

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



مدیریت تحصیلات تکمیلی دانشگاه
دانشکده کشاورزی
گروه اصلاح نباتات
پایان نامه جهت اخذ درجه دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی

ارزیابی نحوه توارث و نقشه‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده محتوای و کیفیت روغن بذر گلرنگ

اساتید راهنما

دکتر نفیسه مهدی نژاد

دکتر قاسم محمدی نژاد

اساتید مشاور

دکتر فاطمه ابراهیمی

دکتر براتعلی فاخری

تهیه و تدوین

سیده عصمت هاشمی

تابستان ۱۴۰۲

چکیده

روغن گلرنگ منبع اصلی روغن خوراکی است و اسیدهای چرب جزء اصلی روغن آن هستند. بهبود محتوای روغن و صفات کیفی (اسید اولئیک بالا و لینولئیک پایین) در گلرنگ را می‌توان با بهره برداری از نشانگرهای مرتبط از طریق اصلاح مولکولی تسریع کرد. با این حال، ارزیابی کیفیت روغن به‌طور مکرر در انتخاب ارقام جدید نژاد گنجانده نشده است. این می‌تواند به دلیل مشکلات تجزیه و تحلیل در کیفیت روغن در مجموعه بزرگی از ژنوتیپ‌ها باشد. بنابراین شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات کیفی روغن گلرنگ می‌تواند انتخاب ژنوتیپ را در برنامه‌های اصلاحی این گونه تسهیل کند. بنابراین، این مطالعه با هدف شناسایی جایگاه‌های کمی صفت (QTL) مربوط به روغن دانه، اولئیک‌اسید و لینولئیک‌اسید در جمعیت F9 مشتق شده از گلرنگ-Mex 22/191 گلدشت در فصل زراعی ۱۳۹۸ انجام شد. یک نقشه لینکاژی جدید با ۶۹ نشانگر چند شکلی AFLP و ۴۵ SSR ساخته شد که ۱۴۷۲/۴۴۱ سانتی‌مورگان از ژنوم گلرنگ را پوشش داد. در نهایت، ۶۳ کیوتی‌ال اصلی با اثرات افزایشی و ۲۳۸ QTL اپیستاتیک با اثرات افزایشی × افزایشی برای صفات اسید اولئیک، محتوای اسید لینولئیک و نسبت آنها تعیین شد. این نتایج نشان می‌دهد که اپیستازی یک پایه ژنتیکی مهم برای صفات پیچیده مانند محتوای روغن و کیفیت روغن است. QTL افزایشی و اپیستاتیکی به ترتیب ۸/۳۰ و ۳۶/۵۶ از تغییرات فنوتیپی صفات را توصیف کردند. ۱۴ منطقه ژنومی اصلی در گروه لینکاژی LG 3، ۴، ۷، ۸ و 9 برای صفات مختلف QTL هم موضعی شدند. بیشترین همبستگی منفی بین میزان اسید اولئیک و اسید لینولئیک مشاهده شد. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای بر اساس نشانگرهای بیوشیمیایی و ISSR، RIL‌ها را به ترتیب به دو خوشه مجزا متمایز کرد. همچنین وجود زیرجمعیت‌ها در RIL ۹۸ با استفاده از روش بیزی بررسی شد که نشان می‌دهد دو زیر گروه در این جمعیت وجود دارد. این نتایج می‌تواند برای افزایش کارایی برنامه‌های اصلاحی با هدف انتخاب ارقام جدید با درصد روغن و محتوای اسید اولئیک بالا مفید باشد و می‌تواند منجر به خواص و پایداری اکسیداتیو روغن گلرنگ شود.

به‌منظور بررسی نحوه عمل ژن برای برخی صفات کمی مهم در گلرنگ، تلاقی بین دو رقم (گلدشت × امریکایی: ۹۳ × امریکایی) صورت گرفت و والدین همراه با نسل‌های F1، F2، BC1.1 و BC1.2 حاصل از تلاقی در شرایط تنش رطوبتی و در قالب طرح بلوک‌های کامل با دو تکرار ارزیابی شدند. صفات ارتفاع، تعداد شاخه فرعی، قطر اصلی، تعداد غوزه، عملکرد تک بوته و.. یادداشت برداری گردیدند و نتایج تجزیه واریانس نشان داد که میانگین مربعات نسل‌ها برای تمامی صفات در دو تلاقی معنی‌دار است لذا تجزیه میانگین نسل‌ها برای تک تک صفات صورت گرفت که در کنترل توارث اکثر صفات، علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت، اثرات اپیستازی نیز نقش داشتند. در شرایط آبیاری معمول (گلدشت × امریکایی) بیشتر صفات بجز SPAD، تعداد غوزه، قطر اصلی، وزن خشک بوته، فتوسنتز و ۱۰٪ تکمه‌دهی تحت تاثیر مدل سه پارامتری قرار گرفتند. همچنین در شرایط تنش رطوبتی (گلدشت × امریکایی) نیز در کنترل توارث اکثر صفات بجز قطر اصلی، قطر فرعی و وزن تر بوته اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی نقش داشتند. همچنین در شرایط تنش رطوبتی (۹۳ × امریکایی) نیز در کنترل توارث اکثر صفات بجز سرعت فتوسنتز و میزان تعرق اثرات افزایشی، غالبیت و اثرات غیر متقابل الی نقش داشتند.

کلمات کلیدی: نقشه‌یابی لینکاژی، محتوای اپیستازی، محتوای روغن، محتوای اولئیک
کلمات کلیدی: توارث، تنش رطوبتی، تجزیه میانگین نسل، نوع عمل ژن

Abstract

Safflower oil is the main source of edible oil, and fatty acids are the main component of its oil. Improvement of oil content and quality traits (high oleic acid and low linoleic acid) in safflower can be accelerated by exploiting related markers through molecular breeding. However, evaluation of oil quality is not frequently included in the selection of new breed cultivars. This could be due to analysis problems in oil quality in a large set of genotypes. Therefore, the identification of molecular markers related to the quality traits of safflower oil can facilitate the selection of genotypes in breeding programs of this species. Therefore, this study was conducted with the aim of identifying quantitative trait loci (QTL) related to seed oil, oleic acid and linoleic acid in F₉ population derived from safflower Mex 22-191/Goldasht in 2018 crop season. A new linkage map was constructed with 69 polymorphic AFLP and 45 ISSR markers covering 1472.441 cM of the safflower genome. Finally, 63 main QTLs with additive effects and 238 epistatic QTLs with additive × additive effects were determined for oleic acid traits, linoleic acid content and their ratio. These results indicate that epistasis is an important genetic basis for complex traits such as oil content and oil quality. Additive and epistatic QTL described 8.30 and 36.56 of the phenotypic changes of traits, respectively. 14 main genomic regions in linkage group LG 3, 4, 7, 8 and LG 9 were co-localized for different QTL traits. The highest negative correlation was observed between the amount of oleic acid and linoleic acid. Cluster analysis based on biochemical markers and ISSR differentiated RILs into two distinct clusters, respectively. Also, the existence of sub-populations in 98 RILs was investigated using Bayesian method, which shows that there are two sub-groups in this population. These results can be useful for increasing the efficiency of breeding programs with the aim of selecting new cultivars with high oil percentage and oleic acid content and can lead to the properties and oxidative stability of safflower oil.

In order to investigate the mode of gene action for some quantitatively important traits in saffron, a crossing was made between two cultivars (Goldasht* American: American* 93) and the parents along with the F₁, F₂, BC_{1.1} and BC_{1.2} generations resulting from the crossing. They were evaluated in the conditions of moisture stress and in the form of a complete block design with two replications. The characteristics of height, number of sub-branches, main diameter, number of bolls, yield of a single plant, etc. were recorded and the results of analysis of variance showed that the mean square of the generations was significant for all the traits in two crossings, so the analysis of the mean of the generations. It was done for each trait that, in addition to additive and dominance effects, epistasis effects also played a role in controlling the inheritance of most traits. In normal irrigation conditions (Goldasht* American) most of the traits except Spad, number of bolls, diameter, plant dry weight, photostase and 10% tillering were affected by the three parameter model. Also, in the conditions of moisture stress (Goldasht* American), additive effects, dominance and epistasis played a role in controlling the inheritance of most traits except the main diameter, secondary diameter and plant fresh weight. Also, in the condition of moisture stress (93* American), additive effects, dominance and non-reciprocal allelic effects played a role in controlling the inheritance of most of the traits except for photosynthesis rate and transpiration rate.

Key words: linkage mapping, epistasis content, oil content, oleic content

Key words: heredity, moisture stress, average generation breakdown, gene action type



University of Zabol

Graduate School

Faculty of Agriculture

Plant breeding group

Dissertation for obtaining a doctorate degree in genetics and plant breeding

Title

**Evaluation of inheritance and Mapping of genes
controlling of seed oil content and oil quality in safflower**

Supervisor:

Dr. N. Mahdinezhad

Dr. Gh. Mohammadinejad

By:

S. E. Hashemi

Summer 2023