



دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی کرمان

دانشکده علوم زراعی

پایان نامه جهت دریافت درجه کارشناسی ارشد (M.Sc.)
رشته بیوتکنولوژی در کشاورزی

بررسی و شناسایی ژن (های) کاندید
تجدید کننده باروری در سیستم نر
عقیمی سیتوپلاسمی **WA** برنج

پژوهش و نگارش:

بهجت مجیدی

اساتید راهنما:

دکتر اسدالله احمدی خواه

دکتر کمال قاسمی بزدی

استاد مشاور:

مهندس ماهرخ شربتخواری

پاییز ۱۳۸۸

تعهدنامه

نظر به اینکه چاپ و انتشار پایان نامه (رساله) های تحصیلی دانشجویان دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان مبین بخشی از فعالیتهای علمی-پژوهشی بوده و همچنین با استفاده از اعتبارات دانشگاه انجام میشود، بنابراین بمنظور آگاهی و رعایت حقوق دانشگاه، دانش آموختگان این دانشگاه نسبت به رعایت موارد ذیل متعهد میشوند:

۱) قبل از چاپ پایان نامه (رساله) خود، مراتب را قبلاً بطور کتبی به مدیریت تحصیلات دانشگاه اطلاع و کسب اجازه نمایند.

۲) در انتشار پایان نامه (رساله) در قالب مقاله، همایش، اختراع و اکتشاف و سایر موارد، ذکر نام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان الزامی است.

۳) انتشار نتایج پایان نامه (رساله) باید با اطلاع و کسب اجازه از استاد راهنما صورت گیرد.

اینجانب دانشجوی رشته مقطع **کارشناسی ارشد** تعهدات فوق و ضمانت اجرائی آنرا قبول کرده و به آن ملتزم می شوم.

تقدیم به

مادر

پشتوانه زندگی ام، که بادیای محبت و فداکاریهایش موجب رشد و هدایت من شد و چراغ زندگی ام به وجود نگاه گرمش و فداکاریهایش روشن است.

پدر

استوارترین پشتوانه زندگی و بهترین آموزگارم، که چگونه زیستن را به من آموخت.

خواهران و برادرانم:

که با فداکاریها، راهبانی باو و عطف بیکرانیشان دوران تحصیل را بر من آسان نمودند.

و دوست عزیزم

سمیه خسروی، به خاطر فداکاری باو و محبت های بی دریغش

تشکر و قدردانی

سپاس و ستایش خدای راست که در اولیت بی‌آغاز و در آخریت بی‌انجام است. شکر و سپاس به نام آن کرامت‌بی‌انتها و عزت‌نفس بی‌منتها که اندیشه رهسپردن در مسیر ارتقاء علم و ایمان و معرفت را به انسان ارزانی داشت و به لطف و بنده نوازی، خلق را از بادیه گمراهی به سر حد هدایت رسانید. خدایی که در اطاعت و بندگی‌اش، هر چند بکوشیم به جایی نمی‌رسیم، جز آنکه در برابر استحقاقش، به سبب فضل و احسانش کوتاهی ورزیده‌ایم. سپاس شایسته خداوند سبحان است که موهبت بیکران به بنده ارزانی داشت تا گامی دیگر در ارتقاء خود بپیامیم. از این رو با خضوع و افتادگی تمام، وظیفه خود می‌دانم که صمیمانه‌ترین مراتب سپاس و قدردانی خود را تقدیم به تمام کسانی نمایم که در طی این مدت مرا یاری نموده‌اند.

از استاد راهنمای بزرگوار و دلسوزم، جناب آقای دکتر احمدی خواه که افتخار شاگردی را نصیب این حقیر نمودند بخاطر تمام راهنمایی‌ها و مساعدت‌های بی‌دریغ و ارزشمندشان در طی انجام و تدوین پایان‌نامه نهایت تشکر و امتنان را دارم و توفیق روز افزون را برای ایشان از درگاه ایزد منان مسئلت دارم.

از استاد ارجمند خود جناب دکتر قاسمی بزدی، به خاطر مساعدت‌های ایشان و نکته‌سنجی‌های بجا و ارزشمندشان در طی تدوین پایان‌نامه و راهنمایی‌های بی‌دریغشان کمال تشکر را دارم.

از استاد مشاور گرانقدرم سرکار خانم ماهرخ شربت‌خواری که با راهنمایی‌های ارزشمند مرا مورد لطف و عنایت قرار دادند و از هیچ کمکی فروگذار نکردند تشکر می‌کنم. از اساتید محترم: سرکار خانم دکتر رمضان‌پور، جناب آقای دکتر سلطانلو، جناب آقای دکتر نواب‌پور و دکتر پهلوانی به خاطر آنچه از ایشان آموختم سپاسگزارم.

از دوستان و همکلاسی‌های عزیزم خانم‌ها: مولودی، قلی‌زاده، شعبی، یوسفی‌راد، چرکزی، پالوج و قدیرزاده به خاطر همراهی‌های همیشگی‌شان متشکرم.

از دوستان عزیزم، همراهان همیشگی و فداکارم که همیشه حضورشان را در کنارم احساس کرده‌ام، خانم‌ها: سمیه خسروی، سمیرا جعفری، زهرا رشیدی و هانیه عسگری صمیمانه قدردانی می‌نمایم و آرزوی خوشبختی و موفقیت برایشان دارم.

و از خانواده عزیزم که پشتوانه تلاشم بوده‌اند بخصوص مادر مهربانم، و تمامی کسانی که در راه ارتقاء علمی من گام برداشته‌اند سپاسگزارم و امیدوارم خدا این نعمت‌های گرانمایه را برایم جاودانی نماید.

چکیده

سیستم نرعقیمی WA یک نوع ایده آل از CMS اسپوروفیتیک برنج ایندیکا می‌باشد که در ۹۰ درصد موارد از آن برای تولید بذور هیبرید استفاده می‌شود. در تحقیقات قبلی ژن *Rf4* تجدد کننده باروری در یک قطعه 206kb حاوی ۵ ژن به عنوان محتمل‌ترین ژن‌های کاندید تجدد کننده باروری برای *Rf4* احاطه شده بین دو مارکر *RM6737* و *AB443* واقع بر کروموزوم ۱۰ ردیابی و تشخیص داده شده بود. ژنهای کاندید مذکور واقع در این منطقه همگی جزء کلاس PPR پروتئین‌ها هستند و دارای پپتیدهای میتوکندریایی در N ترمینال خود می‌باشند. برای شناسایی این ژن از میان ژنهای کاندیدی احتمالی، از روش بررسی بیان ژن که شامل استخراج RNA و RT-PCR می‌باشد استفاده گردید و با توجه به توالی آنها ه جفت پرایمر برای این ژن ها طراحی و تولید گردید. برای تولید بافت گیاهی مورد نیاز بذر ارقام بارور و استریل مورد نظر در مزرعه ای در پردیس دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی کشت گردید و در مراحل مختلف نمونه‌برداری صورت گرفت. از نمونه‌های حاصل RNA استخراج گردید و cDNA آن تهیه شد و در نهایت بیان این ژن‌ها در مراحل مختلف رشد گیاه شامل مراحل گیاهچه، پنجه‌زنی و خوشه‌دهی در ارقام IR24 (رقم تجدد کننده باروری حامل مکان ژنی *Rf4*) و رقم IR68897-A (رقم نرعقیم) توسط روش RT-PCR مورد بررسی قرار گرفت. در نهایت با مقایسه نتایج تحقیقات قبلی و تحقیق حاضر از میان ژن‌های کاندید دو ژن *OsIFCD036677* و *Rf-1B* به دلیل نحوه بیانشان به عنوان محتمل‌ترین ژن‌های عامل باروری در سیستم نرعقیمی WA در نظر گرفته شدند.

واژه‌های کلیدی:

فهرست مطالب

عنوان

صفحه

فصل اول: مقدمه

۱- بیان مسئله	۱
۱-۱- جایگاه برنج	۱
۲-۱- تولید برنج هیبرید	۱
۱-۲-۱- انواع نرعقیمی	۲
۲-۲-۱- ژن های مرتبط با نرعقیمی	۲
۳-۲-۱- ژن های بازگرداننده باروری	۳
۴-۲-۱- پروتئین‌ها PPR	۳
۲- فرضیات و اهداف تحقیق	۴

فصل دوم: بررسی منابع

۱-۲- جایگاه برنج	۶
۲-۲- ویژگی های بوتانیکی و ژنتیکی برنج	۶
۳-۲- مراحل رشد برنج	۷
۲-۳-۲- دوره رشد رویشی	۷
۲-۳-۲- دوره رشد زایشی	۷
۳-۳-۲- دوره رسیدگی	۸
۴-۲- اصلاح برنج	۸
۱-۴-۲- نرعقیمی	۹
۱-۱-۴-۲- انواع نرعقیمی	۹
۱-۱-۴-۲- نرعقیمی ژنی حساس به محیط	۹

۱۰

۲-۱-۴-۲- نرعقیمی سیتوپلاسمی ژنتیکی	۲
۲-۴-۲- ژن های مرتبط با نرعقیمی سیتوپلاسمی	۲
۱-۲-۴-۲- میتوکندری و ژنوم میتوکندریایی	۲
۳-۴-۲- ژن های بازگرداننده باروری	۲

فهرست مطالب

عنوان

صفحه

۱-۳-۴-۲- مکانیسم عمل ژن های تجدیدکننده باروری	۲
۵-۲- PPR پروتئین‌ها	۲
۶-۲- نمونه های گیاهی از استفاده از اثر متقابل هسته و سیتوپلاسم	۲
۱-۶-۲- اطلسی	۲

- ۲-۶-۲- تریچه
- ۳-۶-۲- گونه‌های براسیکا (تیره شب بو)
- ۴-۶-۲- آفتابگردان
- ۵-۶-۲- برنج
- ۶-۶-۲- مقایسه دو سیستم BT و WA برای شناسایی
- ژن‌های عامل باروری
- در سیستم WA برنج و سایر سیستم‌ها.

فصل سوم: مواد و روش‌ها

- ۱-۳- مواد گیاهی
- ۲-۳- استخراج RNA
- ۱-۲-۳- مراحل استخراج RNA
- ۲-۲-۳- تعیین کمیت و کیفیت RNA استخراج شده
- ۳-۲-۳- بارگذاری روی ژل
- ۴-۲-۳- آزمون طیف سنجی (تعیین غلظت)
- ۵-۲-۳- آزمون طیف سنجی (تعیین خلوص)
- ۳-۳- تیمار DNase
- ۴-۳- ساخت cDNA
- ۱-۴-۳- ترکیبات مورد استفاده جهت تولید cDNA
- ۲-۴-۳- روش کار
- ۵-۳- انجام واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز جهت تکثیر ژن
- کاندید مورد نظر از روی cDNA
- ۱-۵-۳- تعریف واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR)

فهرست مطالب

عنوان

صفحه

- ۲-۵-۳- واکنش‌گرهای واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز
- ۳-۵-۳- طراحی آغازگرها
- ۴-۵-۳- برنامه حرارتی
- ۵-۵-۳- بررسی الگوی بیان ژن‌ها از طریق تزریق
- محصولات PCR به ژل آگارز
- ۶-۳- آنالیز توالی

فصل چهارم: نتایج

- ۱-۴- نتایج استخراج RNA
- ۲-۴- نتایج ساخت cDNA
- ۳-۴- نتایج بررسی‌های انجام شده توسط دو نرم‌افزار PFAM و MITOPROTII
- ۴-۴- نتایج انجام PCR

..... ۴-۴-۱- مرحله گیاهچه ای

..... ۴-۴-۲- مرحله پنجه زنی

..... ۴-۴-۳- مرحله زایشی

..... ۴-۴-۱-۳- مرحله آبستی

..... ۴-۴-۴- مرحله خوشه دهی

..... ۴-۴-۵- بیان ژن های اکتین و نواحی بین ژنی

فصل پنجم: بحث

..... ۵-۱- بررسی پنج کاندید مورد مطالعه

..... ۵-۱-۱- ژن *Rf-1A*

..... ۵-۱-۲- ژن *Rf-1B*

..... ۵-۱-۳- ژن *Rf-1C*

..... ۵-۱-۴- ژن *Rf-1D*

..... ۵-۱-۵- ژن *Os-503*

..... نتیجه گیری کلی و پیشنهادات

فهرست جداول

عنوان
صفحه

جدول ۱-۲- گونه های برنج، تعداد کروموزوم، نوع گونه، اندازه ژنوم و توزیع جغرافیایی

..... جدول ۲-۲- ژن های میتوکندریایی

..... جدول ۱-۳- خصوصیات آغازگرهای مورد استفاده

..... جدول ۱-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در اندام های ارقام مختلف در مرحله گیاهچه ای

..... جدول ۲-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در اندام های لاین های مختلف در مرحله پنجه زنی

..... جدول ۳-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در اندام های رویشی لاین های مختلف در مرحله آبستی

..... جدول ۴-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در اندام های زایشی (خوشه) ارقام مختلف در مرحله آبستی

..... جدول ۵-۴- الگوی بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در اندام های رویشی لاین های مختلف در مرحله خوشه دهی

..... جدول ۶-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA در خوشه لاین های مختلف در زمان خوشه دهی

فهرست اشکال

عنوان

صفحه

- شکل ۱-۲- تولید جهانی برنج
شکل ۲-۲- نحوه استفاده از نرعقیمی ژنتیکی و سیتوپلاسمی ...
شکل ۳-۲- توضیحات تصویری در مورد PPR پروتئین‌ها
شکل ۴-۲- بازگرداندگی اثر ژن های عامل CMS توسط محصولات
ژن های *Rf*
شکل ۵-۲- نواحی شیمریک عامل CMS در ژنوم های میتوکندریایی
گونه های مختلف
شکل ۶-۲- نقشه برداری و کلونینگ ژن های *Rf* و ویژگی های زیر
خانواده PPR پروتئین‌ها
شکل ۷-۲- نقش ژن *Rf-1A* در تجدید باروری
شکل ۸-۲- مقایسه نتایج طبقه‌بندی انجام شده در مورد چند ژن
در برنج
شکل ۹-۲- قطعه ۲۰۶ کیلو بازی حامل مکان ژنی *Rf4*
شکل ۱-۴- الگوی الکتروفورزی RNA استخراج شده
شکل ۲-۴- نحوه بیان ژن های کاندید باروری در سیستم WA برنج
در برگ و در مرحله گیاهچه ای برای لاین های مختلف
شکل ۳-۴- الگوی الکتروفورزی بیان ژن های *Rf:B,C&D* در مرحله
پنجه‌زنی در برگ
لاین های مختلف برنج
شکل ۳-۴- الگوی الکتروفورزی بیان ژن های مورد بررسی در
مرحله آبستنی و در ارقام مختلف
و اندام های مختلف
شکل ۴-۴- الگوی الکتروفورزی بیان دو ژن *Os-503* و *Rf-B* در
مراحل بوتینگ و پنجه زنی
شکل ۵-۴- نمونه ای از الگوی الکتروفورزی محصول PCR به دست آمده
با cDNA
خوشه ارقام IR24 و IR68
شکل ۶-۴- الگوی الکتروفورزی بیان ژن های اکتین و نواحی بین ژنی
.....
شکل ۷-۴- الگوی الکتروفورزی دیگری از بیان ژن های اکتین در
یکی از مراحل PCR
.....

بررسی و شناسایی ژن (های) کانبد تجدید کننده.....

۱
فصل اول

♦
مقدمه

مقدمه

۱- بیان مسئله

۱-۱- جایگاه برنج

برنج (*Oryza sativa*.L)، برای بیش از نیمی از مردم جهان، بویژه مناطق پرجمعیت و دارای رشد صعودی جمعیت، مهم‌ترین ماده غذایی می‌باشد. برنج یکی از مهم‌ترین غلات مناطق گرمسیری بوده است و بر اساس یک ماخذ جهانی (ایری، ۲۰۰۸)، تولید برنج، اندکی کمتر از گندم است. میزان تولید برنج در سال ۲۰۰۸ در ایران ۲/۲ میلیون تن و در کل کشورهای دنیا، ۶۶۱/۸ میلیون تن بوده است (فاو، ۲۰۰۸). تولید سالانه برنج در جهان باید از سطح کنونی آن، به ۸۱۰ میلیون تن در سال برسد تا بتواند جوابگوی نیازهای جمعیت در حال افزایش صعودی باشد (لانگ و زو، ۲۰۰۸). جمعیت کنونی جهان بیش از ۶ میلیارد نفر است و در سال ۲۰۳۰ به ۸ میلیارد نفر خواهد رسید. در این میان آنچه افزایش نمی‌یابد سطح کره زمین است و برای حل این مشکل تنها می‌توان از قابلیت گیاهان برای تولید محصول بیشتر سود جست. در جهت افزایش عملکرد در هر هکتار می‌توان از ارقام پرمحصول استفاده نمود. با توجه به عملکرد ارقام اصلاح شده کنونی و همچنین استفاده از فن‌آوری‌های جدید جهت گسترش ارقام پرمحصول، پیش‌بینی شده است که در سال ۲۰۳۰ میزان تولید برنج زرد در دنیا ۶۰ درصد بیش از سال ۱۹۹۵ باشد (کروگر، ۲۰۰۸).

۱-۲- تولید برنج هیبرید

برنج‌های هیبرید می‌توانند ۳۰-۱۵ درصد محصول بیشتری نسبت به لاین‌های اینبرد تولید کنند (کروگر، ۲۰۰۸). برای تولید برنج هیبرید می‌توان از روش‌هایی مثل خودناسازگاری، آپومیکیسی و سیستم نرعقیمی استفاده نمود. در چین که از مراکز بسیار بااهمیت تولید برنج جهان است، ۵۰ درصد زمین‌های زیر کشت برنج، از قدرت تولید بالای بذور هیبرید سود می‌برند و ۱/۴ تن در هکتار بیش از متوسط عملکرد لاین‌های اینبرد توان تولید دارند. واضح است که فن‌آوری تولید بذور هیبرید، در افزایش تولید جهانی برنج کاملاً موثر است. در میان روش‌های تولید بذور هیبرید، استفاده از نرعقیمی موثرترین و باثبات‌ترین روش است (یانگ و وانگ، ۲۰۰۲).

۱-۲-۱- انواع نرعقیمی

در میان انواع موجود نرعقیمی، عقیمی دانه گرده، متداولترین و فراوانترین نوع نرعقیمی گیاهان در طبیعت می باشد که خود به سه دسته غیرژنتیکی (ویرماني و همکاران، ۲۰۰۳)، ژنتیکی (GMS) و سیتوپلاسمی ژنتیکی^۱ تقسیم می شود (نیر، ۱۹۹۳). نرعقیمی سیتوپلاسمی ژنتیکی اولین بار در برنج توسط شینجیو و اومورا گزارش داده شد. در این گیاه در حدود ۲۰ منبع CMS شناسایی شده است که در میان سیستم های موجود، سیستم WA^۲، پایدارتر است و کاربرد بیشتری دارد (ویرماني و همکاران، ۱۹۹۸).

۱-۲-۲- ژن های مرتبط با نرعقیمی

ژن های ایجاد کننده نرعقیمی سیتوپلاسمیک، معمولاً به صورت چارچوب های قرائت آزاد^۳ هستند. این orf ها، حاصل فرایند نوترکیبی هستند و به صورت شیمریک درآمده اند. این پدیده احتمالاً عامل مهم تشکیل و تکامل ژن های CMS می باشد (براون، ۱۹۸۵). نقطه مشترک اکثر این ژن ها این است که ژن های CMS اغلب شامل بخش هایی از زیرواحدهای مختلف ژن های نرمال ATP سنتاز هستند.

۱-۲-۳- ژن های بازگرداننده باروری

برای استفاده از نرعقیمی در تولید گیاهان هیبرید، این صفت باید بتواند در گیاهان انتخابی تجدید شود و یک لاین دهنده گرده و یک لاین پذیرنده گرده ایجاد شود. در بسیاری از موارد نرعقیمی می تواند توسط ژن های هسته-ای تجدید کننده باروری بازگرداننده شود. تجدید کنندگی باروری، به دو صورت بیوشیمیایی و ژنتیکی انجام می شود. اکثر ژن های کلون شده و شناسایی شده عامل تجدید باروری، عقیمی را به روش ژنتیکی خنثی می کنند و محصول نواحی کدکننده آنها، پروتئین هایی موسوم به PPR پروتئین-ها که در ادامه به آنها اشاره خواهد شد، می باشند (کای و همکاران، ۱۹۹۶).

1- Cytoplasmic Male Sterility (CMS)

2- Wild Abortive Cytoplasmic Male Sterility

3- Open Reading Frame

۱-۲-۴- PPR پروتئین‌ها^۱

PPR پروتئین‌ها یا موتیف‌های تکراری پنتاتریکوپپتیدی، که اولین بار توسط اسمال و پیترز شناسایی شده‌اند، از یک توالی ۳۵ آمینوآسیدی ظاهراً تخریب شده تشکیل شده‌اند. این پروتئین‌ها در بسیاری از فرایندهای مختص RNA، همانند ویرایش، رونویسی و شروع ترجمه آن دخیل هستند و با فرایند پردازش آنها نیز ارتباط دارند (اسمال و پیترز، ۲۰۰۰). تجدیدکننده‌های ژنتیکی، محصول پروتئینی از این دسته را کد می‌کنند.

۲- فرضیات و اهداف تحقیق

ژن‌های تجدید کننده باروری در سیستم CMS/WA برنج در یک ناحیه ژنی مرتبط با کلاسترهای PPR پروتئینی قرار دارند (زنگ و همکاران، ۲۰۰۲) و شامل مکان‌های ژنی *Rf3*، *Rf4*، *Rf5* هستند. دو ژن *Rf3* و *Rf4* برای باروری و حیات دانه گرده در CMS نوع WA ضروری هستند. البته به نظر می‌رسد که اثر لوکوس *Rf4* بزرگتر است و برای تجدید باروری کافی می‌باشد (تان، ۱۹۹۸).

با توجه به فرضیه‌های موجود، ژن *Rf4* به‌عنوان عامل اصلی در تجدیدکنندگی باروری سیستم WA مورد بررسی قرار گرفته است. در بررسی که توسط احمدی خواه و کارلو، در سال ۲۰۰۶ انجام شد، برای ایجاد نقشه دقیق فیزیکی و ژنتیکی ژن *Rf4*، از ۲ نوع مارکر SSR (تکرارهای توالی منفرد) و مارکر جدیداً طراحی شده برای بررسی جمعیت F2 در لاین ندا A و آمل استفاده شد. تجزیه پیوستگی ژنتیکی مارکر SSR پیوسته با ژن *Rf4* را روی کروموزوم ۱۰ مشخص کرد و دو مارکر SSR که با نزدیکترین فواصل، *Rf4* را احاطه کرده‌اند، شناسایی شدند (RM171 و RM6737). در ناحیه بین RM171 و *Rf4*، یک جفت پرایمر جدیداً طراحی شده موسوم به AB443، دو مارکر خاص لاین عقیم به نام‌های AB443-400 و AB443-500 را تولید نمودند. مشخص شد که ژن *Rf4*، بین دو مارکر RM6737 و AB443-400 قرار گرفته است و محدوده ژنتیکی مورد نظر، شناسایی شد. در این محدوده ژنتیکی جستجو برای شناسایی

1- Pentatricopeptide Repeats
2- Simple Sequence Repeats

بررسی و شناسایی ژن(های) کاندید تجدید کننده.....

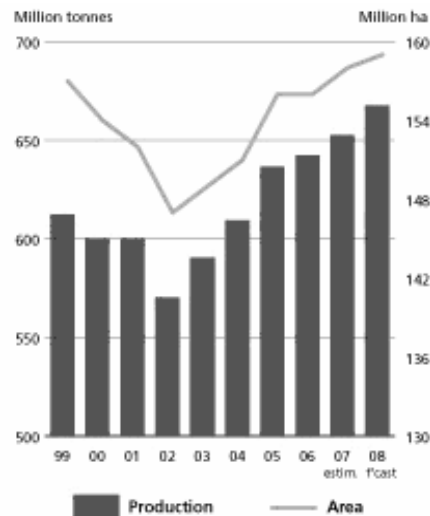
۵

ژن تجدید کننده باروري آغاز شد و مشخص شد که قطعه مورد بررسی در برنج ایندیکا، قطعه ای ۲۰۶ کیلوبازی است. با توجه به اینکه ویژگی عمومی *Rf* ژن های گیاهی کد کردن PPR پروتئینی با توالی عبوری میتوکندریایی است (آکاجی و همکاران، ۲۰۰۴)، این ناحیه برای این ژن ها و این توالی ها مورد جستجوی بیشتر قرار گرفت. نرم افزارهای مورد استفاده در این بررسی ها شامل PFAM و MITOPROTII هستند. نتایج این تحقیقات نشان داد که در میان ۹۰ ژن موجود در این محدوده، فقط ۸ ژن يك پروتئین با تکرارهای چندگانه PPR را کد می کنند و نتایج طبقه بندی محصولات این ژن ها نشان داد که تنها ۶ ژن در این میان به کلاس *Rf* تعلق دارند. در بررسی حاضر سعی بر شناسایی ژن عامل باروري *Rf4* در سیستم WA برنج، از میان کاندیداهای مذکور داشتیم که در پایان تحقیق دو ژن *RF1B* و *Os503* به عنوان ژن های عامل تجدید باروري در سیستم مورد بررسی شناسایی شدند.

بررسی منابع

۱-۲- جایگاه برنج

برنج (*Oryza sativa*.L)، برای بیش از نیمی از مردم جهان، به انضمام مناطق پرجمعیت و سریع‌الرشد، مهم‌ترین ماده غذایی می‌باشد. برنج مهم‌ترین غله مناطق گرمسیری است و بر اساس یک ماخذ جهانی (ایری، ۲۰۰۸) تولید برنج، اندکی کمتر از گندم است. سطح زیر کشت برنج در سال ۲۰۰۸، در کل دنیا ۱۵۵۷۱۱۰۰۰ هکتار، در آسیا ۱۳۹۶۱۷۰۰۰ هکتار، در چین ۲۹۲۰۰۰۰۰ هکتار و در ایران ۵۷۵۰۰۰ هکتار بوده است. تولید کل برنج در دنیا در سال ۲۰۰۸، معادل ۶۶۱۸۱۱۰۰۰ تن، در آسیا ۶۰۰۵۴۱۰۰۰ تن، در چین ۱۹۳۰۰۰۰۰۰ تن و در ایران ۲۲۷۳۰۰۰ تن بوده است.



شکل ۱-۲- تولید جهانی برنج در سال ۲۰۰۸ (طبق آمار فاو).

متوسط جهانی تولید برنج در سال ۲۰۰۸ در حدود ۴۲۵۰، در آسیا ۴۳۰۰، در چین ۶۶۱۰ و در ایران ۳۹۵۰ کیلوگرم برهکتار بوده است (USDA، ۲۰۰۸). برنج در تمام قاره‌ها (به غیر از مناطق یخبندان) کشت می‌شود. محدوده جغرافیایی کشت برنج شامل ۵۳ درجه عرض شمالی تا ۴۰ درجه عرض جنوبی است. از سطح دریا تا ارتفاع بیش از ۳۰۰۰ متر در هیمالیا می‌تواند تحت کشت برنج قرار گیرد. در حال حاضر بیش از ۹۰ درصد برنج جهان در آسیا کشت می‌شود. بزرگترین تولیدکننده‌های برنج در جهان شامل چین (۳۱ درصد تولید جهانی)، هند (۲۰ درصد) و اندونزی (۹

درصد) می‌باشند. بزرگترین صادر کننده‌های برنج در جهان شامل تایلند (۲۶ درصد)، ویتنام (۱۵ درصد) و ایالات متحده (۱۱ درصد) می‌باشند. بزرگترین وارد کننده‌های برنج در جهان شامل اندونزی (۱۴ درصد)، بنگلادش (۴ درصد) و برزیل (۴ درصد) می‌باشند (فاو، ۲۰۰۸).

۱-۲- ویژگی‌های بوتانیکی و ژنتیکی برنج

گیاه برنج به جنس *Oryza* از خانواده گرامینه، رده گلامیفلورا، کلاس تکلیه‌ایها و از آنژیواسپرما می‌باشد. گونه‌های برنجی که کشت می‌شوند شامل ساتیوا و گلابریا هستند که گونه ساتیوا در سطح وسیعی کشت می‌شود، اما گونه گلابریا تنها در آفریقا کشت می‌شود. این دو گونه تفاوت‌های مورفولوژیکی کمی نشان می‌دهند ولی دورگ بین آن‌ها همیشه عقیم است.

گونه ساتیوا مجدداً به گروه‌های اکولوژیکی جاپونیکا، ایندیکا و جاوانیکا تقسیم می‌شود. تنها در واحد حفظ و ذخیره ژرم‌پلاسما IRRI (انستیتو تحقیقات بین‌المللی برنج، تاسیس در ۱۹۶۰)، بیش از ۸۰۰۰ واریته، لاین ویا رقم وحشی برنج نگهداری می‌شود (ویرمانی و همکاران، ۲۰۰۳). درگونه‌های برنج اریزا، تعداد کروموزوم $2n=24$ یا ۴۸ می‌باشد. این گیاه به دلیل کوچکی اندازه ژنوم، مقدارپایین DNA تکراری، طبیعت دیپلوئید و امکان دستکاری راحت آن در کشت بافت، در برنامه‌های ژنومیک گیاهی بسیار مورد توجه قرار دارد (احمدی خواه و همکاران، ۲۰۰۷). نقشه ژنتیکی برنج تهیه و تکمیل شده است. در جدول ۱-۱- تعداد کروموزوم و نوع گروه‌های ژنومی و توزیع جغرافیایی تعدادی از گونه‌های برنج آورده شده است.

جدول ۱-۲ گونه‌های برنج، تعداد کروموزوم، نوع گروه‌های ژنومی و توزیع جغرافیایی آنها.

منطقه پراکنش	ژنوم	تعداد کروموزوم (۲n)	گونه‌های زراعی
آفریقای غربی	A ⁹ A ⁹	۲۴	<i>O. glaberrima</i>
آسیا	AA	۲۴	<i>O. sativa</i>
گونه‌های وحشی و آمریکای مرکزی و جنوبی	CCDD	۴۸	<i>O. alta</i>
استرالیا	EE	۲۴	<i>O. australiensis</i>
آفریقای غربی	AA ⁹	۲۴	<i>O. bathii</i> (<i>O. breviligulata</i>)
آفریقای غربی و مرکزی	FF	۲۴	<i>O. brachyantha</i>
آفریقای شرقی و مرکزی	CC, BBCC	۲۴-۴۸	<i>O. eichingert</i>
آمریکای جنوبی	CCDD	۴۸	<i>O. grandiglumis</i>
آسیای جنوبی و آسیای جنوب غربی		۲۴	<i>O. granulate</i>
آمریکای مرکزی و جنوبی	CCDD	۴۸	<i>O. latifolia</i>
گینه نو	-	۴۸	<i>O. longiglumis</i>
آفریقا	A ¹ A ¹	۲۴	<i>O. longistaminata</i> (<i>O. bathii</i>)
آسیای جنوب شرقی، چین	-	۲۴	<i>O. meyeriana</i>
آسیای جنوب شرقی، گینه نو	BBCC	۴۸	<i>O. minuta</i>
آسیای جنوبی و جنوب شرقی، چین جنوبی و استرالیا	AA	۲۴	<i>O. nivara</i> (<i>O. tatarica</i> , <i>O. rufipogon</i>)
آسیای جنوبی و جنوب شرقی، چین جنوبی و گینه نو	CC	۲۴	<i>O. officinalis</i>
آفریقا	BBCC, BB ⁷	۴۸	<i>O. punctata</i>
آسیای جنوبی	-	۴۸	<i>O. ridiey</i>
آسیای جنوبی و جنوب شرقی، چین جنوبی	AA	۲۴	<i>O. rufipogon</i> (<i>O. perennis</i> , <i>O. fatua</i> , <i>O. perennis</i> Subsp. <i>Balunga</i>) <i>O. rufipogon</i> (<i>O. Perennis</i> subsp. <i>cubensis</i>)
گینه نو	A ^{cu} A ^{cu}	۲۴	<i>O. schachteii</i>

۲-۳- مراحل رشد برنج

رشد برنج شامل سه مرحله کلی رویشی (از جوانه‌زنی تا شروع تشکیل خوشه)، زایشی (از شروع تشکیل خوشه تا گلدهی) و رسیدگی (از گلدهی تا بلوغ دانه) است. در نواحی گرمسیری، دوره زایشی در حدود ۳۵ روز، و دوره رسیدگی در حدود ۳۰ روز به طول می‌انجامد. اختلافات دوره رشد ناشی از تغییرات طول دوره رویشی است. طول دوره رشد رویشی بین ۴۵ تا ۶۵ روز متغیر است. مراحل رشد (بر اساس مقیاس عددی از صفر تا نه (سه دوره رشد مزبور)، هر کدام شامل ۱۰ مرحله متمایز هستند که به صورت زیر شماره گذاری و توصیف می‌شوند:

مرحله صفر: از جوانه‌زنی تا ظهور را در بر می‌گیرد. مرحله یک: گیاهچه، مرحله دو: پنجه، مرحله سه: رشد طولی ساقه هستند. این چهار مرحله مربوط به مرحله رویشی می‌باشند. مرحله زایشی با تشکیل خوشه و آبستنی (چهارمین مرحله) آغاز می‌گردد. مرحله پنج شامل خروج خوشه و مرحله شش، مرحله گلدهی می‌باشد. مراحل ۴، ۵ و ۶ مربوط به فاز زایشی می‌باشند. مرحله ۷، شیری شدن، ۸، خمیری شدن و ۹، یعنی آخرین مرحله بلوغ دانه می‌باشد. این مراحل نیز مربوط به آخرین دوره نمو برنج می‌باشند (ایری، ۲۰۰۹).

۲-۳-۱- دوره رویشی

در این دوره بذور پس از خیسانده شدن (به مدت ۲۴ ساعت) و تداوم جذب آب به مدت ۲۴ ساعت دیگر وارد مرحله پیش جوانه‌زنی می‌شوند، پس از این مرحله ریشه‌چه و ساقه‌چه از پوسته برنج خارج می‌شوند. حدود روز دوم یا سوم پس از بذریاشی در خزانه، اولین برگ از داخل غلاف برگ خارج می‌شوند. در پایان مرحله صفر، هنوز برگ اولیه حالت پیچیده دارد اما رشد طولی گیاهچه همچنان ادامه دارد. مرحله گیاهچه با ظهور برگ شروع شده و تا قبل از آشکار شدن اولین پنجه ادامه دارد. به طور متوسط هر ۳-۴ روز در این مرحله یک برگ توسعه می‌یابد.

مرحله پنجه از ظهور اولین پنجه شروع شده و تا زمان حداکثر پنجه ادامه دارد. پنجه‌ها از جوانه‌های جانبی گره‌ها بوجود آمده و همزمان با رشد و نمو، جایگزین برگ‌ها می‌شوند. رویداد پنجه‌زنی ۳۰ روز پس از نشاءکاری رخ