

DOR: 20.1001.1.23223243.2021.19.1.29.0

شناسایی لاین‌های برگرداننده باروری مناسب برای تولید برنج (*Oryza sativa* L.) هیبرید  
Identification of suitable fertility restorer lines for development of hybrid rice  
(*Oryza sativa* L.)

حمیده مهدی‌خانی<sup>۱</sup>، قربانعلی نعمت‌زاده<sup>۲</sup>، نادعلی باقری<sup>۳</sup> و عمار افخمی قادی<sup>۴</sup>

چکیده

مهدی‌خانی، ح.، ق.ع. نعمت‌زاده، ن. باقری و ع. افخمی قادی. ۱۴۰۲. شناسایی لاین‌های برگرداننده باروری مناسب برای تولید برنج (*Oryza sativa* L.) هیبرید. نشریه علوم زراعی ایران. ۲۵ (۱): ۱۹-۱.

از اولویت‌های اصلی در تولید برنج هیبرید، شناسایی لاین‌های برگرداننده باروری مناسب است. به‌منظور شناسایی لاین‌های برگرداننده باروری مناسب و ارزیابی برنج هیبرید، ۳۶ ژنوتیپ نسل اول از تلاقی دو لاین نرعقیم سیتوپلاسمی جلوآر A و ندا A به عنوان لاین مادری با ۱۳ لاین از ارقام محلی و چهار لاین برگرداننده باروری خارجی به عنوان لاین پدری، طی دو سال ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان بدست آمده و در سال دوم، نتایج حاصل همراه با رقم ندا و جلوآر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. نتایج مقایسه میانگین‌ها برای صفات نتایج نشان داد که بیشترین میزان باروری و عملکرد دانه متعلق به هیبریدهای H27، H28، H29، H30، H33 بود که به ترتیب حاصل از تلاقی IR68078-15-2-2-IR65622-151-1-2-2-، IR65622-151-1-2-2-2R/JelodarA، IR68078-15-2-1-2-2-R/NedaA، 1-2-2-R/JelodarA و IR65622-151-1-2-2-2R/JelodarA و IR68078-15-2-1-1-1-1-1-1R/JelodarA و IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R/JelodarA بودند. از بین نشاتگرهای ریزماهوره (RM 171، RM 490 و RM 3148) همبسته با ژن برگرداننده باروری *Rf3* و *Rf4* برای گزینش هیبریدهای برتر، نشاتگر RM 3148 برای هیبریدهای حاصل از تلاقی ارقام پدری IR68078-15-2-1-2-2-R، IR65622-151-1-2-2-2R و IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R با لاین نرعقیم جلوآر A دارای الگوی نواری مشابه شاهد برگرداننده باروری بود و هیبریدهای H27، H29، H33 نیز دارای هر دو الگوی نواری، یعنی هتروزیگوت بوده و براساس این نشاتگر احتمالاً دارای ژن *Rf4rf4* بودند. نشاتگر RM 171 نشان دهنده حضور احتمالی ژن *Rf4* را در لاین‌های IR68078-15-2-1-2-2-R و IR65622-151-1-2-2-2R بوده و هیبریدهای آن‌ها نیز هتروزیگوت بودند. براساس نتایج این تحقیق، بهترین رقم برگرداننده باروری برای نرعقیم ندا A، لاین IR65622-151-1-2-2-2R و برای نرعقیم جلوآر A لاین‌های IR68078-15-2-1-2-2-R و IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R بودند که از آن‌ها می‌توان در برنامه تولید برنج هیبرید استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: برنج هیبرید، عملکرد دانه، نرعقیم سیتوپلاسمی، لاین‌های برگرداننده باروری و نشاتگرهای ریزماهوره

این مقاله مستخرج از رساله کارشناسی ارشد نگارنده اول می‌باشد

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری. (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: hamidehmahdikhani0@gmail.com)

۲- استاد دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری، پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

۳- دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

۴- دانش‌آموخته دکتری تخصصی دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، محقق پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان

## مقدمه

برنج یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی در جهان، به‌ویژه در کشورهای آسیایی است. با توجه به محدودیت‌هایی مانند شرایط نامساعد محیطی، آفات و بیماری‌ها، افزایش و پایداری تولید برنج یک چالش بزرگ محسوب می‌شود. فناوری برنج هیبرید یک راه حل موثر جهت افزایش عملکرد در واحد سطح است. در این فناوری از پدیده‌ی هتروزیس که برتری یک هیبرید ( $F_1$ ) نسبت به والدین است، استفاده می‌شود. گزارش شده است که میانگین عملکرد برنج هیبرید ۲۰ تا ۲۵ درصد بیشتر از ارقام معمولی است (Kiani, 2015; Nematzadeh et al., 2006). برنج به عنوان یک گیاه خودگرده افشان، برای ایجاد هیبرید به یک سیستم نرعقیمی نیاز دارد و استفاده از پدیده‌ی نرعقیمی بالاخص نرعقیمی ژنتیکی - سیتوپلاسمی نقش موثری در تولید برنج هیبرید داشته است (Kiani, 2015; Afkhami Ghadi et al., 2015). نرعقیمی سیتوپلاسمی - ژنتیکی و روش برگرداندن باروری (CMS/Rf) ابزارهای موثری برای بهره‌برداری از فناوری تولید برنج هیبرید هستند (Virmani and Wan, 1988). یکی از محدودیت‌های اصلی در اصلاح برنج هیبرید، محدود بودن تعداد لاین‌های برگرداننده باروری است. نتایج یک آزمایش (Nematzadeh and Kiani, 2010) جهت ارزیابی ژن‌های برگرداننده باروری برای نرعقیم‌های سیتوپلاسمی نوع عقیم وحشی (WA) از تلاقی ندا 1 در سه لاین DN-32-6، DN-33-1 و DN-33-18 که حاصل از تلاقی از روش برگشتی - شجره‌ای سپید رود/ سنگ جو بودند، نشان داد که تنها تلاقی DN-33-18 در ندا بیش از ۸۰ درصد باروری در نسل  $F_1$  داشت و نتایج ارزیابی مولکولی با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره وجود ژن‌های  $Rf_3$  و  $Rf_4$  را در والد DN-33-18 تایید کرد. عیدی کهنکی و همکاران (Eidi Kohanki et al., 2015) براساس نتایج ارزیابی مولکولی صورت گرفته روی لاین‌ها و

ژنوتیپ‌های منتخب گزارش کردند که چهار نشانگر SSR همبسته با ژن‌های برگرداننده باروری، الگوی نواری مناسبی از نظر ژن‌های مورد نظر داشته و مشابه ژنوتیپ‌های شاهد بودند و یک نشانگر (RM 258) بعنوان یکی از نشانگرهای پیوسته با ژن‌های برگرداننده باروری شناخته شد. نشانگر RM 3148 نیز با ژن  $Rf_3$  واقع بر کروموزوم شماره یک لاین‌های برنج همبسته بود. علوی و همکاران (Alavi et al., 2009) نشانگر RM1 را در فاصله ۶/۵ سانتی مورگان از جایگاه ژنی  $Rf_3$  روی کروموزوم شماره یک برنج مکان‌یابی کردند. نعمت‌زاده و کیانی (Nematzadeh and Kiani, 2010) نیز نشانگرهای RM 171، RM 258 را برای  $Rf_4$  و نشانگر RM 3148 را برای  $Rf_3$  در ارقام ایرانی نقشه‌یابی کردند. آن‌ها گزارش کردند که لاین‌های R45، R28، R9، R7، R5 و R4 دارای پتانسیل مناسبی جهت برگرداندن باروری هستند. در سیستم نرعقیمی ژنتیکی سیتوپلاسمی یا روش سه لاینی که مبتنی بر نرعقیمی ژنی و سیستم برگرداننده باروری است، شامل: لاین نرعقیم (CMS) یا (لاین A)، لاین نگهدارنده یا (لاین B) و لاین برگرداننده باروری یا (لاین R) است که برای تولید تجاری هیبریدهای برنج استفاده می‌شوند. لاین نرعقیم حاوی عوامل کنترل‌کننده نرعقیمی (S) در سیتوپلاسم و آلل‌های مغلوب (rf) از ژن‌های برگرداننده باروری در هسته می‌باشند. لاین نگهدارنده یا لاین (CMS) از این جهت که دارای ژن‌های مشابه هسته‌ای بوده و تنها در عامل سیتوپلاسمی (N) با یکدیگر متفاوت می‌باشند، ایزولاین هستند (Bharaj et al., 1991). حفظ خلوص ژنتیکی لاین (A) از طریق تلاقی با لاین خالص (B) و تولید بذر خالص هیبرید از طریق تلاقی آن با لاین خالص (R) امکان‌پذیر است (Nematzadeh and Tariz, 2002). هدف از این پژوهش شناسایی لاین‌های نرعقیمی سیتوپلاسمی - ژنتیکی و لاین‌های برگرداننده باروری جهت تولید لاین‌های جدید برای استفاده در تولید بذر برنج هیبرید بوده است.

## مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق شامل نتاج حاصل از تلاقی لاین‌های نرعقیم سیتوپلاسمی شامل ندا A (Nematzadeh *et al.*, 2006) و جلودار A با ۱۳ لاین موتانت نسل دهم (M<sub>10</sub>) شامل نعمت، دشت، پژوهش، فجر، سپیدرود، آمل ۳، دم‌سیاه، طارم دیلمانی / سنگ طارم، حسن سرایی / سنگ طارم / آمل ۳ بودند. لاین‌های موتانت که از طریق پرتودهی با دوز ۲۰۰ گری اشعه گاما از منبع کبالت ۶۰ در پژوهشکده کشاورزی هسته‌ای سازمان انرژی اتمی ایران ایجاد شده بودند، در مزرعه پژوهشی پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان وابسته به دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری کشت شده و بعد از ده نسل خودگشتی، ابتدا با روش بالک تک بذر و سپس با روش شجره‌ای، بر اساس خصوصیات مطلوب مورفوژیک و زراعی گزینش شدند. لاین‌های یاد شده همراه با چهار ژنوتیپ برگرداننده باروری دریافت شده از موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج (IRRI)، با هدف شناسایی منابع جدید لاین‌های برگرداننده باروری و نگهدارنده نرعقیمی در آزمایشی که در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، وابسته به دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری طی دو سال (۱۳۹۸ و ۱۳۹۹) اجرا شد، مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱). ژنوتیپ‌های ندا A و جلودار A با توجه به وضعیت سیتوپلاسمی و ژن‌های نگهدارنده، بعد از هفت تلاقی برگشتی با لاین‌های نرعقیم بین‌المللی دارای ژن‌های نرعقیم بودند و در این پژوهش از این دو رقم نگهدارنده به عنوان والد مادری استفاده شد (Babaeian Jelodar *et al.*, 2005; Nematzadeh *et al.*, 2006; Afkhami Ghadi *et al.*, 2019) و بعد از تلاقی لاین‌های پدری (به عنوان لاین‌های برگرداننده باروری) با لاین‌های نرعقیم ندا A و جلودار A (به عنوان لاین مادری) برای حفظ خلوص ژنتیکی لاین A اقدام به تلاقی این لاین با لاین خالص B

نیز شد. در بهار سال ۱۳۹۸ بذرهای ارقام والدینی بعد از ضدعفونی سطحی در ظروف پتری جوانه‌دار شده و سپس در خزانه پوشش‌دار رویانده شدند. گیاهچه‌ها در مرحله چهار برگی (۲۵ تا ۳۰ روز بعد از بذر پاشی)، در دو تاریخ (با فاصله دو هفته) در مزرعه در کرت‌هایی به ابعاد ۲×۲ با فاصله ۲۵ سانتی‌متر به صورت تک بوته نشاء شدند. عملیات داشت طبق توصیه‌های کارشناسی و عرف منطقه انجام شد. در شروع مرحله گلدهی پس از تأیید عقیمی لاین‌های نرعقیم با آزمون دانه‌گرده با محلول یدیدور پتاسیم یک درصد (Virmani *et al.*, 1997)، بوته‌های نرعقیم با لاین نگهدارنده مربوطه تلاقی داده شدند. برای این کار در روز اجرای تلاقی، خوشه‌های لاین‌های پدری که حدود دو سوم آن‌ها خارج شده بودند از بوته‌ها جدا شده و سپس در ساعت ۱۲ تا ۱۴ دانه‌های گرده این خوشه‌ها، روی بوته‌های نرعقیمی که گلچه‌های آنها با قیچی به صورت اریب بریده شده بودند، گرده‌افشانی شدند. خوشه‌های تلاقی داده شده جهت حفظ رطوبت و جلوگیری از ورود دانه‌های گرده بیگانه با کاغذ سلوفان پوشانده شدند. بذرهای F<sub>1</sub> حاصل از تلاقی لاین‌های والدینی حدود ۳۰ روز پس از تلاقی برداشت و نگهداری شدند. در سال دوم (۱۳۹۹) کلیه F<sub>1</sub>‌های حاصل همراه با والدین در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه کشت شدند. صفات زراعی و مورفولوژیک شامل درصد عقیمی و باروری دانه‌های گرده، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد پنجه‌های بارور، طول خوشه (سانتی‌متر)، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد کل دانه در خوشه، وزن هزار دانه (گرم)، باروری خوشه و عملکرد دانه (گرم در بوته) بر اساس دستورالعمل موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج اندازه‌گیری شدند (IRRI, 2013). گروه بندی دانه‌های گرده و خوشه با نرعقیمی کامل (صفر درصد باروری) نرعقیمی نسبی (یک تا ۳۰ درصد) باروری نسبی

جدول ۱- اسامی و شجره ژنوتیپ‌های پدری و مادری (لاین‌های نرعیقیم سیتوپلاسمی) برنج مورد استفاده در آزمایش

Table 1. Names and pedigree of paternal and maternal rice genotypes (cytoplasmic sterile lines)

کد Code	ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	شجره Pedigree	عملکرد دانه Grain yield (ton.ha <sup>-1</sup> )	کد Code	ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	شجره Pedigree	عملکرد دانه Grain yield (ton.ha <sup>-1</sup> )
1	P10-88-37	Nemat mutant	5.47	11	P14-1	Dasht mutant	2.22
2	P8-7-2-1-7-3-1-1	Domsiah mutant	5.75	12	P15-6	Pajouhesh mutan	6.52
3	P8-7-2-1-4-2-1-1	Domsiah mutant	5.75	13	P15-2	Pajouhesh mutant	9.24
4	P8-3-2-1-1-1-1	Domsiah mutant	4.84	14	IR68078-15-2-1-2-2-R	Foreign restorer lines	5.99
5	P9-7-6-3-1-3-1	Fajr mutant	5.61	15	IR65622-151-1-2-2-2R	Foreign restorer lines	8.66
6	P9-8-1-1-1	Fajr mutant	6.41	16	IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R	Foreign restorer lines	8.25
7	P9-7-1-1-1-1	Fajr mutant	5.61	17	NSIC RC 434	Foreign restorer lines	4.65
8	P11-6-2-1-1-1-1	Sepidroud mutant	6.84	18	Jelodar	Tarom Deilamani/Sang Tarom	6.93
9	P12-5-3-3-2-2-1	Amol3 mutant	7.32	19	Neda	Hasan Saraii/Sang Tarom/Amol3	8.20
10	P12-5-3-3-2-1-1	Amol3 mutant	7.80				

Sepidroud, P12: Amol 3, P14: Dasht, P15: Pajouhesh, P10: Nemat:P8: Domsiah, P9: Fajr, P11

P8: دمسیاه، P9: فجر، P11: سپیدرود، P12: آمل ۳، P14: دشت، P15: پژوهش، P10: نعمت

جدول ۲- آغازگرهای ریزماهواره مورد استفاده در ارزیابی مولکولی ژنوتیپ‌های برنج

Table 2. SSR primers used in molecular assessment of rice genotypes

نشانه‌های ریزماهواره SSR markers	توالی رفت Forward primer	توالی برگشتی Reverse primer	مکان کروموزومی Chromosomal location	ژن برگرداننده باروری Gene linkage	منبع Source
RM490	ATCTGCACACTGCAAACACC	AGCAAGCAGTGCTTTCAGAG	1	Rf3	(Temnykh <i>et al.</i> , 2001) (Lu <i>et al.</i> , 2005) (Singh <i>et al.</i> , 2013) (Mallikarjuna <i>et al.</i> , 2013) (Sattari <i>et al.</i> , 2007)
RM3148	GACTATTGCTCGAACACTTTG	TTGTCTTGCTTTGGTATTTGC	1	Rf3	(McCouch <i>et al.</i> , 2002) (Jahani <i>et al.</i> , 2014)
RM171	AACGCGAGGACACGTACTTAC	ACGAGATACGTACGCCTTTG	10	Rf4	(Bazrkar <i>et al.</i> , 2008) (Lu <i>et al.</i> , 2005)



جدول ۳- مقایسه میانگین صفات گیاهی ژنوتیپ‌های والدینی برنج

Table 3. Mean comparison of plant traits of parental rice genotypes

ژنوتیپ‌های برنج Rice genotypes	روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height (cm)	طول خوشه Panicle length (cm)	دانه پر در خوشه Filled grain.panicle <sup>-1</sup>	تعداد کل دانه در خوشه Total grain.panicle <sup>-1</sup>	باروری خوشه Panicle fertility (%)	عملکرد دانه Grain yield (g.m <sup>-1</sup> )	
P10-88-37	128.0de	96.6k	26.3g-j	133.8a-c	161.4c-e	83.0a-d	579.7b-f	
P8-3-2-1-1-1-1	125.6f-h	141.1a	32.5a	152.0a	193.0a-c	78.6c-e	456.1d-f	
P8-7-2-1-4-2-1-1	125.0i	137.0b	24.2j	90.2d	97.5g	92.6a	704.7a-c	
P8-7-2-1-7-3-1-1	126.0e-g	138.3ab	26.4g-j	114.6a-d	141.8d-f	81.0b-d	513.7c-f	
P9-7-1-1-1-1-1	128.0de	110.6g-i	28.3e-g	124.3a-d	135.1d-f	91.6a	626.2a-e	
P9-7-6-3-1-3-1	124.0h	131.3c	29.8b-f	107.5b-d	137.2d-f	78.3c-e	407.0fg	
P9-81-1-1	125.0gh	126.5d	29.5c-f	117.5a-d	152.2d-f	77.0de	697.3a-c	
P11-6-2-1-1-1-1	131.6c	133.5c	26.4g-j	105.5cd	116.8fg	90.0ab	686.5a-c	
P12-5-3-3-2-1-1	129.0d	112.3f-h	28.5d-g	125.1a-d	142.8d-f	87.6a-c	726.7a-c	
P12-5-3-3-2-2-1	128.0de	120.5e	31.2b-d	141.6a-c	174.1b-d	81.3b-d	711.5a-c	
P14-1	127.3d-f	115.6f	31.7ab	149.5a	215.7a	69.3ef	224.4g	
P15-2	118.3j	108.3i	27.6f-i	133.5a-c	156.6c-f	84.6a-d	797.6ab	
P15-6	128.0de	101.5j	26.3g-j	107.5b-d	122.3e-g	87.6a-c	687.5a-c	
IR65622-151-1-2-2-2R	150.0a	113.1fg	25.3hj	133.56a-c	202.4ab	66.0f	671.6a-d	
IR680078-15-2-1-2-2R	150.0a	109.6hi	30.5b-e	145.7ab	220.2a	65.3f	593.9a-f	
IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R	150.0a	114.6f	24.8ij	120.0a-d	218.2a	54.6g	813.3a	
NSIC RC 434	150.0a	115.1f	28.0e-h	103.8c-d	155.2c-f	67.3f	392.6a-f	
Jelodar	جلودار	131.3c	138.3ab	28.8d-g	139.7a-c	161.3c-e	87.3a-c	450.5ef
Neda	ندا	135.0b	113.1fg	26.4g-j	114.4a-d	145.3d-f	78.3c-e	817.3a
Total	کل	131.8	119.8	28.0	124.2	160.5	79.0	608.3

در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند، بر اساس آزمون توکی در سطح احتمال پنج درصد تفاوت معنی‌داری ندارند

Means in each column followed by similar letter(s) are not significantly different at 5% probability level, using Tukey's test

از ۶۰ گرم در هر بوته دارای بیشترین میزان عملکرد دانه بود که به دلیل خروج کامل خوشه (۹۳/۶)، دارای بیشترین تعداد دانه پر در خوشه (۱۶۰/۲)، بیشترین وزن هزار دانه (۲۷/۳ گرم)، بیشترین تراکم دانه (۶/۶۱) و بیشترین میزان باوری دانه گرده (۸۴/۶ درصد) و خوشه (۸۳/۱ درصد) بودند. این گروه پرمحصول‌ترین ژنوتیپ‌های F<sub>1</sub> بودند. گروه چهارم نیز ۲۵ درصد بقیه ژنوتیپ‌ها را دربرگرفت. سروتی و همکاران (Sruthi *et al.*, 2020) در ارزیابی تنوع مورفولوژیکی ۹۶ لاین برنج با استفاده از تجزیه خوشه‌ای آنها را در پنج گروه اصلی و ۱۳ گروه فرعی تقسیم بندی کردند. در آزمایش لاین‌های والدین در گروه‌های B (گروه نگهدارنده) و R (گروه برگرداننده باروری) قرار گرفتند. در آزمایشی که روی ۱۶۷ نوع برنج ایتالیایی انجام شد، ارزیابی تنوع ژنتیکی با نشانگرهای ریزماهوره نشان داد که از بین ۴۹ نشانگر، ۱۳ نشانگر چندشکلی مناسبی داشتند. نتایج حاصل از ترسیم درخت فیلوژنتیکی نشان داد که مجموعه ژنوتیپ‌ها به دو گروه عمده تقسیم و بعنوان زیر گونه‌های ژاپنیکا و ایندیکا طبقه بندی شدند. گروه ژاپنیکا، به دو زیر گروه ژاپنیکای معتدل و ژاپنیکای گرمسیری تقسیم شد (Pathaichindachote *et al.*, 2019).

نتایج حاصل از تجزیه مولکولی با نشانگر RM 3148 برای هیبریدهای حاصل از تلاقی ارقام پدری IR68078-IR86403-5-IR65622-151-1-2-2-2R، IR65622-151-1-2-2-2R-15-2-1-2-2-2R و IR65622-151-1-2-2-2R-5-2-1-1-1-1-1R چندشکلی واضحی را در بین ژنوتیپ‌های شاهد نرعیتم جلودار A و شاهد برگرداننده باروری IR67924R نشان داد (شکل ۲). رقم شاهد نرعیتم (جلودار A) در محدوده ۱۶۶ جفت‌باز و رقم شاهد بین‌المللی IR67924R دارای الگوی نواری ۱۴۰ جفت‌باز و دارای ژن Rf<sub>3</sub> بود. ژنوتیپ‌های پدری IR68078-15-2-1-2-2-2R، IR IR68078-15-2-1-2-2-2R و IR68078-15-2-1-2-2-2R، IR68078-15-2-1-2-2-2R-5622-151-1-2-2-2R

بود. ارتفاع بوته لاین نرعیتم ندا ۹۸ A و جلودار A ۱۱۰/۳ سانتی‌متر بود که در گرده‌افشانی با لاین پدری باید به این موضوع توجه شود تا حداکثر گرده‌افشانی صورت گیرد. تعداد پنجه‌های بارور نتاج F<sub>1</sub> از ۸/۶ تا ۲۷/۳ بود که نشان دهنده تنوع ظرفیت پنجه‌زنی نتاج است. بلندترین طول خوشه مربوط به تلاقی H12 (M9-P8-7-2-1-4-2-1-1-1/.NedaA) (۳۳/۲ سانتی‌متر) بود. بیشترین تعداد دانه پر در خوشه متعلق به تلاقی‌های H28، H27، H30، H34 (به ترتیب ۱۷۷/۲، ۱۶۱/۸، ۱۵۵/۱، ۱۴۶/۷ و ۱۴۱ دانه در خوشه) بود و دو تلاقی H28 و H34 (IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1-IR) دارای بیشترین تعداد کل دانه نیز بودند. طول دانه نتاج F<sub>1</sub> از ۹/۶ تا ۱۱/۲۷ میلی‌متر بود. بیشترین میزان باروری خوشه متعلق به H28، H34، H27، H33، H30 و H29 (بیش از ۸۰ درصد) بود. بیشترین وزن هزار دانه متعلق به H4 (M7-15-2/NedaA) (۲۹/۸ گرم) بود و طول و عرض دانه آن بیشتر بود. بیشترین میزان عملکرد هیبریدها (۴۴ گرم در بوته معادل ۷۰۰ گرم در مترمربع) به ترتیب مربوط به H30، H27، H28، H29، H34 و H32 بود که دلیل آن بالا بودن تعداد پنجه بارور، تعداد خوشه بارور، وزن هزار دانه و باروری خوشه بود. این هیبریدها بعنوان برترین هیبریدها همراه با والدین شان انتخاب شدند (جدول ۴). در آزمایش پیشنهادی (Pishnamazzadeh Emami *et al.*, 2020) نیز گزارش شده است که وزن نهایی دانه بر عملکرد دانه تاثیر گذار است.

ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه در دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای (کلاستر)، در چهار گروه اصلی قرار گرفتند (شکل ۱). گروه اول شامل ۵۳ درصد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه همراه با رقم نرعیتم ندا و جلودار بودند که بزرگترین گروه را تشکیل دادند. گروه دوم ۲۲ درصد ژنوتیپ‌ها را شامل شدند. گروه سوم با تنها چهار هیبرید کوچک‌ترین گروه را تشکیل دادند. این گروه با بیش

جدول ۴- مقایسه میانگین صفات گیاهی نتاج F<sub>1</sub> های برنج حاصل از تلاقی لاین های نرعیتم جلودارA و نداA با لاین های پدری

Table 4. Mean comparison of plant traits of rice F<sub>1</sub> resulting from crossing the sterile lines of JelodarA and NedaA with the paternal lines

نتاج F <sub>1</sub>	تلاقی ها Crosses	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Day to 50% flowering	روز تا رسیدگی Day to maturity	ارتفاع بوته Plant height (cm)	پنجه بارور در بوته Fertile tiller.plant <sup>-1</sup>	طول خوشه Panicle length (cm)	دانه پر در خوشه Filled grain.panicle <sup>-1</sup>	دانه پوک در خوشه Unfilled grain.panicle <sup>-1</sup>
H1	M7-P14-1/JelodarA	92f	120.0f	117.6hi	16.3b-h	31.4a-e	7.3pq	184.8a
H2	M7-P14-1/NedaA	82l	120.0f	100.6m	17.0b-f	31.0b-f	48.5k-m	117.3hi
H3	M7-P15-2/JelodarA	81m	121.3e	126.0fg	17.0b-f	29.7d-h	64.3ij	96.3i-k
H4	M7-P15-2/NedaA	91a	113.6h	112.0j-l	13.6g-m	29.2e-i	105.0ef	47.6n-p
H5	M7-P15-6/JelodarA	83k	124.0c	122.0gh	12.3k-n	29.1f-i	12.5o-q	132.1f-h
H6	M7-P15-6/NedaA	85i	116.6g	110.6j-l	18.6bc	32.5ab	97.4fg	85.5j-l
H7	GM8-N-88-37/jelodarA	84j	122.0e	113.5i-l	16.0b-i	27.5i-k	9.3pq	157.0b-f
H8	GM8-N-88-37/NedaA	82l	127.0a	99.0m	14.3e-l	27.6h-k	26.1no	129.1gh
H9	P8-R5/JelodarA	95d	127.0a	139.6c-e	13.0i-m	32.1a-c	9.1pq	174.8a-c
H10	P8-R5/NedaA	90g	127.0a	143.5bc	9.3no	32.9ab	0.66q	180.1ab
H11	P8-15/JelodarA	95d	127.0a	146.6ab	12.3k-n	31.2a-f	42.2lm	134.1e-h
H12	P8-15/NedaA	88h	127.0a	143.3bc	15.3d-k	33.2a	48.5k-m	113.8hi
H13	P8-22/JelodarA	92f	116.0g	149.6a	12.6j-m	32.1a-c	101.7f	75.2k-m
H14	P8-22/NedaA	83k	127.0a	147.6ab	15.6c-j	31.6-ad	73.8hi	104.6ij
H15	P9-R4/JelodarA	82l	127.0a	117.3hi	11.6l-n	29.2e-i	14.8o-q	141.6d-g
H16	P9-R4/NedaA	88h	127.0a	109.6l	15.3d-k	30.0c-g	45.4lm	101.6ij
H17	P9-10/JelodarA	88h	120.0f	141.3c-e	11.3l-o	30.3c-g	109.3ef	58.8m-o
H18	P9-10/NedaA	88h	117.0g	124.0g	12.6j-m	30.0c-g	111.8ef	45.0op
H19	P9-11/JelodarA	88h	122.0e	124.0g	13.3h-m	29.8d-g	37.1mn	143.0d-g
H20	P9-11/NedaA	88h	127.3a	118.0hi	18.0b-d	29.2e-i	20.4op	151.3c-g
H21	P11-R4/JelodarA	90g	127.0a	125.0g	18.0b-d	29.4e-i	7.2pq	164.4a-d
H22	P11-R4/NedaA	88h	127.0a	111.6j-l	11.0m-o	28.6g-j	44.3lm	100.9ij
H23	P12-R3/JelodarA	88h	127.0a	114.0i-l	17.0b-f	28.1g-k	61.7i-k	84.5j-l
H24	P12-R3/NedaA	88h	116.6g	110.0l	17.6b-d	25.0l	84.6gh	65.3l-o
H25	P12-R4/JelodarA	88h	121.0ef	115.0i-l	8.6o	28.8g-j	5.4pq	147.8d-g
H26	P12-R4/NedaA	94e	123.3cd	111.jkl	19.0b	30.23c-g	50.2j-m	114.7hi
H27	IR68078-15-2-1-2-2-R/JelodarA	94e	125.6b	136.0e	14.0f-m	29.2e-i	155.1bc	31.3p
H28	IR68078-15-2-1-2-2-R/NedaA	94e	127.0a	121.3gh	17.0b-f	31.2a-f	177.1a	80.0j-m
H29	IR65622-151-1-2-2-2-R/JelodarA	94e	125.3b	137.6d-f	16.6b-g	29.8d-g	141.0d	35.0p
H30	IR65622-151-1-2-2-2-R /NedaA	94e	127.3a	111.6j-l	17.3b-e	26.3kl	146.7cd	32.0p
H31	NSICRC434/JelodarA	98c	125.0b	130.6fg	18.3b-d	31.2a-f	57.1j-l	70.6l-n
H32	NSICRC434/NedaA	98c	127.0a	115.66jk	16.6b-g	30.2c-g	97.5fg	74.0k-m
H33	IR86403-5-5-2-1-1-1-1R/JelodarA	99b	117.0g	126.3fg	11.6l-n	26.7j-l	118.7e	23.8p
H34	IR86403-5-5-2-1-1-1-1R/nedaA	88h	127.0a	116.0i-k	12.6j-m	28.7g-j	161.8b	32.0p
H35	JelodarA/JelodarB	94e	123.0d	110.3l	13.6g-m	28.1g-k	0.0q	161.2ad
H36	NedaA/ NedaB	90e	127.0a	98.0m	27.3a	26.9j-l	0.0q	158.1b-e



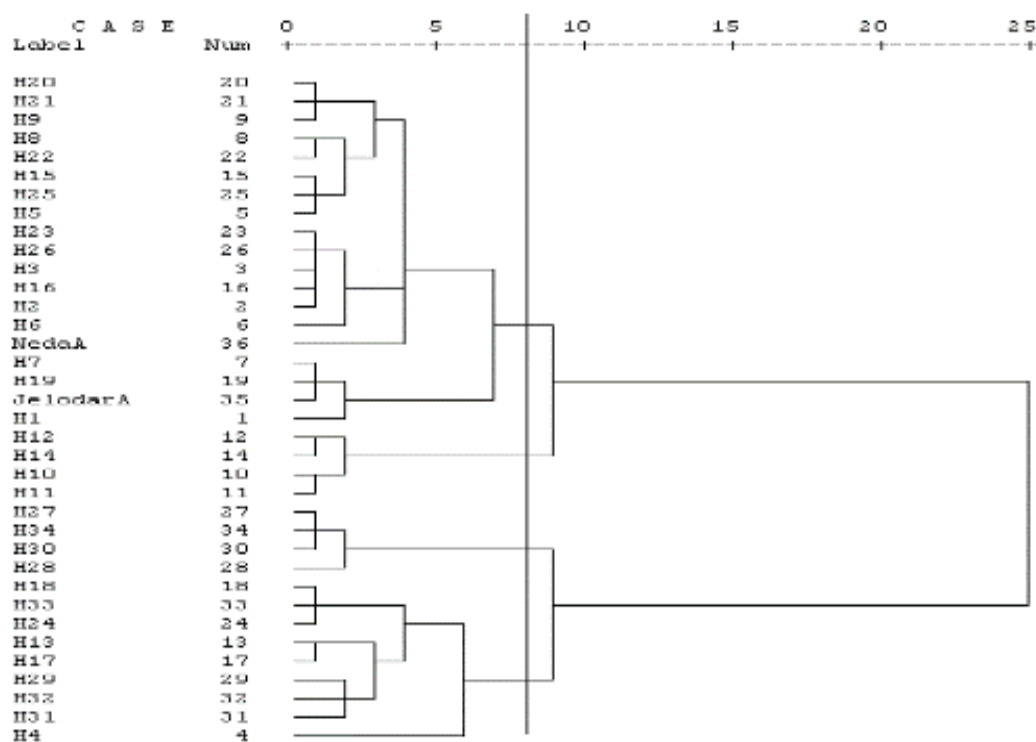
Table 4. Continued

ادامه جدول ۴

تناج F1	تلاقی‌ها Crosses	طول دانه Grain length (mm)	عرض دانه Grain width (mm)	تعداد کل دانه در خوشه Total grain.panicle <sup>-1</sup>	وزن هزار دانه 1000 grain weight (g)	عملکرد دانه Grain yield (g.plant <sup>-1</sup> )
H1	M7-P14-1/JelodarA	11.26a	1.94lm	192.2ab	23.6j-m	5.7k-n
H2	M7-P14-1/NedaA	10.72be	2.03i-l	165.3c-k	26.8e-h	21.8i
H3	M7-P15-2/jelodarA	10.99ab	2.13e-j	160.6d-k	25.8f-j	27.5g-i
H4	M7-P15-2/NedaA	10.47b-g	2.25a-d	152.66 ik	29.8a	42.3e
H5	M7-P15-6/JelodarA	10.46b-g	2.21a-e	144.6kl	23.4k-m	8.2j-l
H6	M7-P15-6/NedaA	10.18f-j	2.26a-c	183.0cd	25.2g-l	38.2e-f
H7	GM8-N-88-37/JelodarA	10.31c-g	1.87m	166.3c-k	23.7j-m	10.7j-k
H8	GM8-N-88-37/NedaA	10.07g-k	2.20a-f	155.2g-k	27.0d-h	13.5j
H9	M9-P8-3-2-1-1-1-1/JelodarA	10.39c-g	2.04h-l	184.0b-d	26.8e-h	12.1jk
H10	M9-P8-3-2-1-1-1-1/NedaA	10.58b-g	2.25a-d	180.7b-e	27.7a-f	0.4ln
H11	M9-P8-7-2-1-4-2-1-1/JelodarA	9.78h-k	2.15d-h	176.3b-i	26.5e-i	15.2j
H12	M9-P8-7-2-1-4-2-1-1/NedaA	9.60k	2.23a-e	162.4d-k	26.8e-h	23.4hi
H13	M9-P8-7-2-1-7-3-1-1/JelodarA	10.52b-g	2.13e-j	177.0b-h	24.4i-m	30.4gh
H14	M9-P8-7-2-1-7-3-1-1/NedaA	9.756i-k	2.21a-f	178.5b-i	26.9e-h	40.9ef
H15	M9-P9-7-1-1-1-1-1/JelodarA	10.59b-g	2.00k-l	156.5f-k	23.3k-m	4.8k-n
H16	M9-P9-7-1-1-1-1-1/NedaA	10.69b-f	2.17b-g	147.1kl	27.2c-g	22.0i
H17	M9-P9-7-6-3-1-3-1/JelodarA	10.67b-f	1.99kl	168.1c-k	22.8mn	29.4gh
H18	M9-P9-7-6-3-1-3-1/NedaA	10.56b-g	2.17c-g	156.8e-k	28.8a-e	41.8e
H19	M9-P9-1-1-1-1-1/JelodarA	10.49b-g	1.89m	180.1b-f	23.0lm	11.4jk
H20	M9-P9-1-1-1-1-1/NedaA	10.38c-g	2.05h-l	171.7b-j	26.2f-i	9.5j-l
H21	M9-P11-6-2-1-1-1-1-1/JelodarA	10.74b-d	2.13e-i	171.6b-j	27.0d-h	3.4l-n
H22	M9-P11-6-2-1-1-1-1-1/NedaA	10.06g-k	2.20a-f	145.3kl	29.4a-c	14.4j
H23	M9-P12-5-3-3-2-1-1-1/JelodarA	10.26d-i	2.02j-l	146.3kl	25.1g-l	29.6gh
H24	M9-P12-5-3-3-2-1-1-1/NedaA	10.48 -b-g	2.23a-e	150.0j-l	28.6a-e	40.9ef
H25	M9-P12-5-3-3-2-2-1-1/JelodarA	10.66b-f	2.18b-f	153.3h-k	24.4i-m	5.6k-n
H26	M9-P12-5-3-3-2-2-1-1/NedaA	10.29c-h	2.07g-k	165.0c-k	27.0d-h	29.2gh
H27	IR68078-15-2-1-2-2-R /JelodarA	10.09g-k	2.25a-d	186.5bc	27.3b-g	60.2b
H28	IR68078-15-2-1-2-2-R/NedaA	9.73jk	2.23a-e	211.6a	24.9h-m	56.5bc
H29	IR65622-151-1-2-2-2/JelodarA	10.07g-k	2.01k-l	173.6b-j	25.0m	54.3bc
H30	IR65622-151-1-2-2-2/NedaA	10.08g-k	2.103f-k	178.7b-i	27.6a-f	74.6a
H31	NS IC RC434/Jelodar	10.55c-g	2.19a-f	127.8l	25.4f-k	34.4fg
H32	NS IC RC434/NedaA	10.2e-j	2.29a	171.5b-j	29.2a-d	43.2e
H33	IR86403-5-5-2-1-1-1-1-IR /JelodarA	10.54b-g	2.20a-f	144.2kl	29.4a-c	44.77 df
H34	IR86403-5-5-2-1-1-1-1-IR /NedaA	10.49b-g	2.28ab	193.8ab	29.5a-b	50.1cd
H35	JelodarA/JelodarB	10.82a-c	1.78n	161.2d-k	20.9n	0.0n
H36	NedaA/ NedaB	10.20e-j	2.14d-h	158.1e-k	24.2i-m	0.0n

در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند، براساس آزمون توکی در سطح احتمال پنج درصد تفاوت معنی‌داری ندارند

Means in each column followed by similar letter(s) are not significantly different at 5% probability level, using Tukey's test



شکل ۱- خوشه‌بندی  $F_1$  های برنج حاصل از تلاقی لاین‌های نر عقیم جلودار A و ندا A با لاین‌های پدری به روش وارد و ضریب فاصله اقلیدسی

Fig. 1. Clustering of rice  $F_1$  resulting from crossing of sterile lines JelodaraA and NedaA with paternal lines based on Ward's method and Euclidean distance coefficient

تشخیص ژن  $Rf_3$  در جمعیت حاصل از تلاقی استفاده کردند.

نتایج حاصل از نشانگر RM 3148 نشان داد که رقم شاهد نر عقیم ندا A و رقم شاهد بین‌المللی IR67924R دارای ژن  $Rf_3$  بودند و بقیه ارقام والدینی و هیبریدهای حاصل الگوی نواری مشابه الگوی نواری شاهد نر عقیم داشتند (شکل ۳). نعمت‌زاده و کیانی (Nematzadeh and Kiani, 2010) در مطالعه ژن‌های برگرداننده باروری برای نر عقیمی سیتوپلاسمی نوع WA در لاین DN-33-18، با تلاقی رقم نر عقیم ندا A با سه لاین اصلاح شده و با استفاده از نشانگر RM 3148، میزان باروری دانه‌های گرده در تلاقی ندا با لاین DN-33-18 را بیش از ۸۰ درصد گزارش کردند.

دارای الگوی نواری پیوسته با ژن  $Rf_3$  و مشابه شاهد برگرداننده باروری بوده و هیبریدهای حاصل (H27، H29 و H33) دارای هر دو الگوی نواری (هتروزیگوت) و براساس این نشانگر دارای ژن  $Rf_3rf_3$  بودند. کیانی و همکاران (Kiani *et al.*, 2015) در شناسایی ارقام برگرداننده و نگهدارنده باروری در برنج با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره (RM 171 و RM 258، RM 3148) گزارش دادند که ارقام هاشمی، سپیدرود و دیلمانی دارای ژن برگرداننده باروری  $Rf_3$  بودند و پیشنهاد دادند که می‌توان از آن‌ها در پیشبرد برنامه‌های به‌نژادی برنج هیبرید استفاده کرد. ریواتی و همکاران (Revathi *et al.*, 2020) برای انتقال ژن  $Rf_3$  به رقم Swarna که دارای ژن  $Rf_4$  بود از چند نشانگر از جمله RM3148 برای

جدول ۵- میانگین صفات گیاهی گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای F<sub>1</sub> های برنج حاصل از تلاقی لاین‌های نر عقیم جلودار A و ندا A با لاین‌های پدری

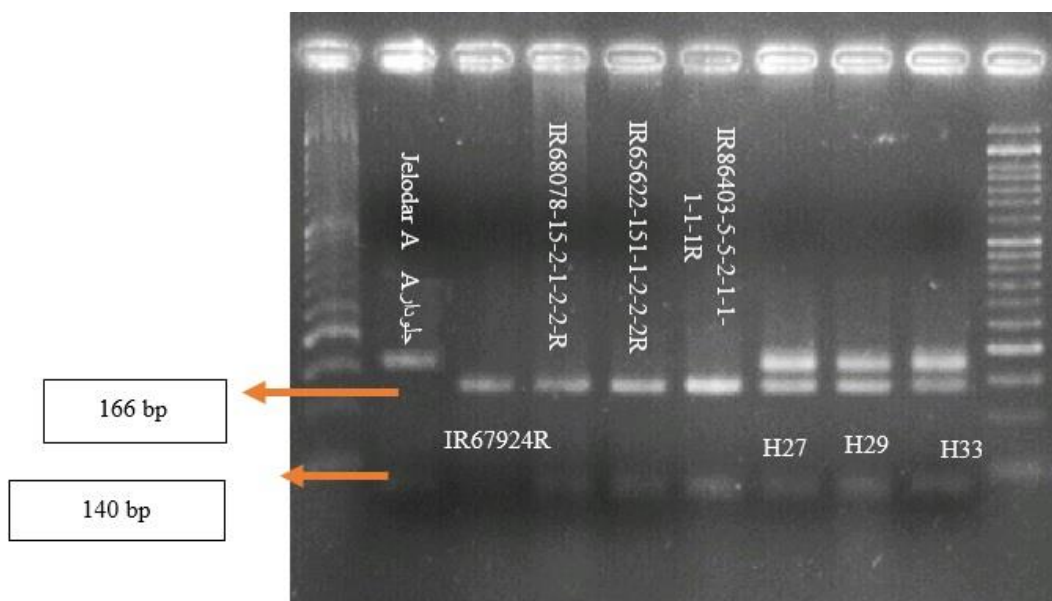
Table 5. Mean of plant traits of clusters of F<sub>1</sub> rice resulting from crossing the sterile lines of Jelodar A and Neda A with the paternal lines

گروه Group	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Day to 50% flowering	روز تا رسیدگی Day to maturity	ارتفاع بوته Plant height (cm)	طول خوشه Panicle length (cm)	خروج خوشه از غلاف Panicle exertion (%)	دانه پر در خوشه Filled grain.panicle <sup>-1</sup>	دانه پوک در خوشه Unfilled grain.panicle <sup>-1</sup>
1.0	87.6	124.0	114.9	29.4	80.8	29.5	134.0
2.0	89.0	127.0	145.2	32.2	79.8	41.3	133.2
3.0	92.5	126.7	121.2	28.9	93.6	160.2	43.8
4.0	95.4	117.2	127.4	29.4	84.5	103.0	55.0
Total	90.3	122.9	122.1	29.7	83.0	63.7	104.1

ادامه جدول ۵

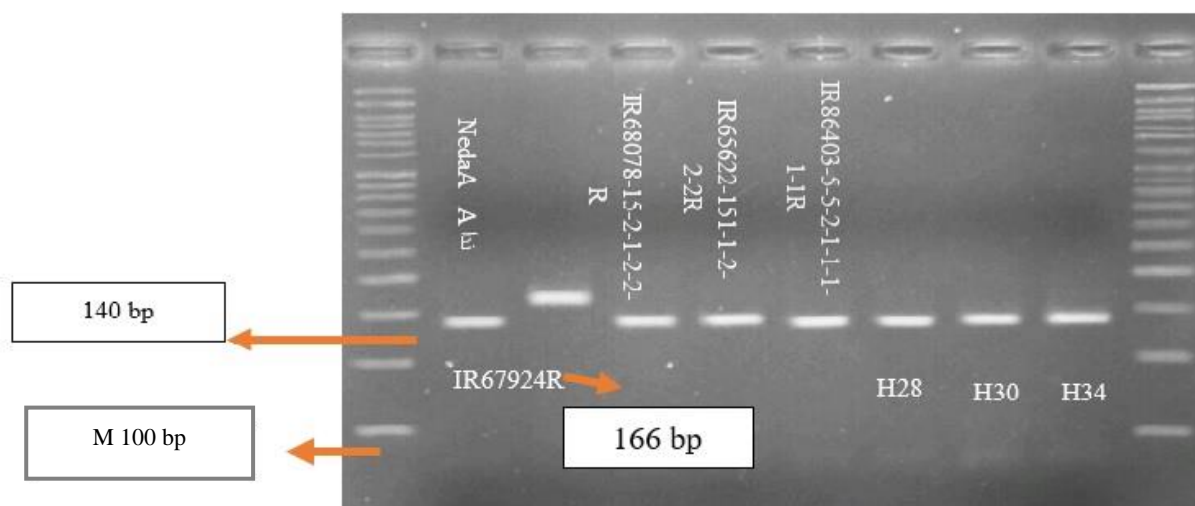
Table 5. Continued

گروه Group	تعداد کل دانه در خوشه Total grain.panicle <sup>-1</sup>	طول دانه Grain length (mm)	عرض دانه Grain width (mm)	نسبت طول به عرض دانه Grain length:width	وزن هزار دانه 1000 grain weight (g)	تراکم دانه (تعداد دانه در طول خوشه) (cm) Grain density	باروری دانه گرده Pollen grain fertility (%)	باروری خوشه Panicle fertility (%)	عملکرد دانه Grain yield (g.plant <sup>-1</sup> )
1.0	163.5	10.51	2.07	5.09	25.2	5.5	13.9	18.4	14.1
2.0	174.5	9.93	2.21	4.49	27.0	5.4	21.9	23.9	19.9
3.0	192.7	10.10	2.22	4.56	27.3	6.6	84.6	83.1	60.4
4.0	157.9	10.45	2.16	4.84	27.0	5.4	66.2	64.9	40.2
Total	166.6	10.38	2.13	4.90	26.1	5.6	35.7	37.8	26.4



شکل ۲- الگوی نواری نشانگر RM 3148 برای ارقام والدینی و هیبریدهای برنج حاصل از تلاقی با لاین نر عقیم جلودار A

Fig. 2. Band pattern of RM3148 marker for parental rice cultivars and hybrids resulting from crossing with sterile JelodarA line



شکل ۳- الگوی نواری نشانگر RM 3148 برای ارقام والدینی و هیبریدهای برنج حاصل از تلاقی با لاین نر عقیم ندا A

Fig. 3. Banding pattern of RM3148 marker for parental rice cultivars and hybrids resulting from crossing with sterile NedaA line

ژنوتیپ‌های شاهد نر عقیم ندا A و برگرداننده باروری IR67924R نشان داد (شکل ۴). ظهور الگوی نواری در

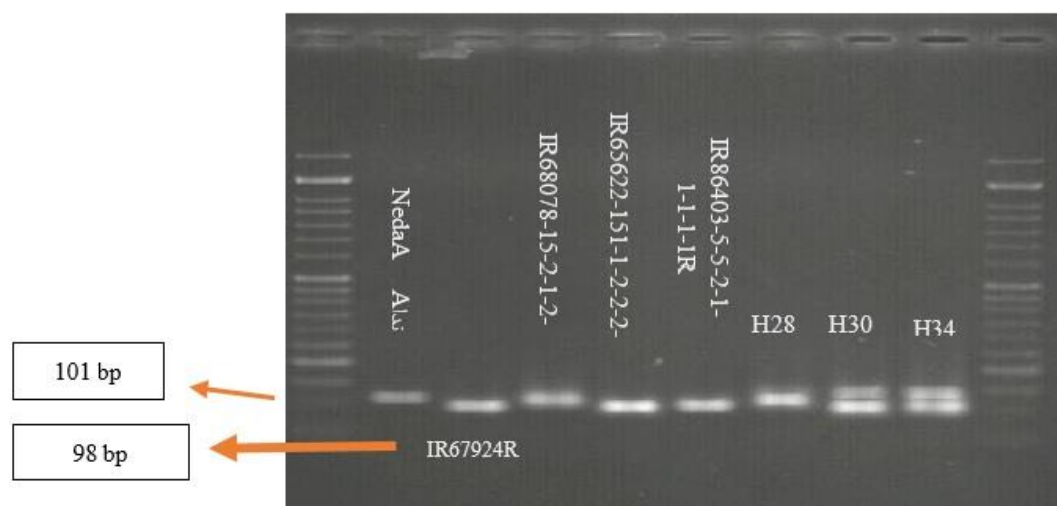
نتایج حاصل از تجزیه مولکولی با نشانگر RM 490 (همبسته با ژن  $Rf_3$ )، چندشکلی واضحی را در بین

لاین IR67924R برای کلیه تلاقی‌ها به عنوان لاین برگرداننده باروری شناسایی شد. در مقابل تلاقی والد Rome با NedaA and Amol3A (CMS5، NematA، ChampaA) کمترین مقدار باروری را داشتند. در تجزیه مولکولی با استفاده از نشانگرهای RM 490 ژن *Rf* تنها در والد IR67924R شناسایی شد. این والد در تلاقی با CMS ها بیش از ۸۰ درصد باروری داشت.

نتایج نشان داد که نشانگر RM 171 در فاصله ۶/۳ سانتی مورگان و پیوسته با ژن *Rf4* قرار دارد (شکل ۶). نعمت‌زاده و کیانی (Nematzadeh and Kiani, 2012) مبنی بر چند شکلی ایجاد شده با نشانگر RM 171 بین لاین نرعقیم جلو دار A و لاین شاهد IR67924R و سه لاین والدینی IR65622-151-1-2-2-2R، IR68078-15-2-2-2R، IR1-2-2-R، IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R همراه با سه هیبرید حاصل از تلاقی لاین‌های والدینی و جلو دار A نشان داد که ژنوتیپ‌های IR68078-15-2-2-2-R و IR65622-151-1-2-2-2R دارای ژن *Rf4* بودند و هیبریدهای آنها نیز به صورت هتروزیگوت این ژن را بروز داده و رقم IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R الگوی نواری مشابه با الگوی نواری جلو دار داشت.

محدوده‌ی ۱۰۱ جفت بازی بود. بر این اساس رقم شاهد نرعقیم (ندا) در محدوده ۱۰۱ جفت باز و رقم شاهد بین‌المللی IR7924R دارای الگوی نواری ۹۸ جفت باز بودند و دارای ژن *Rf3* هستند.

ارقام والدینی IR68078-15-2-1-2-2R الگوی نواری مشابه با رقم شاهد نرعقیم ندا و ارقام IR65622-151-1-2-2-2R، IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R، مشابه با رقم شاهد IR67924 بوده و هیبرید H28 هم الگو با رقم ندا و هیبریدهای H30 و H34 هم الگو با رقم شاهد IR67924 و به صورت هتروزیگوت بودند (شکل ۵). بابائیان جلودار و همکاران (Babaeian Jelodar et al., 2012) در مطالعه مکان‌یابی ژن‌های برگرداننده باروری در برنج گزارش کردند که نشانگر RM 490 نه تنها نوارهای چندشکلی بین نشانگر IR 8899 و آمل ۲ داشت، بلکه پیوستگی بالایی با ژن‌های برگرداننده باروری نیز داشته و اظهار شد که این نشانگر جهت استفاده در برنامه گزینش به کمک نشانگر برای لاین‌های برگرداننده باروری در سیستم CMS-WA بسیار موثر است. در آزمایش قلی‌زاده و همکاران (Gholizadeh et al., 2014)،



شکل ۴- الگوی نواری نشانگر RM 490 برای ارقام والدینی و هیبریدهای برنج حاصل از تلاقی با لاین نرعقیم ندا

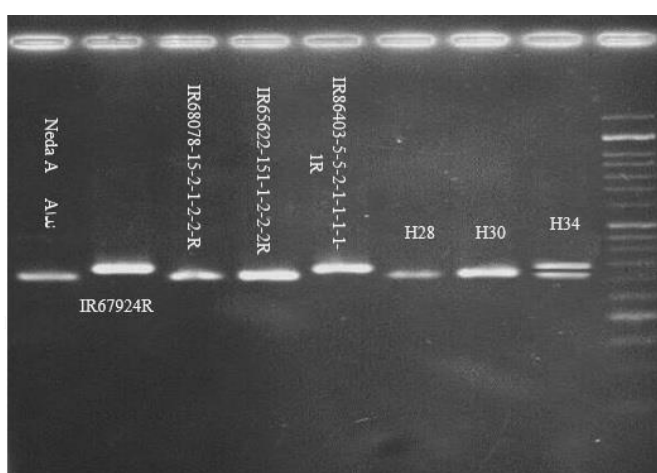
Fig. 4. Banding pattern of RM 490 marker for parental rice cultivars and hybrids resulting from crossing with sterile NedaA line



شکل ۵- چندشکلی ایجاد شده با نشانگر RM 171 بین لاین نرعقیم جلو دار A و لاین شاهد IR67924R و سه لاین والدینی IR65622-151-1-2-2-2R، IR68078-15-2-1-2-2-R، IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R، همراه با سه هیبرید حاصل از تلاقی لاین های والدینی و جلو دار A  
 Fig. 5. Polymorphism of RM 171 marker between the sterile Jelodara line and the control line IR67924R and the three parental lines IR65622-151-1-2-2-2R, IR68078-15-2-1-2-2-R, IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R, along with three hybrids resulting from the crossing of parental lines and JelodaraA

IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R الگوی نواری مشابه الگوی نواری IR67924R داشت (شکل ۶). در آزمایش کیانی (Kiani, 2012) اعتبار سنجی نشانگرهای راپید برای تشخیص ژن های برگرداننده باروری Rf در ژنوتیپ های برنج، رقم ندا به عنوان نگهدارنده عقیمی گزارش شد.

چند شکلی ایجاد شده با نشانگر RM 171 بین لاین نرعقیم ندا A و لاین شاهد IR67924R و سه لاین والدینی IR65622-151-1-2-2-2R، IR68078-15-2-1-2-2-R، IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R همراه با سه هیبرید حاصل از تلاقی لاین های والدینی و ندا A نشان داد که ژنوتیپ



شکل ۶- چند شکلی ایجاد شده با نشانگر RM 171 بین لاین نرعقیم ندا A و لاین شاهد IR67924R و سه لاین والدینی IR65622-151-1-2-2-2R، IR68078-15-2-1-2-2-R، IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R، همراه با سه هیبرید حاصل از تلاقی لاین های والدینی و ندا A  
 Fig. 6. Polymorphism of RM 171 marker between the sterile NedaA line and control line IR67924R and three parental lines IR65622-151-1-2-2-2R, IR68078-15-2-1-2-2-R, IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1R along with three hybrids resulting from crossing of parental lines and NedaA

## نتیجه گیری

مشابه شاهد برگرداننده باروری بودند و هیبریدهای حاصل (H27، H29 و H33) از تلاقی 5-5-5-IR86403-2-1-1-1-1-IR/ Jelodar، IR65622-151-1-2-2-2-2-2-2-R/Jelodar، IR68078-15-2-1-2-2-2-R/Jelodar نیز دارای هر دو الگوی نواری یعنی هتروزیگوت بوده و براساس این نشانگر دارای ژن *Rf4rf4* بودند. نتایج مربوط به نشانگر RM 171 نشان داد که ژنوتیپ‌های IR68078-15-2-1-2-2-2-2-2-2-R و IR65622-151-1-2-2-2-2-2-2-R دارای ژن *Rf4* بودند و هیبریدهای آنها نیز به صورت هتروزیگوت این ژن را بروز دادند. از ارقام برگرداننده باروری شناسایی شده IR68078-15-2-1-2-2-2-2-R، IR65622-151-1-2-2-2-2-2-2-R و IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1-1-1-1R در این تحقیق می‌توان در برنامه تولید برنج هیبرید استفاده کرد.

## سپاسگزاری

بدینوسیله از مجموعه مدیریت و کارکنان پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان بابت در اختیار قرار دادن امکانات پژوهشی مورد نیاز این تحقیق تقدیر و تشکر می‌شود.

نتایج این تحقیق نشان داد که از میان ژنوتیپ‌های برنج، بهترین برگرداننده باروری با ویژگی‌های زراعی مطلوب سه لاین IR8640-3-5-5-2-1-1-1-1-1-1-1R، IR68078-15-2-1-2-2-2-2-R و IR65622-151-1-2-2-2-2-2-2-R بودند که به دلیل بالا بودن تعداد پنجه بارور، تعداد خوشه بارور، وزن هزاردانه و باروری بالای خوشه انتخاب شدند. بهترین هیبریدها با بیشترین میزان عملکرد (بیش از ۷۰۰ گرم در مترمربع) به ترتیب شامل H33، H30، H29، H28 و H27 بودند که به دلیل بیشترین میزان باروری خوشه (بیش از ۸۰ درصد) و بالا بودن تعداد پنجه بارور، تعداد خوشه بارور و وزن هزاردانه بالا انتخاب شده و در نتیجه بهترین لاین‌های نر عقیم شامل ندا و جلودار برای هیبریدهای H30، H29، H28 و H27 بهترین انتخاب بودند و تنها برای هیبرید H33 بهترین نر عقیم جلودار شناسایی شد. نتایج حاصل از نشانگر RM 3148 برای هیبریدهای حاصل از تلاقی ارقام پدری IR68078-15-2-1-2-2-2-2-R، IR65622-151-1-2-2-2-2-2-2-R با لاین IR86403-5-5-2-1-1-1-1-1-1-1-1R، 2-2-2-2-2-2-2-2-2-2-R با لاین نر عقیم جلودار A نشان داد که ارقام پدری دارای الگوی نواری

## References

## منابع مورد استفاده

- Afkhami Ghadi, A., Babaeian Jelodar, N. A. and Bagheri N. A. 2015. Evaluation of sterility stability for some of rice cytoplasmic male sterile lines. *Journal of Crop Breeding*, 7(15), pp.14-23. [In Persian]. <http://dor.org/20/1001.1.22286128.1394.7.15.2.2>
- Afkhami Ghadi, A., Khdemian, R., Nematzadeh, Gh.A. and Jelodar Babaeian, N. A. 2019. Identification of Male Sterile *Seed and Plant Journal*, 35-1(2), pp.121-135. [In Persian]. <http://doi.org/10.22092/sppi.2019.121907>
- Alavi, M., Ahmadikhah, A., Kamkar, B. and Kalateh, M. 2009. Mapping *Rf3* locus in rice by SSR and CAPS markers. *International Journal of Genetics and Molecular Biology*, 1(7), pp.121-126. <http://doi.org/10.5897/IJGMB.9000041>
- Jahani, M., Nematzadeh, Gh. A. Dolatabadi, B. Hashemi., H and Mohammadi-Nejad G. 2014. Identification and validation of functional markers in a global rice collection by association mapping. *Genome*, 57(6), 355-362. <http://doi.org/10.1139/gen-2014-0044>

- Babaeian Jelodar, N. A., Bagheri, N. A., Pasha, A. and Afkhami Ghadi, A. 2012.** Molecular mapping of the fertility restorer genes for WA-type CMS in hybrid rice. 12<sup>th</sup> Iranian Genetics Congress Symposium, Jan. 25, 2012, Shaid Beheshti University, Tehran, Iran. [In Persian]. <https://civilica.com/doc/226779/>
- Babaeian Jelodar, N. A., Bagheri, N. and Nattaj, E. 2005.** Development of new Iranian male sterile and restorer lines for developing three-line rice hybrid and quality of hybrid rice. 5<sup>th</sup> International Rice Genetics Symposium and 3<sup>rd</sup> International Rice Functional Genetics Symposium, Nov. 19-23, 2005, Manila, Philippines.
- Bazrkar, L., Ali, A. J., Babaeian, N. A., Ebadi, A. A., Allahgholipour, M. and Kazamitabar, K. 2008.** Tagging of four fertility restorer loci for wild abortive- cytoplasmic male sterility system in rice (*Oryza sativa* L.) using microsatellite markers. *Euphytica*, 164(3), pp. 669-677. <http://doi.org/10.1007/s10681-008-9667-8>
- Bharaj, T. S., Bains, S. S. and Gagneja, M. R. 1991.** Genetics of fertility restoration of wild abortive cytoplasmic male sterility in rice. (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 56(3), pp.199-203. <http://doi.org/10.1007/bf00042364>
- Nematzadeh, Gh. A. and Kiani, G. 2010.** Genetic analysis of fertility restoration genes for WA type cytoplasmic male sterility in Iranian restorer rice line DN-33-18. *African Journal of Biotechnology*, 9(38), pp.6273-6277. <http://doi.org/10.5897/AJB10.396>
- Eidi Kohanki, M., Kiani, G. and Nematzadeh, Gh. A. 2015.** Morphological and molecular selection of fertility restorer gene(s) in segregating populations of rice. *Plant Production (Scientific Journal of Agriculture)*, 38(2), pp.89-98. [In Persian]. <http://doi.org/10.22055/ppd.2015.11322>
- Gholizadeh Ghara, A., Nematzadeh, Gh. A., Bagheri, N. A., Oladi, M. and Bagheri, A. 2014.** Heritability and heterosis of agronomic traits in rice lines. *International Journal of Farming and Allied Sciences*, 3(1), pp.66-70.
- IRRI. 2013.** Standard Evaluation System for Rice. International Rice Research Institute, Manila, Philippines. <http://www.knowledgebank.irri.org/images/docs/rice-standard-evaluation-system.pdf>
- Kiani, G. 2012.** Evaluation of genetic distances of rice cultivars using RAPD markers. *Agricultural Biotechnology Journal*, 5(4), pp.165-173. [In Persian]. <http://doi.org/10.22103/JAB.2014.1229>
- Kiani, G. 2015.** Validation of SSR markers linked to restoring fertility (*Rf*) genes and genotyping of rice lines at *Rf* Loci. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 17: pp.1931-1938. <http://dor.org/20.1001.1.16807073.2015.17.7.18.1>
- Kiani, G. 2018.** Identification of fertility restoring and maintenance cultivars in rice using SSR marker. *Journal of Plant Production*, 40(1), pp.81-86. [In Persian]. <http://doi.org/10.22055/ppd.2016.12363>
- Lu, H., Redus, M. A., Coburn, JR., Rutger, J. N., McCouch, S. R. and Tai, T. H. 2005.** Population structure and breeding patterns of 145 us rice cultivars based on SSR marker analysis. *Crop Science*, 45(1), pp.66-67. <http://doi.org/10.2135/cropsci2005.0066>
- Mallikarjuna, B. P., Shivakumar, N., Hitalmani, S., Prahalada, G.D., Lohithaswa, H. C. and Krishnappa,**



- M. P. 2013.** Validation of SSR markers linked to fertility rest oration in rice (*Oryza sativa* L.). *Research on Crops*, 14(2), pp.324-329.
- McCouch, S. R., Teytelman, L., Xu, Y., Lobos, K. B., K, Clare, Walton, M., Fu, B., Maghirang, R., Li, Z. and Xing, Y. 2002.** Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). *DNA Research*, 9, 257-279. <http://doi.org/10.1093/dnares/9.6.199>
- Nematzadeh, Gh. A. Ali, A. J., Sattari, M., Valizadeh, A., Alinejad, E. and Nouri, M. Z. 2006.** Relationship between different allogamic associated trait characteristics of the five newly developed cytoplasmic male sterile (CMS) lines in rice. *Journal of Central European Agriculture*, 7(1), pp.49-56. <https://jcea.agr.hr/en/issues/article/317>
- Nematzadeh, Gh. A. and Kiani, G. 2010.** Genetic analysis of fertility restoration genes for WA- type cytoplasmic male sterility in Iranian restorer rice line DN-33-18. *African Journal of Biotechnology*, 9(38), pp. 6273-6277. <http://doi.org/10.5897/AJB10.396>
- Nematzadeh, Gh. A. and Kiani, G. 2012.** Tagging of fertility-restoring genes in Iranian restorer rice promising line DN-33-18. *Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 25(1), pp.95-103. [In Persian]. <https://www.sid.ir/paper/214916/fa>
- Nematzadeh, Gh. A. and Tariz, A. 2002.** Hybrid Rice Seed Production. Mazandaran University Publications. [In Persian]. <https://www.adinehbook.com/gp/product/9646433332>.
- Pathaichindachote, W., Panyawut, N., Sikaewtung, K., Patarapuwadol, S. and Muangprom, A. 2019.** Genetic diversity and allelic frequency of selected Thai and exotic rice germplasm using SSR markers. *Rice Science*, 26(6), pp.393-403. <http://doi.org/10.1016/j.rsci.2018.11.002>
- Pishnamazzade Emami, M., Ebadi, A. A., Mohibalipour, N., Nourafkan, H. and Ajali, J. 2020.** Grouping rice recombinant inbred lines using cluster and principal component analysis methods. *Cereal Research*, 10(1), pp.1-17. [In Persian]. <http://doi.org/10.22124/cr.2020.16522.1602>
- Revathi, P., Singh, A. K., Sundaram, R. M and Neeraja, C.N. 2020.** Conversion of partial restorer Swarna into restorer by transferring fertility restorer *Rf* gene(s) through marker assisted back cross breeding (MABB) in rice. *Scientific Reports*, 10(1). <http://doi.org/10.1038/s41598-020-58019-1>
- Sattari, M., Kathiresan, A., Glenn, B. G. and Virmani, S.S. 2007.** Comparative genetic analysis and molecular mapping of fertility restoration genes for WA, Disisi and Gambica cytoplasmic male sterility systems in rice. *Euphytica*, 160(3), pp.305-315. <http://doi.org/10.1007%2Fs10681-007-9498-z>
- Singh, V., Panwar, G. S., Singh, J. 2013.** Validation of SSR markers for fertility gene in drought tolerant advanced breeding lines of rice (*Oryza sativa* L). *Crop Research*, 45(1,2&3), pp.66-77. <https://krishi.icar.gov.in/jspui/bitstream/123456789/49757/1/Validation>
- Sruthi, K., Divya, B. P., Senguttuvel, P., Revathi, K. B., Kemparaju, P., Koteswararao, P., Sundaram, R., Singh, V., Ranjith Kumar, E., Bhowmick, P., Vinod. K., Gopala Krishnan, S., Singh, A. and Hari**

- Prasad, A. S. 2020.** Evaluation of genetic diversity of parental lines for development of heterotic groups in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 29(2), pp.236-252. <http://doi.org/10.1007/s13562-019-00529-9>
- Temnykh, S., DeClerek, G., Lukashova, A., Lipovich, L., Cartinhoour, S. and McCouch, SR. 2001.** Computational and experimental analysis of microsatellite in rice (*Oryza sativa* L.): Frequency, length variation, transposon associations and genetic marker potential. *Genome Research*, 11(8), pp.1441-1452. <http://doi.org/10.1101/gr.184001>
- Virmani, S. S. and Wan, B. H. 1988.** Development of CMS Lines in Hybrid Rice Breeding, *In: Hybrid rice, Proceedings of the International Symposium on Hybrid Rice, 6-10 Oct. 1986, Changsha, Hunan, China.* International Rice Research Institute, Manila, Philippines. [http://books.irri.org/9711042088\\_content.pdf](http://books.irri.org/9711042088_content.pdf)
- Virmani, S. S., Viraktamath, B. C., Casal, C. L., Toledo, R. S., Lopez, M. T. and Manola, J. O. 1997.** Hybrid Rice Breeding Manual: HR2 01. International Rice Research Institute, Manila, Philippines. [http://books.irri.org/9712201031\\_content.pdf](http://books.irri.org/9712201031_content.pdf)

## Identification of suitable fertility restorer lines for development of hybrid rice (*Oryza sativa* L.)

Mahdikhani. H.<sup>1</sup>, Gh. Nematzadeh<sup>2</sup>, N. Bagheri<sup>3</sup>, A. Afkhami Ghadi<sup>4</sup>

### ABSTRACT

Mahdikhani. H., Gh. Nematzadeh, N. Bagheri, A. Afkhami Ghadi. 2023. Identification of suitable fertility restorer lines for development of hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *Iranian Journal of Crop Sciences*. 25(1): 1-19. (In Persian).

One of the main priorities of using heterosis for development of hybrid rice is to identify the suitable fertility restorer lines. Therefore, to identify suitable fertility restorer lines and evaluate rice hybrids, 36 F<sub>1</sub> hybrids developed from crossing of two cytoplasmic male sterile lines, JelodarA and NedaA, together with 13 lines from local cultivars and four foreign fertility restorer lines as paternal lines as well as JelodarA and NedaA, as second crop, using randomized complete block design in three replications in the research farm of Tabaristan Genetics and Agricultural Biotechnology Research Institute, Sari, Iran, in 2019 and 2020. Mean comparison of morphological traits of F<sub>1</sub> hybrids showed that the highest fertility and grain yield belonged to H28, H27, H33, H30 and H29 hybrids, which was mainly due to high fertile tiller number, 1000-grain weight and high panicle fertility. Using SSR molecular markers including RM 171, RM 490 and RM 3148 associated with the fertility restorer genes *Rf3* and *Rf4* for selection of superior hybrids revealed that RM 3148 marker could identify superior hybrids resulted from crossing of paternal lines IR68078-15-2-1-2-2-R, IR65622-151-1-2-2-2R and IR86403-5-5-2-1-1-1-1R with male sterile JelodarA which had similar band as fertility control restorer line and H27, H29 and H33 hybrids. These hybrids had both bands i.e. heterozygous, and based on this marker they carry *Rf4rf4* alleles. RM 171 marker also showed the likely presence of *Rf4* gene in IR 68078-15-2-1-2-2-R and IR 65622-151-1-2-2-2-R lines and hybrids developed from them. The F<sub>1</sub> hybrids had both alleles in heterozygous from *Rf4rf4*. The results of this experiment showed that IR65622-151-1-2-2-2R was the suitable fertility restorer line for NedaA cytoplasmic male sterile, and IR68078-15-2-1-2-2-R and IR86403-5-5-2-1-1-1-1R were suitable fertility restorer lines for JelodarA cytoplasmic male sterile. These fertility restorer lines and cytoplasmic male sterile genotypes can be used in hybrid rice development programs.

**Key words:** Cytoplasmic male sterility, Fertility restorer lines, Grain yield, Hybrid rice and SSR markers

Received: March, 2023 Accepted: June, 2023

1. Former MSc Student, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran (Corresponding author) (Email: hamidehmahdikhani0@gmail.com)

2. Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Tabaristan Agricultural Genetics and Biotechnology Research Institute, Sari, Iran

3. Associate Prof., Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran

4. Graduated PhD Student of Imam Khomeini International University, Researcher in Tabaristan Agricultural Genetics and Biotechnology Research Institute, Sari, Iran