya-aruroj, D., N. Supapoj, T. Toojinda and A. Vanavichit. 2004.** Relative leaf water content as an efficient method for evaluating rice cultivars for tolerance to salt stress. Sci. Asia. 30: 411- 415.
- Temnykh, S., V. D. Park, N. Ayres, S. Cartinhour, N. Hauck, L. Lipovichi, Y. G. Cho, T. Ishii and S. R. McCouch. 2000.** Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 100: 697-712.
- Yancey, P. H., M. E. Clark, S. C. Hand, R. D. Bowlus and G. N. Somero. 1982.** Living with water stress: Evolution of osmolyte systems. Science. 217: 1214-1222.
- Yoshida, S., D. A. Forno, J. H. Cock and K. A. Gomez. 1976.** Laboratory manual for physiological studies of rice (3rd Ed.), International Rice Research Institute, Los Bãnos, Laguna, Philippines.

Assessment of diversity and validation of microsatellite markers associated with salinity tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes

Rouhani, S. A.¹, A. Moumeni², A. A. Ebadi³ and B. Ghareyazie⁴

ABSTRACT

Rouhani, S. A., A. Moumeni, A. A. Ebadi and B. Ghareyazie. 2019. Assessment of diversity and validation of microsatellite markers associated with salinity tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 20(4): 344-360. (In Persian).

Ten SSR markers linked to different genes and QTLs responsible for the salinity tolerance in rice, including *Saltol* QTL which located between zero to 8 CM of the genes, were used to validate their co-segregation with salinity tolerance. Fifty nine diverse rice genotypes including local and improved cultivars mostly from Iran and few exotic rice genotypes were tested during 2009-2011 at Rice Research Institute of Iran, and data were collected on several important traits such as salinity tolerance, seedling height, root dry matter, shoot dry matter and leaf relative water content (RWC). The treatments were: a. control with an electrical conductivity of 0.9 dS.m⁻¹ and b. salinity stress with EC = 12 dS.m⁻¹ for all rice genotypes at seedling stage. Molecular screening for 10 SSR linked marker showed that they amplified 60 alleles among rice genotypes. We identified four SSR markers which significantly co-segregated with at least one trait that was involved in salinity tolerance including: RM315 with seedling height, RM223 with root dry weight and seedling height, RM3627 with root dry weight, seedling height and RWC; and RM8094 with root dry weight and RWC. Molecular data clustering through UPGMA method and Yule coefficient also classified rice genotypes into five major clusters with tolerance to susceptible reactions. As three aforementioned SSR markers; RM315, RM3627 and RM8094 are located on chromosome 1, closely linked to *Saltol* QTL, and co-segregated with different traits in this experiment, they could be employed to differentiate salinity tolerant rice genotypes in rice breeding programs in Iran.

Key words: Genetic diversity, Linked markers, Salinity stress, Microsatellite and Rice.

Received: February, 2018

Accepted: January, 2019

1. Graduated MSc. Student, Zanzan University, Zanja, Iran

2. Associate Prof., Rice Research Institute of Iran, Mazandaran Branch, Amol. Agricultural Research, Education and Extension (AREEO), Iran (Corresponding author)(Email: amoumeni@areeo.ac.ir)

3. Assistant Prof., Rice Research Institute of Iran, Rasht. Agricultural Research, Education and Extension (AREEO), Iran

4. Professor, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj, Iran