

## شناسایی نشانگرهای RAPD پیوسته به ژن نر عقیمی ژنتیکی در چغندر قند (*Beta vulgaris L.*)

لیلا خدائی<sup>۱</sup>، حشمت الله رحیمیان<sup>۲</sup>، رضا امیری<sup>۳</sup>، محمود مصباح<sup>۴</sup>،

اصغر میرزائی اصل<sup>۵</sup> و سید کمال کاظمی تبار<sup>۶</sup>

### چکیده

نر عقیمی ژنتیکی صفتی است که در چغندر قند به وسیله یک جفت آلل مغلوب (aa) کترل می‌شود. وجود صفت نر عقیمی ژنتیکی در یک رگه یا جمعیت چغندر قند موجب تسهیل در انجام تلاقي‌های لازم در انتقال صفات مهم نظیر مقاومت به بیماری‌ها می‌شود. هم‌چنین با استفاده از نر عقیمی ژنتیکی می‌توان تنوع ژنتیکی جمعیت‌های تک‌جوانه چغندر قند را افزایش داد. چنانچه صفت نر عقیمی ژنتیکی را بتوان با نشانگرهای مولکولی نشانمند نمود زمان و هزینه‌ای که برای انتقال آن به یک زمینه ژنتیکی دیگر لازم است، به شدت کاهش می‌یابد. در این بررسی، برای نشانمند کردن ژن نر عقیمی ژنتیکی از ۳۰۲ آغازگر RAPD به همراه روش BSA استفاده شد. از مخلوط DNA ۸ گیاه نر بارور و ۸ گیاه نر عقیم از دو جمعیت ۲۳۱ و ۲۶۱ استفاده شد. ابتدا آغازگرها روی توده‌ها آزمون گردید و پس از شناسایی آغازگرها چند شکل در بین دو توده، این آغازگرها روی تک بوته‌های تشکیل دهنده هر کدام از توده‌ها آزمون شدند. چنانچه در این مرحله هم چند شکلی آغازگر تائید شد، در مرحله بعدی از آن در آزمون بقیه تک بوته‌های دو جمعیت ۲۳۱ و ۲۶۱ استفاده گردید. در پایان ۱۰ نشانگر در جمعیت ۲۳۱ و ۶ نشانگر در جمعیت ۲۶۱ شناسایی شد که فاصله آنها از مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی کمتر از ۵۰ سانتی‌مترگان بود. از میان این نشانگرها، نشانگر ناجفت AB کمترین فاصله را با مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی داشت. این نشانگر فقط ۳ نوترکیبی در جمعیت ۲۳۱ و یک نوترکیبی در جمعیت ۲۶۱ نشان داد، در نتیجه فاصله این نشانگر از مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در مجموع این دو جمعیت برابر ۵/۳ سانتی‌مترگان برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه توده در حال تفرق، چغندر قند، نر عقیمی ژنتیکی، نشانگر RAPD

۱. دانشجوی سابق کارشناس ارشد بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مازندران

۲. استاد بیماری‌های گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مازندران

۳. استادیار اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، پردیس ابوریحان

۴. دانشیار پژوهش مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند، کرج

۵. دانشجوی سابق دکتری اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

۶. استادیار اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مازندران

**مقدمه**

زراعی، مقاومت به بیماری‌ها (۱۳، ۲۱، ۲۴، ۲۵ و ۲۹) و نر باروری (۱۷) مورد استفاده قرار گرفته‌اند. چنین نشانگرهای پیوسته‌ای می‌تواند برای انتخاب به کمک نشانگر در برنامه‌های اصلاحی (۱۴) و نیز برای غربال کردن کتابخانه‌های ژنومی جهت کلون کردن بر پایه نقشه به کار گرفته شود (۲۶ و ۳۳). استفاده از نشانگرهای RFLP برای انتخاب به کمک نشانگر پرهزینه و وقت‌گیر می‌باشد (۴، ۱۷، ۲۰ و ۳۵). نشانگرهای AFLP نیز پرزحمت بوده (۲۸ و ۳۶) و هزینه بالای دارند. تاکنون مطالعاتی محدود و تنها با استفاده از چند جفت آغازگر و نشانگر SSR در چغندر قند انجام گرفته است. درتنها نقشه SSR ارائه شده برای چغندر قند، توالی آغازگرها در دسترس نمی‌باشند (۳۰). برای استفاده از نشانگرهای SSR لازم است آرشیوهای DNA از ژنوم چغندر قند تهیه نموده و کلون‌های حاصل را تعیین توالی نمود. سپس آغازگرها می‌توانند براساس توالی‌های مجاور SSR قابل طراحی می‌گردند (۳۰).

مزیت بزرگ روش RAPD عدم نیاز به وجود اطلاعات در مورد ژنوم برای طراحی آغازگرها می‌باشد (۱۶ و ۳۶). علاوه بر این نشانگرهای RAPD سریع و ارزان بوده و تهیه آنها آسان می‌باشد (۱۰ و ۱۵). با وجود این برای استفاده از نشانگرهای RAPD، در برنامه‌های اصلاحی به کمک نشانگر، بهتر است این نشانگرها را به نشانگرهای تکرارپذیر SCAR تبدیل نمود (۴ و ۲۴).

هدف از پژوهش حاضر، شناسایی نشانگرهای RAPD پیوسته به ژن نرعمی ژنتیکی در چغندر قند بوده است. در این پژوهش برای شناسایی ژن نرعمی ژنتیکی از نشانگر RAPD با روش تجزیه توده در حال تفرق (Balked segregant analysis:BSA)

چغندر قند (*Beta vulgaris* L.) از منابع مهم تأمین ساکاراز در دنیا می‌باشد. یکی از عوامل مهم برای افزایش تولید ساکاراز در دنیا، تهیه ارقام پر محصول چغندر قند و در درجه اول ارقام هیبرید است. در تهیه ارقام هیبرید به مکانیسمی برای کنترل گرده افشاری نیاز است. این مکانیسم در بسیاری از گیاهان زراعی توسط نرعمی فراهم گردیده است (۱).

عدم تولید بساک یا دانه‌های گرده فعال، نرعمی نامیده می‌شود. نرعمی می‌تواند ژنتیکی (Genetic male sterility)، سیتوپلاسمی (Cytoplasmic male sterility) و یا ژنتیکی - سیتوپلاسمی (Genetic- cytoplasmic male sterility) باشد (۲). نرعمی ژنتیکی چغندر قند برای اولین بار توسط آون (Owen) در سال ۱۹۵۲ شناسایی شد. وی این نوع نرعمی موجب تسهیل در انجام تلاقی‌های لازم در برنامه‌های اصلاحی همچون تلاقی برگشتی می‌شود. هم‌چنین نرعمی ژنتیکی امکان کاربرد انتخاب دوره‌ای در جمیعت‌های تک‌جوانه‌ای را فراهم می‌کند و سبب افزایش تنوع ژنتیکی آنها می‌گردد. بوسمارک در سال ۱۹۷۰ یک روش انتخاب دوره‌ای را در چغندر قند با استفاده از ژن نرعمی ژنتیکی معرفی نمود (۵).

یک نشانگر مولکولی برای یک ژن خاص قسمتی از DNA است که کاملاً با ژن مورد نظر پیوسته باشد. بنابراین هر گیاه که حاوی یک نشانگر خاص باشد، حاوی ژن پیوسته به آن نیز خواهد بود (۹). چنانچه پیوستگی قوی بین نشانگر و مکان ژنی کنترل کننده صفت وجود داشته باشد اصلاح‌گران می‌توانند از نشانگرهای مولکولی جهت انتخاب غیرمستقیم افراد در جمیعت‌های در حال تفرق استفاده کنند (۸ و ۳۰).

نشانگر RAPD (Random amplified polymorphic DNA) یکی از نشانگرهای مولکولی است که با توجه به سادگی و سهولت، استفاده از آن در بسیاری از آزمایشگاه‌ها عمومیت پیدا کرده است (۲۰). نشانگرهای RAPD برای شناسایی نشانگرهای پیوسته با ژن‌های کنترل کننده صفات مهم

## مواد و روش‌ها

### مواد گیاهی

در این پژوهش از جمیعت‌های اتایپ (O-type) ۲۳۱ و ۲۶۱

بروماید رنگ آمیزی و به کمک دستگاه ترانس ایلو میناتور مشاهده و عکس برداری گردید.

#### تجزیه توده در حال تفرق (BSA)

مقادیر مساوی DNA از ۸ بوته نر عقیم و ۸ بوته نر بارور در هر جمعیت با یکدیگر مخلوط و ۴ توده تشکیل گردید (۲ توده نر عقیم و ۲ توده نر بارور). سپس با استفاده از ۳۰۲ نشانگر RAPD چندشکلی بین توده‌های فوق در مورد هر دو جمعیت ۲۳۱ و ۲۶۱ مورد بررسی قرار گرفت. در مرحله بعد آغازگرهای چند شکل ابتدا برای غربال بوته‌های تشکیل دهنده توده‌ها به کار رفت و آغازگرهایی که چند شکلی آنها در این مرحله تأیید شد روی سایر بوته‌های دو جمعیت آزمون شدند (۲۲). توالی نوکلئوتیدی آغازگرهایی که برای تکثیر نشانگرهای با فاصله کمتر از ۵۰ سانتی مترگان از ژن نر عقیمی ژنتیکی بوده است، در جدول ۱ آمده است.

#### تجزیه و تحلیل آماری

از آزمون کای اسکور (Square  $\chi^2$ ) تصحیح شده یتر (Yates) برای مقایسه نسبت مورد انتظار و مشاهده شده نشانگرها استفاده شد، زیرا درجه آزادی این آزمون برابر یک بود (۳۱). فاصله نشانگرهای RAPD و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی با استفاده از فراوانی بوته‌های نوترکیب تعیین گردید (۳، ۴ و ۲۷).

#### نتایج و بحث

برای شناسایی نشانگرهای RAPD پیوسته با مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی،  $\lambda$ -DNA ۸ گیاه نر بارور و ۸ گیاه نر عقیم در دو جمعیت ۲۳۱ و ۲۶۱ با نسبت مساوی با یکدیگر مخلوط گردیده و هر کدام یک توده یا خزانه را تشکیل داد. چاگو و همکاران (۶) معتقدند که مخلوط کردن تعداد زیادی از افراد برای ساخت توده، باعث کاهش احتمال مشاهده تفاوت بین دو توده برای نواحی غیر از نواحی مجاور ژن هدف می‌گردد. از طرف دیگر،

مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند کرج استفاده شد که برای صفت نر عقیمی ژنتیکی در حال تفرق و معادل جمعیت  $F_2$  می‌باشند. پس از ظهور گل‌ها، حداقل ۳۰ بوته نر عقیم و ۶۰ بوته نر بارور از داخل هر جمعیت شناسایی گردیده و از آنها نمونه برگی تهیه شد.

#### DNA استخراج

استخراج DNA به روش پیشنهادی تنکسلی و همکاران با اصلاحات واندریک و همکاران انجام گرفت (۳۴ و ۳۷). غلاظت DNA با استفاده از اسپکتروفوتومتر (Spectrolab M350) در طول موج ۲۶۰ نانومتر و کیفیت آن نیز با استفاده از الکتروفوروز در ژل آگارز ۱ درصد تعیین گردید.

#### تجزیه RAPD

واکنش RAPD در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر انجام شد. آغازگرهای مورد استفاده شامل ۱۸۲ آغازگر از کیت AB (Advanced Biotechnology)، ۱۰۰ آغازگر از کیت UBC (University of British Colombia) و ۲۰ آغازگر از کیت Operon kit(OP) بودند. مخلوط واکنش حاوی: ۱/۵ میلی مولار  $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی مولار dNTPs (از نماینده شرکت Fermentas در ایران، شرکت سیناژن)، بافر واکنش ۱×، واحد آنزیم پلیمراز تک (Taq Polymerase) (شرکت سیناژن)، ۲۵ نانوگرم آغازگر و ۵۰ نانوگرم  $\lambda$ -DNA در گو بود. واکنش در ترموسایکلر بیومتر (Biometra T3 thermocycler) و طبق برنامه زیر انجام گرفت: ۱) ۵ دقیقه در ۹۴ درجه سانتی گراد، ۲) ۴۵ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی گراد، ۳) ۴۵ ثانیه در ۳۴/۵ درجه سانتی گراد، ۴) ۸۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد و ۵) ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد که مراحل ۲ تا ۴، ۳۹ بار تکرار گردید. فراوردهای واکنش به وسیله الکتروفوروز روی ژل آگارز ۱/۲ درصد در بافر TAE شامل Tris-acetate ۰/۰۱ مولار، EDTA ۰/۰۰۱ مولار، جداسازی گردید. پس از الکتروفوروز، ژل در محلول حاوی  $1\text{ }\mu\text{g/ml}$  اتیدیوم

جدول ۱. توالی نوکلئوتیدی آغازگرها بی که برای تکثیر نشانگرهایی که فاصله آنها با ژن نرعقیمی ژنتیکی کمتر از ۵۰ سانتی مورگان بوده است.

آغازگر	توالی نوکلئوتیدی
AB ۱-۹	TGGCCGACTC
AB ۱-۱۲	CCTACACGCA
AB ۳-۴	CCGTTCACGG
AB ۳-۱۷	ACGGGAGTTTC
AB ۴-۹	TCCGTCGCAA
AB ۴-۱۰	TCACTGCGCC
AB ۶-۵	GGCACCGACA
AB ۶-۶	AAGCGTCACC
AB ۶-۱۴	GGTGCATCTG
AB ۹-۱۸	TGTGGTGCCT
AB ۸-۱۸	TCGGCGAACCC
AB ۳-۱	CCCGGCATAA
AB ۳-۱۴	CACCCGGATG
AB ۲-۱۲	TTATCGCCCC
AB ۶-۱۵	AGTCGCCCTT
AB ۸-۴	CTATCCTGCC
UBC ۲۴۵	GCGTGACCCG
AB ۳-۱۲	GTCCCCTGGT
OPR-۶	GTCTACGGCA
AB۲	AACCCTGACC

تعداد ۵۳ و ۶۲ آغازگر حداقل دارای یک نوار چند شکل به ترتیب درین توده‌های متقابل جمعیت‌های ۲۳۱ و ۲۶۱ بودند. وجود تعداد نشانگرهای چند شکل بیشتر در جمعیت ۲۶۱ ممکن است ناشی از زیادتر بودن تنوع این ژرمپلاسم باشد.

برای تعیین تکرارپذیری نشانگرهای چند شکل شناسایی شده، آغازگرهای مربوطه مجدداً روی توده‌های متقابل دو جمعیت آزمون شد. در پایان این مرحله ۲۸ آغازگر که اکثرًا در هر دو جمعیت چند شکلی نشان داده بودند، مشخص گردیدند. از این تعداد، یک آغازگر دارای ۴ نوار چند شکل، ۲ آغازگر دارای ۳ نوار چند شکل، ۷ آغازگر دارای ۲ نوار چند

میشل مور و همکاران (۲۲) و همچنین گیوانونی و همکاران (۱۱) پیشنهاد کردند که افزایش اندازه توده می‌تواند سبب کاهش خطای نوع اول گردد.

در مرحله بعد هر توده با استفاده از ۳۰۲ آغازگر تصادفی ده نوکلئوتیدی RAPD و بر اساس روش BSA (۲۲) مقایسه گردید. حدود ۲۰ درصد از آغازگرها (۶۰ آغازگر) توده‌های DNA را تکثیر نکردند، بقیه آغازگرها (۲۴۲) حدود ۱۹۰ نوار در هر جمعیت تولید کردند. عدم تکثیر تعدادی از نشانگرهای می‌تواند به دلیل داشتن فقط یک محل اتصال یا زیاد بودن فاصله محل‌های اتصال متواالی روی ژنوم چغندر قند باشد.

خودناسازگاری (۱، ۳۲ و ۳۹)، حذف انتخابی گامتهای ماده (۳۲) و یا در اثر تفاوت‌های شایستگی بین زیگوت‌ها می‌باشد (۱۰ و ۳۹). با توجه به این که در ژنوم چغندر قند چندین ژن کشنده به خصوص بر روی کرموزوم‌های ۱، ۲ و ۵ یا گروههای پیوستگی ۱، ۵، ۶ و ۸ (۲۸) گزارش شده است و در ضمن مکان کرموزومی نشانگرهای RAPD نامشخص می‌باشد (۳۸)، پیوستگی نشانگرهای و مکان‌های ژنی کشنده می‌تواند وجود انحراف تفرق را توجیه نماید (۱).

در صد نوترکیبی بین نشانگرهای و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در دو جمعیت ۲۲۱ و ۲۶۱ چغندر قند محاسبه گردید (جدول ۲). تعداد بوته‌های نوترکیب برای نشانگرهای جفت برابر جمع تعداد بوته‌های نربرور فاقد نشانگر و بوته‌های نر عقیم واجد نشانگر و تعداد بوته‌های نوترکیب برای نشانگر ناجفت معادل دو برابر تعداد بوته‌های عقیم فاقد نشانگر بود. چون RAPD یک نشانگر غالب است (۱۰، ۱۵ و ۳۶) و برای نشانگر ناجفت امکان تعیین تعداد بوته‌های نوترکیب در بین گیاهان بارور وجود ندارد در مورد برخی از نشانگرهای حداقل در یک گروه از ژنوتیپ‌ها (نربرور یا نر عقیم) فراوانی بوته‌های نوترکیب (در صد نوترکیبی) بیشتر از ۵۰ درصد بود (جدول ۲). بنابراین فاصله نشانگرهای مذکور و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی حداقل ۵۰cM می‌باشد. در مرحله بعد با استفاده از فراوانی بوته‌های نوترکیب (۲۷، ۴ و ۲)، فاصله تقریبی نشانگرهای RAPD و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در مورد نشانگرهایی که در آنها در هر دو گروه از ژنوتیپ‌ها نربرور و نر عقیم حداقل در یکی از دو جمعیت فراوانی نوترکیبی کمتر از ۵۰ درصد بود، محاسبه گردید. این محاسبه به تفکیک برای دو جمعیت ۲۲۱ و ۲۶۱ و در مجموع دو جمعیت انجام گردید (جدول ۳). از میان آغازگرها نشانگر ۶۰۰۱-۶۰۱۸-AB نزدیک ترین نشانگر به مکان ژنی مورد نظر بود. فاصله این نشانگر و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در جمعیت ۲۲۱، به طور تقریبی برابر ۵cM و در جمعیت ۲۶۱، به طور تقریبی برابر ۳/۱ cM محاسبه شد. در

شکل و بقیه آغازگرها هر کدام دارای یک نوار چند شکل بودند. در مجموع ۴۲ نوار چند شکل تولید شد که ۲۲ عدد از آنها در توده نر عقیم (نشانگر ناجفت (Repulsion)) و ۲۰ عدد باقی‌مانده در توده نربرور (نشانگر جفت (Coupling)) وجود داشتند.

در نهایت، آغازگرها چند شکل شناسایی شده بر روی DNA تک بوته‌های تشکیل دهنده توده‌های متقابل (۸ بوته نربرور و ۸ بوته نر عقیم از هر جمعیت) و سایر بوته‌های نر عقیم و نربرور جمعیت‌ها آزمون گردید (در حداقل ۵۴ بوته نر عقیم و ۷۴ بوته نربرور دیگر). برای نام‌گذاری نشانگرها بعد از علامت اختصاری سازنده آغازگر و شماره آغازگر در مجموعه مورد استفاده، اندازه نوار ایجاد شده به همراه علامت اختصاری ۱ یا ۲ (به ترتیب به معنای نشانگر ناجفت و جفت) ذکر گردید. پس از به دست آمدن اطلاعات مربوط به نشانگرهای ابتدا نحوه تفرق آنها با استفاده از آزمون کای اسکور تصحیح شده در هر دو جمعیت بررسی گردید. از آنجایی که انتخاب بوته‌های مورد مطالعه به صورت تصادفی نبوده است، انتظار می‌رفت، آزمون کای اسکور برای بررسی نحوه تفرق نشانگرها در بسیاری از موارد معنی‌دار شود. با وجود این، آزمون کای اسکور تصحیح شده برای فرض ۱:۳ در مورد نشانگرها انجام گرفت که نتایج حاصله موضوع فوق را تأیید کرد. برای مثال در جمعیت ۲۳۱ حدود ۴۵ درصد از نشانگرها از نسبت موردنظر انتظار مندلی انحراف نشان دادند. بنابراین نتیجه‌گیری شد که حداقل درصدی از انحراف تفرق (Segregation distortion) مشاهده شده برای نشانگرها مورد بررسی ناشی از تصادفی نبودن بوته‌های انتخابی بوده است. البته بخشی از این موضوع نیز ممکن است مربوط به ماهیت ژنوم چغندر قند باشد. برای مثال، یوفف و ریکی (۳۵) و امیری (۱) میزان انحراف تفرق نشانگرهای RAPD را در جمعیت  $F_2$  به ترتیب در حدود ۲۳ و ۲۱ درصد گزارش نموده و این امر را ناشی از ماهیت ژنوم چغندر قند دانسته‌اند. این موضوع احتمالاً به دلیل حذف انتخابی گامتهای نر در نتیجه عقیمی دانه گرده یا

جدول ۲. درصد نو ترکیبی (%) بین نشانگرهای RAPD و مکان ژنی نرعقیمی ژنتیکی در جمعیت ۲۳۱ و ۲۶۱ چهندرقند

نشانگر	جمعیت ۲۳۱			جمعیت ۲۶۱		
	تعداد گیاهان آزمون شده	نرعقیم	نریارور	تعداد گیاهان آزمون شده	نرعقیم	نریارور
AB ۳-۱-۸۰۰۱	۲۱	۶۶	—	۳۳	۵۲	—
AB ۸-۱۸-۶۰۰۱	۸۲	۸	—	۶۲	۳	—
AB ۳-۱۴-۸۰۰۱	۲۸	۷۰	—	۲۸	۵۳	—
AB ۱-۹-۵۰۰۰C	۲۷	۵۷	۲۳	۲۴	۴۱	۱۶
AB ۲-۱۲-۹۵۰۰C	۲۰	۳۸	۵۷	۳۹	۳۱	۹۰
AB ۶-۱۵-۹۰۰۱	۲۳	۵۰	—	۳۰	۶۴	—
AB ۶-۶-۹۰۰۱	۵۰	۲۰	—	۲۲	۷۰	—
AB ۱-۱۲-۴۸۰۱	۵۷	۳۴	—	۳۴	۳۴	—
AB ۸-۴-۸۵۰۰C	۳۶	۴	۱۰۰	۲۴	۳۱	۵۰
AB ۴-۹-۱۵۵۰۱	۲۳	۲۵	—	۲۵	۶۶	—
AB ۶-۱۴-۸۵۰۱	۳۱	۲۹	—	۳۰	۳۵	—
AB ۶-۱۴-۱۱۵۰۱	۳۱	۷۰	—	۳۰	۷۰	—
AB ۳-۴-۱۱۰۰۱	۶۸	۳۶	—	۳۴	۲۳	—
UBC ۲۴۵-۱۲۰۰۱	۳۰	۵۰	—	—	—	—
AB ۳-۱۷-۱۸۰۰C	۲۸	۴۶	۴۰	۲۹	۳۶	۵۶
AB ۲-۸۵۰۰C*	۵۰	۸۰	۱۷	—	—	—
AB ۲-۱۶۰۰C*	۵۰	۴۰	۳۱	—	—	—
AB ۲-۱۷۰۰C*	۵۰	۷۳	۲۲	—	—	—
AB ۴-۱۰-۷۵۰۰C	۲۵	۴۱	۴۶	۲۸	۳۸	۶۶
AB ۴-۱۰-۱۳۵۰۰C	۲۵	۲۵	۶۹	۲۸	۴۶	۷۳
AB ۴-۱۸-۱۱۰۰۱	۳۱	۳۳	—	۲۷	۵۰	—
AB ۳-۱۲-۲۵۰۰C*	—	—	—	۲۷	۱۸	۶۲
AB ۶-۵-۱۱۵۰۰C*	—	—	—	۲۹	۳۳	۴۷
OPR-۶-۱۱۰۰C*	۴۶	۲۳	۷۲	—	—	—

\*: بیانگر نشانگر ناجفت و C: بیانگر نشانگر جفت است.

\*: این نشانگرهای جفت ابتدا بر روی برخی از بوته‌های یکی از دو جمعیت آزمون شد. نظر به این که فراوانی نوترکیبی در مورد آنها زیاد بود، از بررسی این نشانگرهای جفت در جمعیت دیگر صرف نظر گردید.

جدول ۳. فاصله تقریبی نشانگرهای RAPD (بر حسب سانتی مورگان) و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در جمعیت‌های ۲۳۱ و ۲۶۱ چغندر قند

نشانگر	جمعیت			نشانگر	جمعیت		
	۲۳۱	۲۶۱	کل		۲۳۱	۲۶۱	کل
AB ۸-۱۸-۶۰۰۲	۶/۸	۳/۱	۵/۳	AB ۳-۴-۱۱۰۰۲	۲۸/۹	۱۸/۷	۲۴/۵
AB ۶-۵-۱۱۵۰۰	—	۴۱/۳	—	AB ۴-۹-۱۵۵۰۲	۱۴/۲۸	—	—
AB ۱-۹-۵۰۰۰	—	۲۹/۱	—	AB ۳-۱۷-۱۸۰۰۰	۴۲/۸	—	—
AB ۶-۱۴-۸۵۰۲	۱۸/۹	۲۱/۸	۲۰/۱	AB ۲-۱۶۰۰۰	۳۴	—	—
AB ۶-۶-۹۰۰۲	۱۳/۳	—	—	AB ۴-۱۰-۷۵۰۰	۴۴	—	—
AB ۱-۱۲-۴۸۰۲	۲۸/۲	۲۸/۱	۲۸/۲	AB ۹-۱۸-۱۱۰۰۲	۲۰/۷	—	—

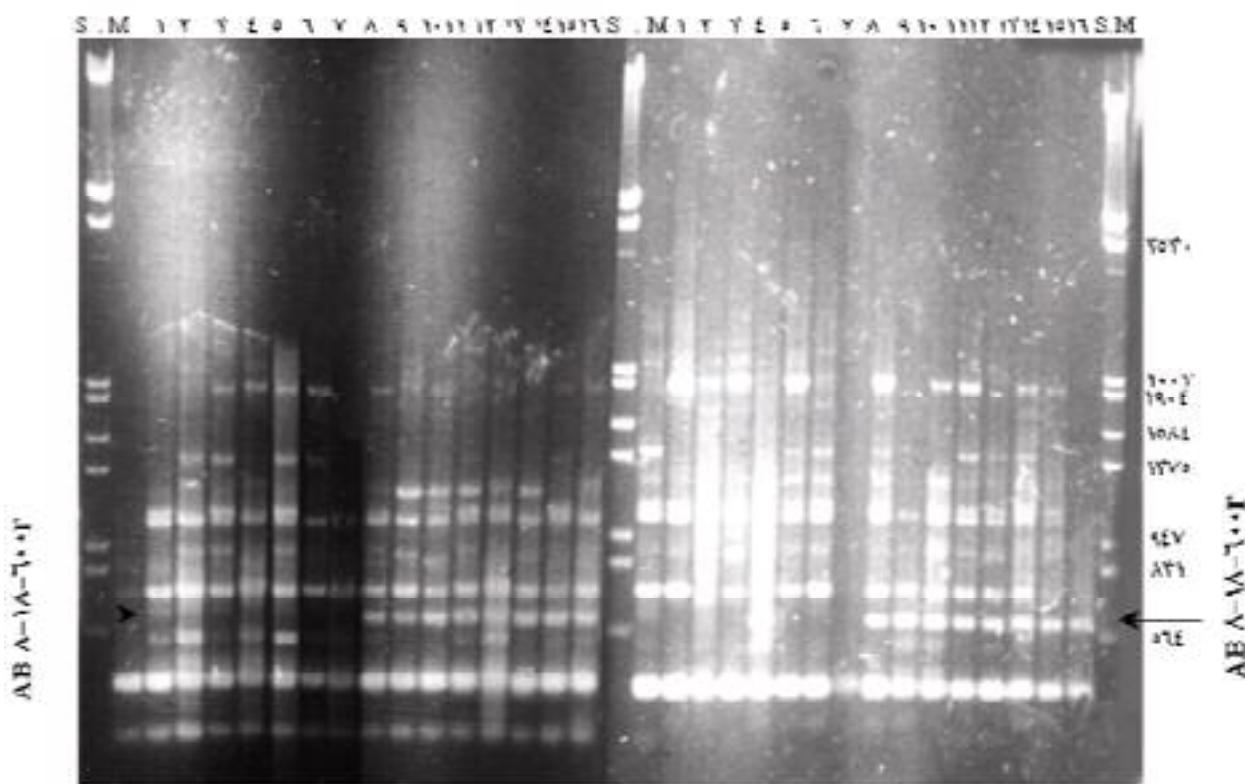
۱: بیانگر نشانگر ناجفت و ۲: بیانگر نشانگر جفت است. در مورد نشانگرهایی از جدول ۲ که فراوانی نوتრکیبی در یکی از دو جمعیت برابر ۵۰ درصد یا بیشتر بود، فاصله نشانگر و مکان ژنی محاسبه نشده است.

درستنمایی فاصله نشانگرهای ناجفت را با اریب برآورده می‌کند (محمدی، مکاتبات شخصی، ۱ و ۱۹). با این حال با استفاده از نرم‌افزار Mapmaker (۱۸) با LOD Score برابر ۳ و حداقل فاصله ۴۰ سانتی مورگان نشانگرها و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی به گروه‌های پیوستگی نسبت داده شدند که در نتیجه فاصله نشانگر AB ۸-۱۸-۶۰۰۲ و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی در جمعیت‌های ۲۳۱ و ۲۶۱ و مجموع دو جمعیت به ترتیب برابر ۰، ۳۶/۰، ۱۵/۴ و ۳۰/۵ سانتی مورگان برآورده شد. این نتیجه با نتایج مطالعه قبلی (۱) مبنی بر وجود اریب زیاد در برآوردهای نرم‌افزار Mapmaker برای نشانگرهای ناجفت کاملاً مطابقت داشت.

با توجه به این که پیوستگی نشانگر AB ۸-۱۸-۶۰۰۲ و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی بالا بوده ( $r = ۰.۹$ ) و در عین حال یک نشانگر ناجفت می‌باشد، در یک جمعیت در حال تفرق (دارای ژنوتیپ‌های AA, Aa, aa. برای نر عقیمی) می‌تواند ژنوتیپ AA (هموزیگوت بارور) را از ژنوتیپ هتروزیگوت و هموزیگوت مغلوب شناسایی نماید. شناسایی هر سه ژنوتیپ

مجموع و با استفاده از داده‌های گیاهان هر دو جمعیت، فاصله این نشانگر از ژن نر عقیمی ژنتیکی در حدود ۵/۳ سانتی مورگان محاسبه گردید. در الگوی الکتروفورزی این نشانگر روی بوته‌های تشکیل دهنده توده‌های متقابل (۸ بوته نربارور و ۸ بوته نر عقیم) در دو جمعیت نوار موردنظر (۶۰۰ bp) در کلیه بوته‌های نر عقیم هر دو جمعیت وجود داشت، در حالی که فقط یکی از بوته‌های نربارور از جمعیت ۲۶۱ نوار را نشان داد (شکل ۱). با توجه به ناجفت بودن این نشانگر، می‌توان اظهار داشت که ژنوتیپ بوته مورد نظر هتروزیگوت است.

بر اساس این یافته نشانگرهای نزدیک به مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی همگی از نوع ناجفت بودند (جدول ۳) که از بین آنها به جز نشانگر AB ۸-۱۸-۶۰۰۲، فاصله بقیه نشانگرهای جهت استفاده در انتخاب به کمک نشانگر زیاد می‌باشد (۲۲ و ۲۷). با توجه به این که جمعیت مورد مطالعه  $F_2$  و نشانگر مورد استفاده غالب بود، لذا نیازی به استفاده از نرم‌افزار (برای Mapmaker) برای محاسبه فاصله نشانگرها و مکان ژنی نر عقیمی ژنتیکی وجود نداشت، زیرا در شرایط فوق، تابع



شکل ۱. الگوی نواری نشانگر AB-۱۸۶۰۰r در جمیعتهای ۲۳۱ (چپ) و ۲۶۱ (راست) چندترنده است. خطوط ۱ تا ۸ در هر سمت مربوط به گیاهان نر بارور و خطوط ۹ تا ۱۶ مربوط به گیاهان نر عقیم می‌باشد. SM، استاندارد جرم مولکولی با اندازه قطعات مشخص شده بر حسب هفت باز است.

جمعیت‌های دیگر هم آزمون گردد تا میزان تکرارپذیری آن بیشتر مشخص شود. هم‌چنین پیشنهاد می‌شود برای افزایش قابلیت تکرارپذیری نشانگر  $AB$  ۸-۱۸-۶۰۰ $r$ ، ایجاد اطمینان بیشتر در استفاده از این نشانگر و برای اختصاصی نمودن واکنش PCR، نوار مربوطه جداسازی شده و پس از تعیین توالی، به نشانگر SCAR تدبیر شود.

با استفاده توأم از نشانگرهای فاز ناجفت و جفت امکان پذیر است و کارایی بیشتری در برنامه های اصلاحی به عنوان نشانگرهای همباز خواهد داشت. بنابراین پیشنهاد می گردد با استفاده از سایر آغازگرهای تصادفی، نشانگر با فاز جفت نیز برای صفت نر عقیمه ی ژنتیکی شناسایی شود.

منابع مورد استفاده

۱. امیری، ر. ۱۳۸۲. وراثت ژن(های) عامل مقاومت به ریزومانیا و شناسایی نشانگرهای DNA پیوسته با آنها در چغندرقند. پایان نامه دکتری اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز.
  ۲. فارسی، م. و ع. باقری. ۱۳۷۷. اصول اصلاح نباتات. انتشارات دانشگاه مشهد.

3. Barzen, E., W. Mechelke, E. Ritter, J.F. Seitzer and F. Salamini. 1992. RFLP markers for sugar beet breeding: Chromosomal linkage maps and location of major genes for rhizomania resistance, monogermy and hypocotyl colour. The Plant J. 2: 601-611.

4. Barzen, E., R. Stahl, E. Fuchs, D. Borchardt and F. Salamini. 1997. Development of coupling-repulsion-phase SCAR markers diagnostic for the sugar beet *Rr1* allele conferring resistance to rhizomania. Mol. Breed. 3: 231-238.
5. Bosemark, N.O. 1970. Use of Mendelian male sterility in recurrent selection and hybrid breeding in beets. Report of meeting held at the station d. Amelioration des Plantes ourrageres. PP. 127-134.
6. Chague, V., J. C. Mercier, M. Guenard, A. deCourcel and F. Vedel. 1996. Identification and mapping on chromosome 9 of RAPD markers linked to *Sw-5* in tomato by bulked segregant analysis. Theor. Appl. Genet. 92: 1045- 1051.
7. Darbshwar, R. 2000. Plant Breeding. Analysis and Exploitation of Variation. Alpha Science International Ltd., India.
8. Francis, S. 1999. Using molecular markers to understand rhizomania and powdery mildew resistance. Br. Sugar Beet Rev. 67 :16-19.
9. Francis, S.A., M. Redfearn, D.M. Chwarszczynska, M.J. Asher and R. T. Lewellen. 1998. Use of molecular markers in breeding for disease resistance in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). Aspects of Appl. Biol. 52: 279- 285.
10. Giovannoni, J.J., R.A. Wing, M.W. Galan and S.D. Tanksley. 1991. Isolation of molecular markers from specific chromosomal intervals using DNA pools from existing mapping populations. Nucleic Acids Res. 19: 6553-6558.
11. Haley, S.D., P.N. Miklas, J.R. Stavely, J. Byrum and J.D. Kelly. 1993. Identification of RAPD markers linked to major rust resistance gene block in common bean. Theor. Appl. Genet. 86: 505-512.
12. Hansen M., C. Halldén, N.O. Nilsson and T. Sall. 1997. Marker assisted selection of restored male-fertile *Brassica napus* plants using a set of dominant RAPD markers. Mol. Breed. 3: 449-456.
13. Hansen, M., C. Halldén and T. Sall. 1998. Error rates and polymorphism frequencies for three RAPD protocols. Plant Molecular Biol. Rep. 16: 139- 146.
14. Henson, J.M. and R. French. 1993. The polymerase chain reaction and plant disease diagnosis. Annu. Rev. Phytopathol 31: 81-109.
15. Jean, M., G.G. Brown and B.S. Landry. 1997. Genetic mapping of nuclear fertility restorer genes for the polima cytoplasmic male sterility in canola (*Brassica napus* L.) using DNA markers. Theor. Appl. Genet. 95: 321-328.
16. Lander, E.S., P. Green, I. Abrahamson, A. Barlow, M.J. Daley, S.E. Lincoln and L. Newburg. 1987. MAPMAKER: An interactive computer package for constructing primary genetic maps of experimental and natural populations. Genomics, 1: 174-181.
17. Liu, B.H. 1998. Statistical Genomics: Mapping and QTL Analysis. CRC Press, New York.
18. Laucou, V., K. Haurogn, N. Ellis and C. Rameau. 1998. Genetic mapping in pea, 1. RAPD-based genetic linkage map of *Pisum sativum*. Theor. Appl. Genet. 97: 905-915.
19. Martin G.B., J.G.K. Williams and S.D. Tanksley. 1991. Rapid identification of markers linked to a *Pseudomonas* resistance gene in tomato by using random primers and near-isogenic lines. Proc. Natl. Acad. Sci. 88: 2336-2340.
20. Michelmore, R.W., I. Paran and R.V. Kesseli. 1991. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 88: 9828- 9832.
21. Novy, R.G. and N. Vorsa. 1996. Evidence for RAPD heteroduplex formation in ranberry: implications for pedigree and genetic-relatedness studies and a source of co-dominant RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 92: 840-849.
22. Ohmori, T., M. Murata and F. Motoyoshi. 1996. Molecular characterization of RAPD and SCAR markers linked to the *Tm-1* locus in tomato. Theor. Appl. Genet. 92: 151-156.
23. Paran I., R. Kesseli and R.W. Michelmore. 1991. Identification of restriction fragment length polymorphism and random amplified polymorphic DNA markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce, using near-isogenic lines. Genome 34: 1021-1027.
24. Paran, I. and R.W. Michelmore. 1993. Development of reliable PCR- based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. Theor. Appl. Genet. 85: 985- 993.
25. Paterson, A.H.; S.D. Tanksley and M.E. Sorrells. 1991. DNA markers in plant improvement. Adv. Agron. 46: 39-90.
26. Pillen, K., G. Steinrucken, R. Herrmann and C. Jung. 1993. An extended linkage map of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) including nine putative lethal genes and the restorer gene. Plant Breed. 111: 265-272.
27. Poulsen, D.M.E, R.J. Henry, R.P. Johnston, J.A.G. Irwin and R.G. Rees. 1995. The use of bulked segregant analysis to identify a RAPD marker linked to leaf rust resistance in barely. Theor. Appl. Genet. 91: 270- 273.
28. Pradeep, M., N. Sarla and E.A. Siddiq. 2002. Inter simple Sequence repeat (ISSR) polymorphism & its application in plant breeding. Euphytica 128: 9-17.
29. Rae, S.J., K.J. Edwards and S.R. Barnes. 1998. Development and testing of informative DNA microsatellite markers in sugar beet. Proceeding of the 61<sup>st</sup> IIRB Congress, Brussels, PP.403-410.
30. Rae, S.J., C. Aldam, I. Duminguex, M. Hoebrechts, S.R. Barnes and K.J. Edwards. 2000. Development and incorporation of microsatellite markers into the linkage map of sugar beet (*Beta vulgaris* spp.). Theor. Appl. Genet. 100: 1240-1248.

31. Seefelder, S., H. Ehrmaier, G. Schweizer and E. Seigner. 2000. Male and female genetic linkage map of hops, *Humulus lupulus*. Plant Breed. 119: 249-255.
32. Steel, R.G.D. and H. Torrie. 1980. Principles and Procedures of Statistics, A Biometrical Approach. McGraw-Hill, New York.
33. Subudhi, P.K. and N. Huang. 2002. Identification of genes responsible for segregation distortion in a doubled haploid population of rice by using molecular markers. Rice Genetics Newsletter 12: 239-240.
34. Tanksley S.D., M.W. Ganal and G.B. Martin. 1995. Chromosome landing: a paradigm for map-based cloning in plants with large genomes. Trends Genet. 11: 36-68.
35. Uphoff, H. and G. Wricke. 1995. A genetic map of sugar beet (*Beta vulgaris*) based on RAPD markers. Plant Breed. 114: 355- 357.
36. VandenBroecke, A., J.D. Reik, I. Roldan-Rluiz, A. Wauters, E. Van Bockstaele and M. De Loose. 1998. DNA markers: a tool for plant variety description, recognition and stability testing. Proceeding of the 61<sup>st</sup> IIRB Congress, Brussels, PP. 151-165.
37. VanderBeek, J.G., R. Verkerk, P. Zabel and P. Lindhout. 1992. Mapping strategy for resistance genes in tomato based on RFLPs between cultivars: *Cf9* (resistance to *Cladosprium fulvum*) on chromosome 1. Theor. Appl. Genet. 84: 106- 112.
38. Virk. P.S., H.J. Newbury, M.T. Jackson and B.V. Ford-Lloyd. 2000. Are mapped markers more useful for assessing genetic diversity. Theor. Appl. Genet. 100: 607-613.
39. Wagner H., W.E. Weber and G. Wricke. 1992. Estimating linkage relationship of isozyme markers and morphological markers in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) including families with distored segregations. Plant Breed. 108: 89-96.