جمهورية العراق
وزارة التعليـــم العالـــي والبحـــث العـلمـــي
جامعـــة كربـلاء
كلية التربية للعلوم الصرفة / قسم علوم الحياة

# دراسة مظهرية وخلوية وجزيئية لعدد من التراكيب الوراثية للرز *Oryza sativa* L.

أطروحة مقدمة إلى

مجلس كلية التربية للعلوم الصرفة ـ جامعة كربلاء
وهي جزء من متطلبات نيل درجة الدكتوراه فلسفة
في علوم الحياة /علم النبات

من قبل الطالبة
بلقيس هادي هاشم الموسوي
بكالوريوس علوم الحياة – ٢٠٠١/ جامعة الكوفة
ماجستير علوم الحياة – ٢٠٠٤/ جامعة الكوفة

باشراف
أ. د. محمد احمد أبريهي الانباري
أ.م.د. نضال عبد الحسين البديري

١٤٤١ هـ ٢٠١٩ م

بسم الله الرحمن الرحيم

﴿وَأَنْ لَيْسَ لِلْإِنْسَانِ إِلَّا مَا سَعَى وَأَنَّ

سَعْيَهُ سَوْفَ يُرَى ﴾

صدق الله العلي العظيم

(سورة النجم آية 39-40)

## إقرار المشرف على الاطروحة

نشهد بان إعداد هذه الاطروحة ( دراسة مظهرية وخلوية وجزيئية لعدد من التراكيب الوراثية للرز *Oryza sativa* L.) قد جرى تحت إشرافنا في قسم علوم الحياة / كلية التربية للعلوم الصرفة / جامعة كربلاء وهي جزءٌ من متطلبات نيل درجة الدكتوراه فلسفة في علوم الحياة / علم النبات .

**التوقيع:**

**الاسم : أ. د. محمد احمد ابريهي الانباري**

**الدرجة العلمية : أستاذ**

**العنوان: جامعة كربلاء/ كلية الزراعة**

**التاريخ : / / 2019**

**التوقيع:**

**الاسم: أ.م.د. نضال عبد الحسين مسان البديري**

**الدرجة العلمية : أستاذ مساعد**

**العنوان: جامعة الكوفة/ كلية التربية للبنات**

**التاريخ : / / 2019**

## توصية رئيس القسم:

إشارة الى التوصية أعلاه من قبل الاستاذين المشرفين ، أحيل هذه الاطروحة الى لجنة المناقشة لدراستها وبيان الرأي فيها .

التوقيع:
الاسم: أ. م. د. نصير ميرزا حمزة
المرتبة العلمية : أستاذ مساعد
التاريخ: / /2019

# (إقرار المقوم اللغوي)

أشهـــد انّ هـذه الاطروحة الموســـومـــة (دراسة مظهرية وخلوية وجزيئية لعدد من التراكيب الوراثية للرز *Oryza sativa* L. ) ، تمت مراجعتــها من الناحيـة اللغـــوية وتصحـــيح ما ورد فيها من اخطاء لغوية وتعبيرية وبذلك اصبحت الاطروحة مؤهلة للمنـــاقشة بقدر تعلق الامر بسلامة الاسلوب والصحة في التعبير.

التوقيع:

الاسم: د. مجيب سعد ابو كطيفة

المرتبة العلمية: مدرس

الكلية والجامعة: كلية العلوم الاسلامية / جامعة كربلاء

التاريخ: / / 2019

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
جامعـــــة كـربلاء
كلية التربيــة للعلوم الصرفة
شعبة الدراسات العليا

# (إقـــــرار لجنة المناقشة)

نحن أعضاء لجنة المناقشة الموقعين أدناه نشهد بأننا قد أطلعنا على الأطروحة الموسومة بـ (دراسة مظهرية وخلوية وجزيئية لعدد من التراكيب الوراثية للرز *Oryza sativa* L. المقدمة من قبل الطالبة (بلقيس هادي هاشم) كجزء من متطلبات نيل درجة الدكتوراه فلسفة في علوم الحياة /علم النبات (وراثة) ، وبعد إجراء المناقشة العلمية وجد إنها مستوفية لمتطلبات الشهادة وعليه نوصي بقبول الأطروحة بتقدير ( امتياز).

**رئيس لجنة المناقشة**
**التوقيع:**
**الاسم: د.عبد عون هاشم علوان**
**المرتبة العلمية: استاذ**
**مكان العمل: جامعة كربلاء / كلية العلوم**
**التاريخ: / / 2019**

**عضو اللجنة**
**التوقيع:**
**الاسم: د. محمد عبد الله جبر**
**المرتبة العلمية: استاذ**
**مكان العمل: جامعة بابل / كلية العلوم**
**التاريخ : / / 2019**

**عضو اللجنة**
**التوقيع:**
**الاسم : د. سعدون عبد الهادي سعدون**
**المرتبة العلمية: استاذ**
**مكان العمل: جامعة الكوفة/ كلية التربية للبنات**
**التاريخ: / / 2019**

**عضو اللجنة**
**التوقيع:**
**الاسم: د. قيس حسين عباس**
**المرتبة العلمية: استاذ**
**مكان العمل: جامعة كربلاء/ كلية التربية للعلوم الصرفة**
**التاريخ: / / 2019**

**عضو اللجنة**
**التوقيع:**
**الاسم: د. نوفل حسين خضير**
**المرتبة العلمية: استاذ مساعد**
**مكان العمل: جامعة الكوفة / كلية العلوم**
**التاريخ: / / 2019**

**عضو اللجنة (المشرف)**
**التوقيع:**
**الاسم: د. محمد احمد ابريهي**
**المرتبة العلمية: استاذ**
**مكان العمل: جامعة كربلاء/ كلية الزراعة**
**التاريخ: / / 2019**

**عضو اللجنة ( المشرف)**
**التوقيع:**
**الاسم: د. نضال عبد الحسين مسان**
**المرتبة العلمية: استاذ مساعد**
**مكان العمل: جامعة الكوفة/ كلية التربية للبنات**
**التاريخ: / / 2019**

**مصادقة عمادة كلية التربية للعلوم الصرفة**

**التوقيع:**
**الاسم: أ. حسين علي عبد اللطيف**
**المرتبة العلمية: أستاذ**
**التاريخ: / / 2019**

# الأهداء

الى روح والدي (رحمه الله) وفاء وعرفانا..
الى من سقتني الود سقياً من سماحتها ....
فطاب عيشي من فيض سقياها
والدتي أطال الله في عمرها تقديرا
واحتراما...
إلى لآلئ إنفردت من عقدها فتناثرت
وأنّى لللآلئ بعضٍ من سجاياه
إخوتي واختي ... براً وحباً وتراحماً

إلى النور الذي يضيء لي الدرب كلما
حاولت ظلماء المصاعب والأقدار
أن تحجب عني الرؤيا ... والقلب النابض
بالعطاء والحب ...والأمل... زوجي
العزيز إعترافاً وشوقاً

إلى الصفحة البيضاء وحياة الصفاء..الثغر
الباسم والقلب النقي .. وروح البراءة
زينة الحياة الدنيا ..
أولادي.. محمدعلي ومحمد حسن ومحمد حسين
املا بغد مشرق

بلقيس

# الشكر والتقدير

الحمد لله الذي أنزل الماء من السماء وأحيا به الأرض بعد موتها فجعلها جنات فيحاء وحدائق غناء والصلاة والسلام على خير الأنام من بعث رحمة للعالمين وآل بيته الطيبين الطاهرين .

وبعد : أنْ مَنَّ اللهُ عليَّ بإكمال أطروحتي لا يسعني إلا أن اتقدم بجزيل الشكر ووافر الامتنان والتقدير لأستاذي القدير الدكتور محمد احمد ابريهي الانباري وأستاذتي الدكتورة نضال عبد الحسين مسان البديري على ما بذلاه من جهد وتذليل للصعاب كافة التي واجهتني وتوجيهاتهما العلمية القيمة.

ويلزمني الواجب أن أتقدم بشكري وتقديري إلى **السادة الأفاضل رئيس وأعضاء لجنة المناقشة** بقراءة وتقويم ومناقشة أطروحتي وإبداء التوجيهات العلمية القيمة من أجل إظهار الاطروحة بالمظهر العلمي اللائق. شكري وأمتناني موصول إلى عمادة كلية التربية للعلوم الصرفة / جامعة كربلاء ورئاسة قسم علوم الحياة لإتاحتهم فرصة إكمال الدراسة.

وبأسمى آياتِ العرفانِ أتوجه بالشكر الجزيل إلى جميع العاملين في محطة أبحاث الرز في المشخاب / النجف الاشرف لما أبدوه من تعاون صادق وأخص بالذكر مدير المحطة الاستاذ حميد مجيد رضيوي والاستاذ خضر عباس حميد والدكتور عبد الكاظم جواد موسى والسيد عادل الطالقاني . وأتقدم بالشكر والتقدير الى الدكتور عقيل العابدي والدكتور فوزي العبيدي لما أبدوه من مساعدة قيمة أغنت بحثي هذا.

وأرى قلمي يطمع أن يدنو من الوفاء ولكن تخذله الكلمات أمام من أعطتني كل شيء دون أن تنتظر مني شيئا والدتي العزيزة وإلى مَنْ لم أنسه يوماً والدي العزيز رحمه الله وإلى من لا تحلو الحياة من دونهم وهم ذخري وملاذي إخوتي والى زهور حياتي أولادي .

وأختار من ينابيع الكلمات أصفاها وأحلاها لأقدمها مضمخة بعبير العرفان الى زوجي العزيز (فاضل) لمساعدتهِ لي فكان لي خير العون والزاد .

تحية شكر إلى كل من وقف معي و أمدني بيد العون و ساعدني في إظهار هذه الاطروحة بهذا المستوى.

وتسترسل نفسي لتشكر كل من مد إليَّ يد العون في رحلة الدراسة ، وإني لمدينة بالجميل لكل من أغفلت أسمه سهواً وهو عند الله موجود .

والحمد لله رب العالمين

**بلقيس**

# قائمــة المحتويـــات



| ت | الموضوع | رقم الصفحة |
|---|---|---|
| | الخلاصة باللغـــة العربية | I |
| | قائمة المحتويـــــــــــات | IV |
| | قائمة الجـــداول | IX |
| | قائمة الاشكال | XI |
| | قائمة الملاحق | XIII |
| 1 | **الفصل الأول** : المـقـدمـــــــــــــة | 3-1 |
| 2 | **الفصل الثاني** : استعراض المراجـــع | 4 |
| 1-2 | تصنيف نبات الرز | 4 |
| 2-2 | الدراسة المظهرية | 5 |
| 1-2-2 | تأثير التراكيب الوراثية في صفات النمو | 6 |
| 1-1-2-2 | عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير وعدد الايام من الزراعة وحتى النضج الفسيولوجي | 8-6 |
| 2-1-2-2 | ارتفاع النبات (سم) : | 11-8 |
| 3-1-2-2 | دليل المساحة الورقية **:** | 11 |
| 2-2-2 | تاثير التراكيب الوراثية في صفات الدالية والحاصل ومكوناته : | 14 |
| 1-2-2-2 | طول الدالية (سم) : | 14 |
| 2-2-2-2 | عدد الافرع / دالية : | 15 |
| 3-2-2-2 | عدد الداليات / م$^{2}$ | 16 |
| 4-2-2-2 | عدد الحبوب المملوءة / دالية: | 18 |
| 5-2-2-2 | النسبة المئوية لعدم الخصب (%) : | 20 |
| 6-2-2-2 | وزن 1000 حبة (غم) : | 21 |
| 7-2-2-2 | الحاصل البايولوجي ( كغم . هكتار$^{-1}$) : | 24 |

# قائمة المحتويات


| | | |
|---|---|---|
| 8-2-2-2 | دليل الحصاد (%): | **25** |
| 9-2-2-2 | حاصل الحبوب ( كغم . هكتار$^{-1}$): | **27** |
| 3-2 | المعلمات الوراثية | **29** |
| 1-3-2 | التباينات الوراثية والمظهرية | **29** |
| 2-3-2 | نسبة التوريث بالمدى الواسع : ( $h^2$ bs. ) | **31** |
| 3-3-2 | الارتباطات الوراثية والمظهرية: | **33** |
| 4-2 | الدراسة الخلوية | **36** |
| 2- 4-1 | التوصيف الوراثي الخلوي للرز | **38** |
| 2 -4- 2 | اختبار معامل الانقسام الخلوي | **39** |
| 3-4-2 | الاختلالات او الطفرات | **43-40** |
| 5-2 | التوصيف الجزيئي للرز | **43** |
| 1-5-2 | مؤشـرات الدنا المعتمدة على تقانــة ال( PCR) | **46** |
| 2-5-2 | تقانة المقاطع البسيطة المتكررة او ال (SSR) | **46** |
| 3-5-2 | تطبيقات تقنية ال SSR-PCR في الرز | **47** |
| 4-5-2 | التحري عن جينات إعادة الخصوبة | **48** |
| 5-5-2 | التحري عن الجينات المتحملة للجفاف | **50** |
| 6-5-2 | التحري عن الجينات المتحملة للملوحة | **52** |
| 7-5-2 | تحديد تسلسلات القواعد النيتروجينية لجين اعادة الخصوبة في الرز | **54** |
| 3 | **الفصل الثالث** : المواد و طرائق العمل | **57** |
| 1-3 | المواد الكيميائية | **57** |
| 2-3 | الأجهزة والمعدات المختبرية | **58** |
| 3-3 | التراكيب الوراثية للرز | **59** |
| 4-3 | الدراسة المظهرية | **60** |

# قائمة المحتويات


| | | |
|---|---|---|
| 1-4-3 | الصفات المدروسة | **62** |
| 2-4-3 | التحليل الاحصائي | **64** |
| 5-3 | شجرة القرابة الوراثية | **65** |
| 6-3 | الدراسة الخلوية | **66** |
| 1-6-3 | تحضير الشرائح | **66** |
| 1-1-6-3 | تنمية البذور | **66** |
| 2-1-6-3 | المعاملة التمهيدية او الاولية | **66** |
| 3-1-6-3 | التثبيت | **67** |
| 4-1-7-3 | التحلل المائي | **67** |
| 5-1-7-3 | التصبيغ | **67** |
| 3-2-7-3 | الفحص الخلوي | **67** |
| 2-6-3 | التحليل الاحصائي لنتائج الدراسة الخلوية | **68** |
| 7-3 | الدراسة الجزيئية | **69** |
| 1-7-3 | اختيار البوادئ | **69** |
| 2-7-3 | خليط التفاعل | **70** |
| 3-7-3 | الدليل الحجمي للـ DNA | **70** |
| 4-7-3 | عزل الـ DNA من التراكيب الوراثية | **71** |
| 5-7-3 | الترحيل الكهربائي على هلام الاكاروز | **74** |
| 6-7-3 | تفاعل البلمرة المتسلسل PCR | **75** |
| 7-7-3 | تحليل نتائج بادئات ال SSR المرحلة على هلام الاكاروز | **76** |
| 8-7-3 | تحديد تسلسل القواعد النيتروجينية للحامض النووي DNA | **79** |
| 4 | النتائج والمناقشة | **80** |
| 1-4 | الدراسة الحقلية | **80** |

| | | |
|---|---|---|
| 1-1-4 | تأثير التراكيب الوراثيه في صفات النمو | **80** |
| 1-1-1-4 | عـــــدد الأيـــام مـن الزراعـــة الى 50% تزهير | **80** |
| 2-1-1-4 | عدد الأيام من الزراعة حتى النضج الفسيولوجي | **80** |
| 3-1-1-4 | ارتفاع النبات ( سم) | **82** |
| 4-1-1-4 | دليل المساحة الورقية | **83** |
| 2-1-4 | تأثير التراكيب الوراثية في صفات الدالية والحاصل ومكوناته | **84** |
| 1-2-1-4 | طول الدالية (سم) | **84** |
| 2-2-1-4 | عدد الافرع / الدالية | **84** |
| 3-2-1-4 | عدد الداليات / م$^{2}$ | **84** |
| 4-2-1-4 | عدد الحبوب المملوءة / الدالية | **86** |
| 5-2-1-4 | النسبة المئوية لعدم الخصب (%) | **87** |
| 6-2-1-4 | وزن 1000 حبة (غم) | **88** |
| 7-2-1-4 | الحاصل البايولوجي (كغم .هكتار$^{-1}$) | **89** |
| 8-2-1-4 | دليل الحصاد HI (%) | **90** |
| 9-2-1-4 | حاصل الحبوب ( كغم . هكتار$^{-1}$) | **91** |
| 2-4 | التباينات الوراثية والمظهرية | **92** |
| 3-4 | نسبة التوريث بالمعنى الواسع | **94** |
| 4-4 | الارتباطات الوراثية والمظهرية | **95** |
| 5-4 | الدراسة الخلوية | **103** |
| 1-5-4 | دراسة العدد الكروموسومي | **103** |
| 2-5-4 | عدد الخلايا الكلي (المشاهدة) لقمم أطراف الجذور | **103** |
| 3-5-4 | عدد الخلايا المنقسمة لقمم أطراف الجذور | **104** |
| 4-5-4 | دليل الانقسام الخلوي (%) لخلايا قمم أطراف الجذور | **104** |

# قائمة المحتويات


| | | |
|---|---|---|
| 5-5-4 | التشوهات الكروموسومية | **106** |
| 6-4 | الدراسة الجزيئية | **114** |
| 1-6-4 | عزل DNA المجيني | **114** |
| 2-6-4 | تحليل تقنية التكرارات التتابعية البسيطة SSR | **115** |
| 1-2-6-4 | البادئ RM171 | **117** |
| 2-2-6-4 | البادئ RM216 | **119** |
| 3-2-6-4 | البادئ RM585 | **121** |
| 4-2-6-4 | البادئ RM8085 | **124** |
| 3-6-4 | البعد الوراثي وشجرة العلاقة الوراثية | **131** |
| 1-3-6-4 | شجرة العلاقة الوراثية | **135** |
| 7-4 | تحديد تسلسل القواعد النيتروجينية للDNA | **138** |
| 1-7-4 | تحليل الشجرة التطورية للتراكيب الوراثية للرز | **144** |
| | الاستنتاجات والتوصيات | **148** |
| | الاستنتاجات | **148** |
| | التوصيات | **149** |
| | المصادر | **151** |
| | المصادر باللغة العربية | **151** |
| | المصادر باللغة الأجنبية | **154** |
| | الملاحق | **208-188** |
| | الخلاصة باللغة الإنكليزية | **I-III** |

# قائمة الجداول


| قائمة الجداول | | |
|---|---|---|
| رقم الجدول | العنوان | رقم الصفحة |
| 1 | تصنيف نبات الرز | 4 |
| 2 | المواد الكيميائية المستعملة في هذه الدراسة | 57 |
| 3 | الأجهزة والمعدات المختبرية المستعملة في هذه الدراسة | 58 |
| 4 | التراكيب الوراثية المدروسة مع مصدرها وأصل نشوئها | 59 |
| 5 | بعض الصفات الكيميائية والفيزيائية لتربة حقل التجربة في محطة أبحاث الرز في المشخاب | 62 |
| 6 | اسماء البادئات Primers مع تتابعاتها المستعملة في الدراسة الجزيئية | 69 |
| 7 | مكونات خليط التفاعل الرئيس | 70 |
| 8 | تأثير التراكيب الوراثية من الرز في صفات النمو | 81 |
| 9 | تأثير التراكيب الوراثية من الرز في صفات الدالية والحاصل ومكوناته | 85 |
| 10 | التباين المظهري والوراثي ونسبة التوريث بالمعنى الواسع (%) للصفات المدروسة | 93 |
| 11 | قيم الارتباط المظهري للتراكيب الوراثية مع الصفات المدروسة | 97 |
| 12 | قيم الارتباط الوراثي للتراكيب الوراثية مع الصفات المدروسة | 98 |

# قائمة الجداول


| | | |
|---|---|---|
| 13 | تأثير التراكيب الوراثية من الرز على بعض المؤشرات الخلوية | **105** |
| 14 | أنواع التشوهات الكروموسومية في القمم النامية لأطراف جذور نبات الرز | **107** |
| 15 | عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM171 | **119** |
| 16 | عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM216 | **121** |
| 17 | عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM585 | **123** |
| 18 | عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM8085 | **125** |
| 19 | نتائج البادئات في إعطاء البصمة الوراثية المميزة للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة | **128** |
| 20 | ملخص نتائج تحليل التنوع الوراثي لخمسة عشر تركيبا وراثيا من الرز باستخدام 4 بوادئ من نوع الSSR | **130** |
| 21 | البعد الوراثي بين التراكيب الوراثية لنبات الرز قيد الدراسة باستعمال تحليل الSSR | **133** |
| 22 | معامل التشابه الوراثي للتراكيب الوراثية من الرز باستعمال تحليل السكونس لناتج تضاعف الحامض النووي للبادئ RM171 لجين اعادة الخصوبة $Rf_4$ | **139** |

# قائمة الاشكال


| قائمة الاشكال | | |
|---|---|---|
| رقم الشكل | العنوان | رقم الصفحة |
| 1 | التحليل التجمعي Cluster analysis وشجرة القرابة Dendrograme تبين العلاقة الوراثية لخمسة عشر تركيبا وراثيا من الرز قيد الدراسة اعتمادا على الصفات المظهرية وحسب طريقة ال (UPGMA). | **101** |
| 2 | تحليل Principal Component Analysis (PCA) لتوزيع الخمسة عشر تركيبا وراثيا من الرز والمزروعة في العراق وحسب المستوى المتعامد على وفق نتائج الدراسة المظهرية | **102** |
| 3 | معدل دليل الانقسام MI % في القمم النامية لجذور التراكيب الوراثية من الرز | **106** |
| 4 | نسبة التشوهات الكروموسومية لخلايا القمم النامية لجذور التراكيب الوراثية للرز | **108** |
| 5 | العدد الكروموسومي (2n) في الطور الاستوائي لخلايا القمم النامية في جذور نبات الرز | **111** |
| 6 | بعض التشوهات الكروموسومية في الطورين الانفصالي والنهائي لخلايا القمم النامية في جذور نبات الرز | **112** |
| 7 | بعض حالات الانقسامات في الخلايا المرستيمية للقمم النامية لجذور نبات الرز | **113** |
| 8 | عينات DNA المعزولة من التراكيب الوراثية للرز والمرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 1% مع ( M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصف | **115** |
| 9 | ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM171 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% (M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصف | **117** |
| 10 | ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM216 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% ( M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصف | **120** |

# قائمة الاشكال


| | | |
|---|---|---|
| 11 | ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM585 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% ( M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصــف | **122** |
| 12 | ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM8085 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% (M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصــف | **124** |
| 13 | التحليل التجمعي لشجرة العلاقة الوراثية Neighbor -joining method لخمسة عشر تركيبا وراثيا من الرز باستعمال 4 من بوادئ ال SSR | **136** |
| 14 | محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ RM171 للتركيب الوراثي Khazar قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي برنامج 4 | **140** |
| 15 | محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ RM171 للتركيب الوراثي عنبر بغداد قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي ياسمين | **141** |
| 16 | محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ RM171 للتركيب الوراثي عنبر فرات قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي العباسية | **141** |
| 17 | محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ RM171 للتركيب الوراثي سومر قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي Nipponbare | **142** |
| 18 | محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ RM171 للتركيب الوراثي Neda قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي مشخاب-1 | **143** |
| 19 | متعددة الاصطفاف تبين بعض التشابه والاختلاف في بعض مناطق تسلسلات القواعد النيتروجينية (Sequence alignments) الناتجة من نواتج الحامض النووي ( PCR product) المضاعفة للتراكيب الوراثية من الرز | **145** |
| 20 | شجرة التحليل الوراثي تبين العلاقة الوراثية للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة | **146** |

# قائمة الملاحق


| قائمة الملاحق | | |
|---|---|---|
| رقم الملحق | العنوان | رقم الصفحة |
| 1 | تحليل التباين لصفات النمو والحاصل ومكوناته لتراكيب وراثية من الرز بمتوسطات المربعات (M.S.). | **188** |
| 2 | معدلات درجات الحرارة العظمى والصغرى الشهرية في محافظة النجف الأشرف (حزيران- كانون الأول 2018). | **189** |
| 3 | تحليل التباين لصفات عدد الخلايا الكلي والمنقسمة ودالة الانقسام للتراكيب الوراثية من الرز بمتوسطات المربعات (M.S.). | **190** |
| 4 | المحاذات وتسلسل القواعد النيتروجينية لنواتج الحامض النووي المضاعفة للبادئ RM171 للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة | **191** |
| 5 | متعددة الاصطفاف وشجرة العلاقة الوراثية للتراكيب الخمسة عشرمن الرز مع التراكيب الوراثية المسجلة في موقع بنك الجينات والمسجلة عالميا في ال( NCBI) | **206** |

## الخلاصة

تضمن البحث دراسة خمسة عشر تركيباً وراثيا من الرز ( محلية ومدخلة ) بهدف إجراء دراسة مظهرية وخلوية وجزيئية باستعمال عدد من المؤشرات . أجريت تجربة حقلية في محطة أبحاث الرز في المشخاب التابعة لمحافظة النجف الاشرف وخلال الموسم الزراعي الصيفي (2018) وحسب تصميم القطاعات العشوائية الكاملة Randomized Complete Block Design (RCBD) وبثلاث مكررات لتقييم أداء خمسة عشر تركيباً وراثيا من محصول الرز *Oryza sativa* L.، وتحديد اكثر الصفات ارتباطا بحاصل الحبوب وعدها أدلة إنتخابية .

تم دراسة عدد من الصفات وهي عدد الأيام من الزراعة الى 50% تزهير، عدد الأيام من الزراعة وحتى النضج الفسلجي، ارتفاع النبات ، دليل المساحة الورقية ، طول الدالية ، عدد الافرع / الدالية ، عددالداليات/م$^2$ ، عدد الحبوب المملوءة في الدالية ، النسبة المئوية لعدم الخصب ، ووزن 1000 حبة، الحاصل البايولوجي ، دليل الحصاد وحاصل الحبوب، قورنت المتوسطات باستعمال أقل فرق معنوي عند مستوى احتمالية 0.01 .

أوضحت النتائج أنَّ التراكيب الوراثية أثّرَّت معنوياً في الصفات المدروسة إذ أعطى التركيب الوراثي Gohar أعلى قيم لعدد الداليات/م$^2$ ، وعدد الحبوب في الدالية. ومن جانب آخر أعطى أعلى قيمة في حاصل الحبوب. نسبة التوريث بالمدى الواسع كانت عالية ولجميع الصفات المدخلة عدا صفة نسبة عدم الخصب التي كانت متوسطة . تحققت أعلى التباينات الوراثية والمظهرية لجميع الصفات وكانت لارتفاع النبات ، عدد الداليات/م$^2$ ، عدد الحبوب في الدالية ، والحاصل البايولوجي، وحاصل الحبوب لذا فأن فرص نجاح الانتخاب ستكون أكبر لهذه الصفات لوجود تغايرات كبيرة. حقق حاصل الحبوب أعلى أرتباط وراثي ومظهري معنوي موجب مع عدد دليل الحصاد ويليه عدد الحبوب في الدالية و بلغ 0.76 و0.73 بالتتابع لصفة دليل الحصاد و 0.49 و 0.38 بالتتابع لعدد الحبوب في الدالية .

بينت هذه الدراسة أنَّ زراعة التركيب الوراثي Gohar حقق أعلى حاصل ، ويمكن استعمال دليل الحصاد كمعيار إنتخابي لتحسين الحاصل الحبوبي لمحصول الرز بسبب تحقيق هذه الصفة أعلى ارتباطات وراثية ومظهرية وأعلى نسبة توريث .

أمَّا بالنسبة للدراسة الخلوية فقد تم اخذ التراكيب الوراثية وتنمية البادرات كافة في أطباق بتري حاوية على ورق ترشيح وبعد مرور 1-2 اسبوع استأصلت القمم النامية بهدف دراسة العدد الكروموسومي، عدد الخلايا الكلي، عدد الخلايا المنقسمة ودليل الانقسام الخلوي لقمم الجذور، ورصد بعض حالات الزيغ الكروموسومي وحساب النسبة المئوية للتشوهات الكروموسومية. أظهرت النتائج ان التراكيب الوراثية كانت بحالة استقرار وراثي على مستوى العدد الكروموسومي وفي حالة تضاعف حقيقي ، تفوق التركيب الوراثي Gohar معنوياً ، إذ أعطى أعلى معدل لكل من عدد الخلايا الكلي وبلغ 183.2 خلية ، وعدد الخلايا المنقسمة بلغت 15.20 خلية ، ومعدل دليل الانقسام بلغ 8.43 . وبيَّنت النتائج أيضا وجود بعض الأنواع من التشوهات الكروموسومية.

أمَّا بخصوص الدراسة الجزيئية فقد تم استعمال مؤشرات التكرار المتسلسل البسيطة Simple Sequence Repeat (SSR) والمعتمدة على تفاعلات انزيم البلمرة المتسلسل Polymerase Chain Reactions (PCR ) اذ تم عزل DNA من أوراق التراكيب الوراثية من الرز بعد 25 يوم من زراعتها . أظهرت نتائج التشخيص الحصول على 21 اليل باستعمال 4 من البوادئ وتراوحت أحجامها الجزيئية بين 142.947- 344.366 زوج قاعدي ، بلغ أكبر عدد اليلات 7 اليل سجله البادئ RM171 ، فيما بلغ أقل عدد اليلات 4 اليل سجلها كل من البادئ RM216 و RM8085 .اما محتوى التنوع الوراثي Polymorphism information content (PIC) الذي يمثل انعكاس للتنوع الاليلي بين التراكيب الوراثية فتراوحت قيمته بين 0.5198- 0.8006 ، فيما تراوحت قيم التنوع الوراثي بين 0.5711-0.8244 وسجل البادئ RM171 أعلى قيم لمتباينة الزيجة Heterozygote بلغت 0.4000 .

وتباينت البادئات في إعطاء البصمة الوراثية المميزة للتراكيب فيما بينها إذ أعطى البادئ RM171 بصمة وراثية مميزة لأربعة من التراكيب الوراثية، هي عنبر بغداد ، عنبر مناذرة ، برنامج 4 و Neda ، فيما لم يعطِ البادئ RM8085 بصمة لأي تركيب وراثي . سجل أقل بعد وراثي بين التركيب الوراثي Neda وNemat بلغ 0.13279 وهذا يعني وجود تشابه بدرجة عالية بين التركيبين الوراثين .

إنَّ نسبة التشابه الوراثي لجميع التراكيب الوراثية تراوحت بين 0.29647 و 0.86721 اعتمادا على قيم الأبعاد الوراثية التي تراوحت بين 0.13279 – 0.70353 والتي تشير الى نسبة التنوع الوراثي الكبير التي تراوحت بين 29 -86 % وهذا يكشف عن تباين وراثي عالي

بين التراكيب الوراثية مما يجعلها مصادر وراثية مهمة . بينت نتائج التحليل التجميعي عن تكون مجموعتين رئيستين Main Cluster ضمت الاولى 12 تركيبا وراثيا فيما ضمت الثانية ثلاثة تراكيب وراثية، ولم توزع التراكيب الوراثية بشكل عشوائي بل وزعت اعتمادا على الأصل او السلف المشترك ، وهذا يرجع الى كفاءة مؤشرات SSR في الكشف عن التنوع الوراثي في نبات الرز، أمكن بواسطة مؤشرات التكرار المتسلسل البسيطة من الكشف عن مواقع الصفات الكمية المرتبطة بصفة تحمل الجفاف والملوحة والجينات الخاصة بإعادة الخصوبة . وتم استعمال تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل Polymerase chain reaction (PCR) وتحديد التتابع النيوكلوتيدي (Nucleotide sequence) لحزم الحامض النووي المضاعفة باستعمال البادئ RM171 .

أظهرت نتائج تحليل تسلسل القواعد النيتروجينية لنواتج PCR products المضاعفة وباستعمال برنامج Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ان جميع التراكيب الوراثية المشخصة هي عائدة الى جنس ال *Oryza sativa* L. ، اذ بينت الدراسة وجود تباين وراثي فيما بينها من جهة وبين التراكيب الوراثية الاخرى العائدة للنبات نفسِهِ والمثبتة في قاعدة بيانات المركز الوطني لمعلومات التقنية الحياتية National Center for Biotechnology Information (NCBI) . أثبتتْ النتائج أنَّ خمسة تراكيب وراثية من بين التراكيب الوراثية للرز قيد الدراسة هي غير مسجلة سابقا في المركز الوطني لمعلومات التقنية الحياتية (NCBI ) ، وهي سومر ، عنبر فرات ، Khazar ، Neda وعنبر بغداد ، لذا تم تسجيلها وتحت ارقام الادخال التالية : Accession number وهي MK419157 و MK419158 و MK419159 و MK419160 و MK419161 وعلى التوالي.

# الفصل الأول

# المقدمة

# INTRODUCTION

## 1-المقدمـــة Introduction :

تؤدي المحاصيل الحقلية دوراً مهماً وإيجابياً في حياة مختلف الشعوب، ومن هذه المحاصيل يتربع محصول الرز (*Oryza sativa* L.) الذي يعد بمثابة الحياة لمعظم سكان العالم وهو راسخ رسوخاً ثابتاً في تراث العديد من المجتمعات، إذ يمثل غذاء الإنسان ومادته الرئيسة وهو من أهم المحاصيل الغذائية الإستراتيجية الرئيسة والمهمة لما يزيد على أكثر من نصف سكان العالم؛ لما يمتاز به من أهمية ملحوظة ذات علاقة مباشرة في حماية الأمن الغذائي العالمي (Ullah واخرون ، 2018) . ويأتي الرز بالمرتبة الثانية بعد الحنطة *Triticum aestivum* L. من حيث المساحات المزروعة والانتاجية، وان أكثر من 90 % من الرز ينتج ويستهلك في آسيا (Rao واخرون ، 2016 ) وتركزت عليه الدراسات والبحوث الزراعية؛ لأن الحاجة إليه تزداد مع زيادة عدد السكان؛ لذا أصبح من المهم أستثمار السبل كافة لزيادة إنتاج هذا المحصول، ومن المتوقع أن يصل عدد سكان العالم إلى 8 مليار نسمة في حلول عام 2030 ، ومن ثمَ يجب أن يزداد إنتاج الرز بنسبة 50 ٪ وذلك من أجل تلبية متطلبات النمو والزيادة السكانية (Miah وآخرون ، 2013). ومع ذلك وبتزايد عدد سكان العالم تدريجيا في ظل تدهور البيئة والأمن الغذائي أصبح ضروريا زيادة انتاجية هذا المحصول؛ لأنَّه يمثل إحدى التحديات الكبرى للحفاظ على الأمن الغذائي لا سيما في دول آسيا وأفريقيا ( Sasson ، 2012). يعد الرز أحد المحاصيل الغذائية التي تتجه متوسطات استهلاكه نحو التزايد وباستمرار ولاسيما في الوطن العربي . أما في العراق فيعد الرز المحصول الستراتيجي الثاني بعد الحنطة من حيث المساحة المزروعة والإنتاجية، والذي يزرع بمساحة (55525) هكتار وبإنتاج سنوي (265900) طن وبمعدل إنتاجية 4.78 طن.هـ$^{-1}$ (الجهاز المركزي للاحصاء ، 2017). وهذه المساحة ومعدل الإنتاجية متدنية بالمقارنة مع إنتاجية هذا المحصول في الولايات المتحدة

الامريكية والصين والبالغة 8.11 و6.86 طن.هـ$^{-1}$ على التوالي (Anonymous ، 2017). ولغرض تحسين هذا المحصول وزيادة إنتاجيته يتطلب وضع الخطط للإستفادة من تقييم التراكيب الوراثية الموجودة والمدخلة عن طريق إدخال تراكيب وراثية من خارج البلد ، وتعد طريقة الادخال Introduced للتراكيب الوراثية من طرائق التربية المهمة في استنباط تراكيب وراثية جديدة بعد تقويمها لمعرفة مدى ملائمتها لظروف البلد وتعميم زراعتها او استعمالها في برامج التربية مع التراكيب الوراثية المحلية لنقل بعض الصفات المرغوبة فيها بالتهجين او في تحسين معدل الإنتاج كماً ونوعاً. وهذا يعتمد على استعمال بعض المؤشرات ومنها المعتمدة على الصفات المظهرية ، وإنَّ معرفة الارتباطات الوراثية والمظهرية تلعب دوراً هاماً لدى مربي النبات في تشخيص الصفات الاكثر ارتباطا بالحاصل لتشخيص أدلة انتخابية يهتدي بها مربو النبات في برامج التربية لاستنباط تراكيب وراثية جديدة ذات حاصل عالي واكثر ملائمة للظروف البيئية. فضلاً عن المؤشرات الخلوية واهميتها لتقدير حالة الاستقرار والثبات الكروموسومي والجزيئية اللتين تعدان من الادوات المهمة لدراسة التباين الوراثي وارتباطهما مع التباين المظهري (Varshney واخرون، 2008 و Yadaw واخرون، 2013). وإذ تعد المؤشرات الجزيئية ومنها مؤشرات الMicrosatellite markers التي تعرف بمؤشرات التكرارات الترادفية البسيطة (SSR) من أهم مؤشرات DNA التي تعتمد على تقانة تفاعل انزيم البلمرة المتسلسل Polymerase Chain Reaction وهي اداة قوية وفاعلة في دراسة التنوع الوراثي في الكائنات الحية، والكشف عن علاقات القرابة الوراثية وتحليل العلاقات التطورية والنشـــوء، وايجاد البصمة الوراثية الجزيئية المميزة للتراكيب الوراثية (Grandón واخرون، 2015).

وبناء على ماتقدم فان الهدف من الدراسة مايلي :-

**1.** تقييم أداء عدد من التراكيب الوراثية المحلية والمدخلة ، وتشخيص التباينات والارتباطات الوراثية والمظهرية بين الصفات لتحديد المعيار الانتخابي الأمثل ورفد البرنامج الوطني للرز في

العراق بالمعلومات والبيانات العلمية الدقيقة للاستفادة منها في تطوير واستنباط تراكيب وراثية واعدة ومتميزة ذات حاصل عالي .

2. دراسة الهيئة الكروموسومية للتراكيب الوراثية لأهيتها في برامج تربية النبات وتحسينه ؛ لتقدير حالة الاستقرار والثبات الكروموسومي في الانقسامات التي تعد مؤشراً لاستقرار التراكيب الوراثية ودراسة التغايرات الكروموسومية لها في خصائص الكروموسومات التي غالبا ما تعكس اختلافات وراثية بينها ، فضلاً عن معرفة الاختلافات والانحرافات او الشذوذات الكروموسومية.

3. الكشف عن التباينات الوراثية لجينوم التراكيب الوراثية للرز وتقدير البعد الوراثي ليتسنى توجيه مربي النبات بالاختيار المناسب للآباء لإجراء عمليات التربية مستقبلا وإعطائه فرصة في تحسين إنتاجية المحصول بإدخاله في برامج استنباط هجن يمكن الانتخاب منها مستقبلا.

4. إيجاد البصمة الوراثية الجزيئية المميزة للتراكيب الوراثية الداخلة في الدراسة التي تعد بمثابة الهوية الوراثية (التوثيق الجيني) وبذلك يتم المحافظة على حقوق مربي النبات. فضلاً عن تحديد العلاقة الوراثية بين التراكيب الوراثية المدروسة وذلك بتوزيع التراكيب الوراثية إلى مجاميع استناداً إلى درجة التشابه الوراثي بين تلك التراكيب وتقدير البعد الوراثي للاستفادة منه في إنتاج هجن يمكن الانتخاب منها مستقبلا ؛ لاستنباط أصناف كفؤة ذات حاصل عالي، وبذلك يتسنى للمربي توجيهها في عمليات التربية المستقبلية للرز وبرامجها .

5. معرفة التسلسل النيوكليوتيدي الناتج لبعض الجينات المهمة كأعادة الخصوبة في الرز ومقارنتها مع التسلسل النيوكليوتيدي الأصلي المعروف للكشف الطفرات الوراثية إن وجدت في العينة وتاكيداً لنتائج التشخيص الجزيئي.

# الفصل الثاني

# استعراض المراجع

# LITERATURE

# REVIEW

## 2- استعراض المراجع Review of Literature

### 2-1 تصنيف نبات الرز Taxonomy of Rice

ينتمي الرز Rice الى جنس *Oryza* والعشيرة Oryzeae او Orazoidea التي تضم 12 جنسا من العائلة النجيلية Graminae (Poaceae) (Vaughan واخرون ، 2003). التي تعد من أوسع عائلات نباتات ذوات الفلقة الواحدة Monocotyledonae ، و تضم بدورها معظم نباتات المحاصيل ، كالحنطة والشعير والذرة والرز. يوضح جدول (1) تصنيف نبات الرز استنادا الى Brar و Khush (2003).

**جدول ( 1 ) تصنيف نبات الرز**

| | |
|---|---|
| **Kingdom** | **Plantae – Plants** |
| **Subkingdom** | **Tracheobionta – Vascular plants** |
| **Superdivision** | **Spermatophyta – Seed plants** |
| **Division** | **Magnoliophyta – Flowering plants** |
| **Class** | **Liliopsida – Monocotyledons** |
| **Subclass** | **Commelinidae** |
| **Order** | **Poales** |
| **Family** | **Poaceae – Graminae** |
| **Genus** | ***Oryza* L.** |
| **Species** | ***sativa*** |

وقد حظيت العائلة النجيلية Graminae التي ينتمي إليها نبات الرز باهتمام البشرية ، إذ تحتل المرتبة الاولى من بين العائلات النباتية في أهميتها الاقتصادية فقد كانت ولا تزال محط

أنظار الباحثين في شتى المجالات بدءاً من دراسات علم المظهر التي تشكل بداية علم التصنيف ومروراً بالتشريح والتهجين والوراثة الخلوية والجزيئية والتعبير الجيني ، كونها تمثل المنبع الرئيس لغذاء الانسان والحيوان على حد سواء ، لاسيما محاصيل الحبوب مثل الحنطة (*Triticum aestivum* L.) والرز (*Oryza sativa* L.) والذرة الصفراء (*Zea mays* L.) وغيرها من الحبوب ( Simpson ، 2006) .

يتألف جنس *Oryza* من 25 نوعاً ، ويضم منها 23 نوعا برياً ونوعين منزرعة وهما الرز الاسيوي *Oryza sativa* L. والثاني الرز الافريقي *Oryza glaberrima* ( Jena ، 2010). ويضم النوع الاسيوي *O.sativa* ثلاثة نويعات Subspecies هي *Indica* و*Japonica* و *Javanica* (Siddiq واخرون ، 2012 ).

## 2-2 الدراسة المظهرية Morphological study :

اعتمدت دراسات التنوع الوراثي ولعقود طويلة على المؤشرات المظهرية لاظهار التباين بين الافراد، فهي مهمة لمربي النبات؛ لأنَّها تكشف عن صفات مهمة لمربي النبات وإنها ضرورية في الدراسة التصنيفية للنباتات، التي لايمكن الاستغناء عنها؛ إذ تعتمد على الصفات الكمية وتمتاز بالسهولة وقلة تكلفتها؛ لأنَّها الطريقة الاسهل والاقدم والاقل تعقيدا. وتعد ضرورية لتقييم التراكيب الوراثية وتشخيص المتفوق منها حقليا.

## 2-2-1 تأثير التراكيب الوراثية في صفات النمو:

### 2-2-1-1 عدد الأيام من الزراعة الى 50% تزهير، وعدد الأيام من الزراعة وحتى النضج الفسيولوجي :

يشير مصطلح التبكير(Earliness) في محصول الرز الى التزهير وظهور تفتح الازهار، فيما يشير مصطلح النضج (Ripining ) الى نضوج حبوب الرز ، التي غالبا مايعبر عنها بأيام مابعد االزراعة (Bonhomme واخرون ، 1994). بَينَّ Yoshida (1972) انه في الرز بالرغم من الاختلاف الكبير الموجود في طول فترة النمو الا ان هناك اختلافا قليلا نسبيا في المدة من تخليق الدالية الى مرحلة طرد الداليات وتحت الظروف الطبيعية للمحصول، وان الاختلاف الواسع في طول مدة النمو ناشئ عن الاختلاف في طول مدة النمو الخضري. وان التراكيب الوراثية المبكرة النضج في الرز تكون مدة نمو الدالية فيها قصيرة نسبيا ، وان تقصير مدة نمو الدالية يصاحبه عادة نقص في الحاصل.

أشار Vegara واخرون (1991) الى ان مواصفات نبات الرز الجيد انه يكون ذو مدة نمو متوسطة ، حيث ان الكاربوهيدرات بامكانها التراكم قبل طرد الداليات ، بينما التراكيب الوراثية التقليدية تكون ذات مدة نمو طويلة مقارنة بالتراكيب الوراثية عالية الحاصل ، والتي تتراكم فيها الكاربوهيدرات بالساق قبل المرحلة التكاثرية. أشار Ahmadikhan (2010) الى ان التاثيرات الوراثية الاضافية ربما تكون هي السائدة والمهيمنة على صفة عدد الايام الى التزهير.

أظهرت نتائج Hiroyuki واخرون (2004) عند اختبارهما ثلاثة تراكيب وراثية ذات فترات نمو مختلفة قصيرة ومتوسطة وطويلة وجود اختلافات معنوية واضحة في عدد الايام من الزراعة الى 75% تزهير. واشار Freshtch واخرون (2004) ان التراكيب الوراثية اليابانية المحسنة وصلت الى 75% تزهير ب (110-116) يوم ابكر من التراكيب الهندية المحسنة التي احتاجت الى (118-128 )

يوم. بين Menete واخرون ( 2008 ) في دراسة اجريت في الهند استُعمل فيها تركيبان وراثيان من الرز تفوق فيها التركيب ITA312 معنوياً اذ سجل اعلى متوسط لعدد الايام من الزراعة الى التزهير بلغ 112.2 يوم بالمقارنة بالتركيب IR52 الذي أعطى أقل متوسط بلغ 107.2 يوم .

أوجد Mannan واخرون (2009) في بنغلادش عند زراعتهم خمسة تراكيب وراثية من الرز (Basmati ، PNR ، Basmati 370 ، Basmati 375 ، Basmati-D) تفوق التركيب الوراثي (Basmati-D) بإعطائه أعلى معدل لعدد الايام من الزراعة الى التزهير بلغ 120 يوم، فيما أعطى التركيب الوراثي Basmati أقل متوسط بلغ 93 يوم .

أشار Jamal واخرون (2009) في دراستهم على محصول الرز في باكستان الى وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفات النمو الخضري حيث أعطى التركيب الوراثي J.P.5 أعلى معدل لعدد الايام من الزراعة الى مرحلة التزهير 50 % ومن الزراعة الى النضج الفسلجي والذي بلغ 85.7 و 110.7 يوم على التوالي ، بينما أعطى التركيب الوراثي YUNLEN2 أقل معدل لعدد الايام بلغ 59.7 و 96.7 يوم على التتابع.

ذكر المشهداني (2010) في العراق تفوق التركيب الوراثي عنبر33 في صفة عدد الايام من الزراعة للتزهير50% وعدد الايام من الزراعة للنضج الفسلجي بمتوسطين بلغا 111.44 يوم و 143.94 يوم على التوالي وسجل التركيب الوراثي فرات1 أقل عدداً للأيام من الزراعة الى النضج الفسلجي بمتوسط بلغ 140.94 يوم ، وحقق التركيب ياسمين أقل عدد أيام من الزراعة الى التزهير50% بلغ 107.87 يوم .

بين Sadeghi و Danesh (2011) في ايران عدم وجود فروق معنوية بين التراكيب الوراثية المختلفة من الرز ( Hashemi ، Binam ، Rozajo و Khazar ) في صفة عدد الايام من الزراعة وحتى النضج الفسلجي. وأشار AbouKhalifa و El-Rewainy ( 2012 ) في مصر

تفوق التركيب الوراثي Sakha106 في صفة عدد الايام الى التزهير بمتوسط بلغ 102 يوم قياساً بالتراكيب الوراثية الاخرى، في حين سجل التركيب الوراثي G.Z.9362 اقل متوسط بلغ 104 يوم.

بين Birhane ( 2013 ) في دراسته الحقلية على ستة تراكيب وراثية من محصول الرز في أثيوبا وهي ( AD-048 ، Kokit ، N-3 ، N-4 ، Tigabe و X-Jegna ) تفوق التركيب الوراثي N-4 في متوسط عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير بلغ 118.6 يوم ، فيما أعطى التركيب الوراثي (X-Jegna) أعلى معدل لعدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير وبلغ 130 يوم .

توصل المالكي ( 2013 ) في العراق عند زراعته أربعة تراكيب وراثية من الرز ( بغداد ، فرات ، المناذرة و عنبر 33 ) الى أن التركيب الوراثي المناذرة حقق فرقا معنوياً في عدد الايام من الزراعة حتى 50 % تزهير وبمتوسط بلغ 103.5 يوم فيما حقق التركيب الوراثي عنبر 33 أقل متوسط وبلغ 113.7 يوم.

أكدت نتائج الطاهر ( 2013 ) في العراق وجود فروق معنوية بين التراكيب الوراثية ولأغلب صفات النمو حيث حقق التركيب الوراثي RP-2235 الذي أعطى اقل عدداً للأيام من الزرعة الى التزهير بلغ 99.1 و 99.8 و 97.7 يوم لثلاثة سنوات متتالية ، بينما أعطى التركيب الوراثي عنبر 33 اعلى متوسط بلغ 110 و 108.8 و 107.3 يوم لثلاثة سنوات على التوالي .

أوجد Abou-Khadrah واخرون (2014) في مصر تفوق التركيب الوراثي GZ-9057 في صفة عدد الأيام من الزراعة الى النضج إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 129.8 يوم مقارنة بالتركيبين الوراثيين Sk.105 و GZ-7112 اللذين أعطيا أقل متوسطين بلغا 127.3 و 124.4 يوم على التوالي .

### 2-2-1-2 ارتفاع النبات (سم) :

تعد صفة ارتفاع النبات من الصفات الكمية الاساسية التي تقع تحت تأثير السيطرة الوراثية ، وتتأثر بدرجة كبيرة بعوامل البيئة وعوامل النمو (Mohammad واخرون ، 2002)، وتمتلك مدى

واسعا من التغايرات فيما بينها. وتكمن أهمية هذه الصفة كونها من الصفات الحقلية المهمة ذات العلاقة بالمقاومة للاضطجاع فكلما قصر النبات وتغلظ الساق كلما كانت مقاومته أكبر للاضطجاع مما يؤدي الى قلة الفقد الميكانيكي بالحاصل. ويعرف ارتفاع النبات في الرز بأنه المسافة بين سطح التربة وقمة أعلى ورقة أو دالية (IRRI ، 2007).

إن من مواصفات الطراز الجيد لمحصول الرز ان يكون متوسط الارتفاع ، ويرافق ذلك الزيادة في قدرته على التفريع وزيادة عدد الداليات ، ولإسنادها يتطلب ذلك ساقا سميكا لتقليل احتمالية الاضطجاع ، إذ تمتلك السيقان السميكة حزم وعائية اكثر ومساحة اكبر لتراكم الكاربوهيدرات. تمتاز التراكيب الوراثية ذات الحاصل العالي بأن تكون منخفضة الارتفاع وهذا بدوره يؤدي الى الزيادة في دليل الحصاد.

بين Akram واخرون ( 2007 ) في تجربة حقلية اجريت في ايران على نبات الرز استعملوا فيها ستة تراكيب وراثية تفوق التركيب الوراثي Pk5261-1-2-1 معنوياً إذ أعطى أعلى متوسط لارتفاع النبات بلغ 153 سم مقارنةً بالتراكيب الأخرى، في حين سجل التركيب الوراثي 98409 اقل متوسط بلغ 116 سم .

أظهرت نتائج Abou-Khalifa (2009) بعد تطبيقهُ دراسة بحثية على الرز في مصر، إذ أعطى التركيب الوراثي H2 أقل متوسط لارتفاع النبات بلغ 91.28 سم ، قياسا بالتراكيب الاخرى ( H1 ، GZ6522 ، GZ6903 ) التي أعطت أعلى المتوسطات بلغت ( 95.44 ، 93.56 ، 95.44 ) سم بالتتابع.

أشار Jamal واخرون (2009) في دراستهم على محصول الرز في باكستان الى وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفات النمو الخضري حيث اعطى التركيب J.P.5 أعلى متوسط بلغ 124.9 سم مقارنةً بالتراكيب الاخرى، في حين سجل التركيب الوراثي YUNLEN2 أقل متوسط

والذي بلغ 82.2 سم. وبين المشهداني (2010) في العراق تفوق التركيب الوراثي عنبر33 في اعطائه اعلى متوسط لا ارتفاع النبات بلغ 139.59 سم، بينما أعطى التركيب الوراثي فرات1 أقل إرتفاعاً للنبات بمتوسط بلغ 78.10 سم.

بين Faghani واخرون (2011) في دراسة اجراها على تراكيب وراثية من الرز تفوق فيها التركيب الوراثي Mahali Tarom باعطائه أعلى متوسط لا ارتفاع بلغ 149.9 سم ، في حين اعطى التركيب الوراثي Hashemi Tarom اقل متوسط بلغ 146.7 سم .

اشار Birhane ( 2013 ) في دراسته الحقلية على محصول الرز في أثيوبا عند استعماله لستة من التراكيب الوراثية هي ( AD-048 ، Kokit ، N-3 ، N-4 ، Tigabe و X-Jegna ) تفوق التركيب الوراثي X-Jegna معنوياً في صفة ارتفاع النبات حيث أعطى أعلى متوسط بلغ 95.7 سم ، فيما أعطى التركيب الوراثي Kokit أقل متوسط بلغ 78.9 سم .

ذكر المالكي ( 2013 ) عند زراعته أربعة تراكيب وراثية من الرز هي ( بغداد وفرات والمناذرة وعنبر 33) تفوق التركيب الوراثي بغداد معنوياً باعطائه أعلى متوسط بلغ 119.72 سم، بينما أعطى التركيب الوراثي فرات أقل متوسط بلغ 100.11 سم.

توصل Roy واخرون ( 2014 ) في دراسته على محصول الرز في بنغلادش الى تفوق التراكيب الوراثية Kali boro ، Bapoy ، Latai balam ، Choite boro معنوياً حيث سجلت أعلى متوسطات لارتفاع النبات بلغت 114.8 ، 123.8 ، 117.2 ، 122.9 سم على التوالي ، مقارنة بالتراكيب الاخرى ( Nayonmoni ، Tere bale ، Bere ratna ، Ashan boro ، Kajol lata ، GS one ، Koijore ، Sylhety boro ) فيما أعطى التركيب الوراثي GS one أقل متوسط لأرتفاع النبات بلغ 81.13 سم .

أكد كشكول (2014) في دراسته لتراكيب وراثية محلية من الرز في العراق تباين التراكيب فيما بينها في هذه الصفة. وفي دراسة لمعهد بحوث الرز في بنغلادش حول تراكيب وراثية مختلفة لمحصول الرز، وجد تفوق التركيب الوراثي IR83377-B-B93-3 معنويا في صفة ارتفاع النبات، إذ أعطى أعلى متوسط لموسمين بلغ 111 سم، فيما أعطى التركيب الوراثي Binad han-7 أقل متوسط بلغ (98 و97) سم على التوالي (Sarkar واخرون ، 2015) .

اوجد Isa واخرون (2015) في مدينة بنغلادش عند تنفيذة لتجربة بحثية تضمنت ستة تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيب الوراثي MALOTI معنويا في صفة ارتفاع النبات، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 126سم، فيما أعطى التركيب الوراثي BRRI dhan62 أقل متوسط بلغ 93 سم. وبينَّ Wiangsamut واخرون (2015) ان التراكيب الوراثية من الرز تبدي اختلافاً وتغايرا فيما بينها في هذه الصفة.

أشار Haque و Pervin ( 2015 ) في بنغلادش عند زراعتهما ثلاثة أصناف للرز Moulata ، Shakorkura و BRRI dhan51 حقق التركيب الوراثي BRRI dhan51 معنوياً على باقي التراكيب الاخرى في معدل ارتفاع النبات إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 129 سم ، فيما أعطى التركيب الوراثي Moulata أقل متوسط بلغ 126 سم.

### 2-2-1-3 دليل المساحة الورقية Leaf Area Index (LAI) :

الورقة هي مصنع المواد الغذائية للنبات وأن قياس مساحتها له أهمية واضحة في إبراز القدرة الإنتاجية للنبات ، ويعدَّ قياس مساحة الاوراق عاملا ضروريا لتحليل النمو الفسيولوجي ، وتتأثر هذه المساحة بالتنافس بين النباتات على كل من الضوء والماء والعناصر الغذائيه (Ata-Ul-Karim واخرون، 2014). ويعد دليل المساحة الورقية مقياساً ذا دلالة مظهرية، و من الصفات المهمة جداً

وخاصة في البحوث الحقلية (Soltani وGaleshi، 2002) ويشير الى نسبة مساحة الاوراق الى مساحة سطح الارض ( التربة) التي يشغلها النبات (Stroppiana واخرون، 2006) .

يتأثر مقدار الاشعاع الشمسي المعترض عادة بدليل المساحة الورقية ولهذا المقياس أهمية في تحديد كفاءة المجموع الخضري للنبات في استقبال الطاقة الضوئية ، وان الزيادة في معدل الانتاجية يتاثر بزيادة دليل المساحة الورقية والذي يزداد بتقدم موسم النمو ليعترض اغلب الاشعة الشمسية (Liu وLi ، 2016 ).

بَينَّ كل من Yoshida وParao (1971) أن المساحة الورقية تتحدد بشكل اساسي بعدد الاشطاء في وحدة المساحة وعدد الاوراق في الشطئ الواحد ومعدل مساحة الورقة الواحدة والكثافة النباتية وان عدد الاشطاء من اكثرها تغايرا كما انه العامل الرئيس في تحديد المساحة الورقية .

أشار Yoshida (1972) الى إنّ الاختلافات في المساحة الورقية وفترة بقاءها كانتا السبب الرئيس للأختلافات في غلة الحاصل بينما كانت الاختلافات في قيمة صافي التمثيل الضوئي سببا أقل أهمية، ومن جانب آخر المساحة السطحية للورقة المعترضة للأشعاع الشمسي تعد من أكثر العوامل أهمية وبالنتيجة فأن أهمية دليل المساحة الورقية (LAI) كمحدد لانتاج المادة الجافة ومن ثَمَّ الحاصل ، وقد أعطت تفسيرا ذا تقبل واسع.

أوجد كل من Portes وCarvalho (2009) أن دليل المساحة الورقية يكون مثالياً عندما يقع قبل بدء تضليل النبات بنفسه. ذكر Kiniry واخرون (2001) أن بزيادة الكثافة النباتية ازداد دليل المساحة الورقية ووصل الى 9.8 و 12.7 عند دراسته لأ ربعة تراكيب وراثية من الرز في امريكا اختلفت معنويا في دليل المساحة الورقية.

أشار العيساوي (2004) في دراسته البحثية التي أجراها في العراق الى وجود فروقات معنوية بين التراكيب الوراثية للرز ولأغلب صفات النمو الخضري ، واستعمل خمسةَ عشرَ تركيباً وراثياً ، وسجلت

التراكيب الوراثية عنبر33 وعنبر المناذرة وعنبر بغداد أعلى المتوسطات لدليل المساحة الورقية بلغت 12.2 و 12.3 و 12.3 على التوالي بالمقارنة مع التراكيب الوراثية الاخرى بينما أعطى التركيب الوراثي IR28 أقل متوسط بلغ 5.5 .

بين Stroppiana واخرون (2006) أنَّ قيمة دليل المساحة الورقية قد بلغ من 0–0.7. وأظهرت نتائج Abou-Khalifa (2009) بعد تطبيقهُ دراسة بحثية على الرز في مصر تفوق الصنفان H1 ، GZ6903 في صفة دليل المساحة الورقية حيث بلغ متوسطاهما 5.98 ، 5.72 بالتتابع مقارنةً بالصنفين ( H2 ، GZ6522 ) اللذين أعطيا اقل متوسط بلغ 5.09 ، 5.46 على التوالي.

أكدت نتائج المشهداني (2010) وجود فروقات لعدد من التراكيب الوراثية التي اختلفت معنويا فيما بينها وإن هذا الاختلاف في متوسطات دليل المساحة الورقية عند مدد النمو المختلفة يعكس اختلاف قدرة هذه التراكيب الوراثية في إنتاج أشطاء وهذا ينعكس على اختلافها في عدد الاوراق وكذلك مساحة الورقة الفردية ومن ثم اختلافها في المساحة الورقية للنبات الكامل ، ولذلك يلاحظ تفوق التركيب الوراثي عنبر33 ذي مدة النمو الطويلة والأكثر ارتفاعا وبصورة معنوية على التركيبين الوراثيين (ياسمين وفرات1 ) في هذه الصفة، كذلك يلاحظ أنَّ التراكيب الوراثية تختلف في المدة اللازمة للوصول إلى أقصى دليل مساحة ورقية، فالتراكيب الوراثية متوسطة مدة النمو وهي الياسمين وفرات1 قد وصلت الى أعلى معدل لدليل المساحة الورقية بمدة أقصر مقارنة بالتركيب الوراثي الاطول في مدة نموه وهو العنبر 33 .

أشار Nepal (2011) في الهند في تجربته التي استعمل فيها ثلاثة تراكيب وراثية من الرز ( Sabitri ، Loktantra و Radha4 ) حيث أعطى التركيب الوراثي Loktantra أعلى متوسط لدليل المساحة الورقية بلغ 3.8 ، بينما أعطى التركيب الوراثي Radha4 أقل متوسط لدليل المساحة الورقية بلغ 3.02 .

بين كل من Abou Khalifa و El-Rewainy ( 2012 ) في مصر تفوق الصنف Sakha 106 في دليل المساحة الورقية بمتوسط بلغ 5.6 قياساً بالتراكيب الوراثية الاخرى.

توصل Abou-Khalifa وأخرون (2014) في مصر عند زراعتهم التركيب الوراثي (Sakha101) الى حصول تفوقٍ معنوي في دليل المساحة الورقية اذ حقق أعلى متوسط بلغ 6.8 مقارنةً بالتركيبين الوراثيين (Sakha 104 و Sakha 103 ) فيما سجل التركيب الوراثي Sakha 103 أقل متوسط بلغ 5.8 .

## 2-2-2 تأثير التراكيب الوراثية في صفات الدالية والحاصل ومكوناته:

### 2-2-2-1 طول الدالية (سم) :

الدالية (Panicle ) هي الجزء الأكثر وضوحاً وتميزاً في نبات الرز، و يعد طول الدالية أحد الصفات الكمية المهمة والبارزة في التراكيب عالية الإنتاجية وذات ارتباط بالحاصل ، وتختلف التراكيب الوراثية فيما بينها في طول الدالية ، ويمكن استعمال هذه التغايرات كمؤشرات رئيسة في تصنيف التراكيب الوراثية المختلفة.

تنشأ الدالية في فترة النمو السريع والفعال للنبات وهي الفترة التي يكون فيها التنافس شديداً على نواتج التمثيل الضوئي بين الدالية والاستطالة ونمو الاعضاء الاخرى كالاوراق والجذور واستطالة السلاميه الثالثه للنبات ، ويبلغ طول دالية الرز أقصاه في مرحلة التزهير . ويعد نبات الرز مثاليا وذا إنتاجية عالية عندما تكون الدالية طويلة وتحمل عدداً من الحبوب الممتلئة ، وفروعا أولية وثانوية طويلة ( Kato و Takeda، 1996).

أشار العيساوي ( 2004 ) في تجربته الحقلية التي تضمنت خمسة عشر تركيباً وراثياً لنبات الرز وجود فروق معنوية بين التراكيب الوراثية، إذ أعطى عنبر 33 وعنبر مناذرة وعنبر بغداد أعلى متوسط لطول الدالية بلغ 27.8 و 27.2 و 27 سم على التوالي . بين Abou-Khalifa واخرون ( 2008 ) في دراسة

على محصول الرز استعمل فيها تركيبين وراثيين H5 و Sakha103 الى وجود فروق معنوية بينهما في صفة طول الدالية إذ أعطى التركيب الوراثي H5 أعلى متوسط بلغ 17.78 سم ، فيما أعطى التركيب الوراثي Sakha103 أقل متوسط بلغ 12.44 سم .

أوجد العتابي (2008) في النجف وجود فروق معنويه بين التراكيب الوراثية في هذه الصفة ، إذ تفوق التركيب الوراثي عنبر 33 في طول الداليه وبلغ (24.5) سم مقارنة بطول الداليه للتركيب الوراثي الفرات الذي بلغ (20.17) سم . أكد المشهداني ( 2010 ) في نتائج دراسته تفوق التركيب الوراثي عنبر 33 في طول الدالية بمتوسط بلغ 26.53 سم ، في حين سجل التركيب الوراثي فرات1 أقل طول للدالية بلغ 22.75 سم.

بينَّ Nepal ( 2011 ) في دراسة أجراها في الهند تفوق التركيب الوراثي Loktantra بأعلى متوسط لطول الدالية بلغ 26.9 سم ، قياساً بالتركيب الوراثي Radha4 الذي سجل أقل متوسط لطول الدالية بلغ 23.9 سم. وفي دراسة Abou-Khalifa و El-Rewainy ( 2012 ) التي أجريت على خمسة تراكيب وراثية من الرز تبين تفوق التركيب الوراثي Sakha106 في صفة طول الدالية بمتوسط بلغ 20.59 سم ، بينما أعطى التركيب الوراثي G.Z.9362 أقل متوسط بلغ 18.5 سم .

أشار كاظم واخرون (2008) عند دراستهم لصنفين من الرز عنبر بغداد وعنبر مناذرة عدم وجود فروقات معنوية بين الصنفين في صفة طول الدالية بالرغم من كونها إحدى الصفات المهمة التي تحدد عدد السنيبلات لكل دالية ومن ثم تحديد عدد الحبوب / دالية.

### 2-2-2-2 عدد الافرع / دالية :

اِنّ مواصفات الطراز النباتي المقترح لنبات الرز المثالي، إنَّ الدالية تحمل فروعاً رئيسة كثيرة، إذ كلما زاد عدد الافرع الرئيسة مقارنة بالثانوية فان حبوب الدالية تكون أكثرها ثقيلة الوزن وقليلا منها فارغة او

نصف فارغة ، وعندما يكون تجهيز نواتج التمثيل الضوئي محدودا بسبب تساقط الاوراق او جفافها ، فان الحبوب الثقيلة تتشكل على الفروع الرئيسة والحبوب قليلة الامتلاء على الفروع الثانوية ، وان خفض عدد الفروع الثانوية يقود الى زيادة نسبة الحبوب الممتلئة ( Vegara واخرون ،1991).

أشار Mallik و Vegara (1989) ان عدد الفروع الرئيسة وعدد الحبوب على الفروع الرئيسة تلازمت مع كثافة عالية للحبوب . بين العيساوي ( 2004 ) في تجربته التي تضمنت خمسة عشر تركيباً وراثياً لمحصول الرز الى وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية إذ أعطى التركيب الوراثي IRIR73862H أعلى متوسط لعدد الفروع للدالية بلغ 10 فرع . دالية$^{-1}$ بينما أعطى التركيب الوراثي IR28 أقل متوسط بلغ 7.8 فرع . دالية$^{-1}$.

أكد المشهداني ( 2010 ) في نتائج دراسته أن التركيبين الوراثيين ياسمين وفرات1 تفوقا معنوياً في متوسط عدد الفروع للدالية إذ بلغا 11.8 و 11.3 فرع . دالية$^{-1}$ بالتتابع مقارنةً بالتركيب الوراثي عنبر33 الذي أعطى أقل متوسط بلغ 11.06 فرع . دالية$^{-1}$.

أشار كشكول ( 2014 ) عند دراسته تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيب الوراثي مشخاب 2 على التركيب الوراثي ياسمين في متوسط عدد الفروع بالدالية حيث أعطى أعلى متوسط بلغ 8.7 فرع . دالية$^{-1}$ بالمقارنة مع التركيب الوراثي ياسمين الذي أعطى أقل متوسط بلغ 8.1 فرع . دالية$^{-1}$ .

### 2-2-2-3 عدد الداليات / م$^2$

تعد صفة عدد الأشطاء الفعالة (الحاملة للداليات) في وحدة المساحة او ما يعرف ب عدد الداليات/م$^2$ من مكونات الحاصل المهمة التي تعبر عن كفاءة المحصول في إعطاء حاصلٍ عالٍ ولا سيما عند توفر الظروف المثالية لنمو مكونات الحاصل الاخرى وتطورها . يمتاز نبات الرز بأن له ساق رئيسة و

سيقان فرعية عدة تسمى اشطاء وتعد عملية تكوين الاشطاء في محاصيل الحبوب أحد أبرز الفعاليات الفسلجية اثناء مرحلة النمو الخضري وتعتمد على تطور الفروع الاولية والثانوية (Xing و Zhang، 2010 ).

تعد صفة عدد الداليات من مكونات حاصل الحبوب المهمة التي تتحدد خلال مرحلة مبكرة من حياة المحصول والتي لا يمكن التحسس بها الا في مرحلة متأخرة. وتتأثر هذه الصفة بالظروف البيئية المرافقة ، ونظام ادارة المحصول خلال مرحلة تكوين الاشطاء والتي تلعب دوراً مهماً في تحديد العدد النهائي من الداليات لوحدة المساحه وتتأثر هذه الصفة بالعوامل الوراثية .

أوجد كل من Fagade و Dedatta (1971) اختلافات معنوية بين ستة تراكيب وراثية في عدد الفروع/م$^2$ وتوصلا الى ان التراكيب الوراثية ذات القدرة التفريعية العالية تكون مرغوبة في ظروف الادارة الضعيفة للحقول .

أشار Hossain واخرون (2008) الى أنَّ عدد الداليات هو ناتج من عدد الاشطاء المنتجة ونسبة الاشطاء الفعالة التي تستمر بالبقاء لإنتاج الداليات. وإنَّ عدد الفروع الفعالة تعد من الصفات ذات العلاقة المباشرة على الحاصل وتوفر معلومات مفيدة في برامج تربية الرز ( Sadeghi ، 2011) .

بَينَّ العتابي (2008) في موقع النجف تفوق التركيب الوراثي ياسمين في إعطاء أعلى عدد للفروع الحاملة للداليات /م$^2$ بلغ 378.9 داليه /م$^2$ قياسا بالتركيبين الوراثيين عنبر وفرات1 اللذين أعطيا أقل متوسط لعدد الاشطاء بلغ 294.3 ، 348.6 داليه /م$^2$ على التوالي .

أشار المشهداني (2010) الى وجود فروق معنوية في عدد الاشطاء الفعالة / م$^2$ لتراكيب وراثية مختلفة من الرز. أكد Miri (2011) في إيران تفوق التركيب الوراثي Nemat معنوياً في صفة عدد الداليات ، إذ حقق أعلى متوسط بلغ 462 فرع /م$^2$ مقارنة بالتركيبين الوراثيين Neda و Das ، فيما أعطى التركيب الوراثي Dasht أقل متوسط لعدد الداليات وبلغ 385.4 فرع /م$^2$.

ذكر Roy واخرون (2014 ) في دراسته على تراكيب وراثية عدة من الرز الى تفوق التركيب الوراثيSylhety boro في متوسط عدد الأفرع ، إذ أعطى متوسط بلغ 46 فرع.نبات$^{-1}$ مقارنة بالتراكيب الوراثية الاخرى ، بينما أعطى التركيب الوراثي Bere ratna أقل متوسط لعدد الأفرع بلغ 19.8 فرع .نبات$^{-1}$.

بَينَّ المالكي ( 2013 ) في العراق عند زراعته أربعة تراكيب وراثية من الرز ( بغداد وفرات والمناذرة وعنبر 33 ) تفوق التركيب الوراثي بغداد معنوياً في صفة عدد الداليات ، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 586.8 فرع / م$^{2}$، بينما أعطى التركيب الوراثي فرات أقل متوسط بلغ 421.8 فرع / م$^{2}$.

## 2-2-2-4 عدد الحبوب المملوءة / دالية:

يعد عدد الحبوب بالدالية من أهم مكونات الحاصل الرئيسة والمهمة في محاصيل الحبوب. وهي من الصفات الكمية ذات الارتباط العالي بالحاصل وذات تغاير كبير، ويعد العامل المحدد الأكثر أهمية لحاصل الحبوب والأقوى ارتباطاً به (Hasanpour واخرون، 2012).

بينَّ Venkateswarlu وMaddulety (1976) أنَّ هناك علاقة عكسية بين عدد الداليات في وحدة المساحة وعدد الحبوب / دالية وهذا يعكس وجود آلية تعويضية بين هذين المكونين. وإنَّ حجم الحبة في الرز محدد فيزيائيا ومن ثمَّ فإن القابلية على انتاج الحاصل هي محددة بصورة كبيرة بعدد الحبوب لوحدة المساحة (Okamura واخرون ،2013 ).

أشار Chen واخرون (2008) عند استعمالهم تركيبين وراثيين من الرز الياباني الهجين وفي منطقتين مختلفتين بيئياً في إقليم شنكهاي بالصين وخلال موسمي 2005 و 2006 الى عدم وجود فروق معنوية بينهما في صفة عدد الحبوب في الدالية. ذكر العتابي (2008) في نتائجه في موقع النجف تفوق نباتات التركيب الوراثي برنامج 4 معطيا أعلى متوسط لعدد الحبوب بلغ (156.3) حبة/ دالية ، في حين أعطى

التركيب الوراثي عنبر 33 أقل متوسط بلغ (152.7) حبة/ دالية مقارنة بالياسمين والفرات اللذين أعطيا 136.5 ، 134.8 حبة/ دالية.

بين كل من Sadeghi و Danesh ( 2011 ) بعد زراعتهما اربع تراكيب وراثية من الرز في ايران الى تفوق التركيب الوراثي Binam في متوسط عدد الحبوب للدالية حيث بلغ 82.7 حبة.دالية$^{-1}$ ، فيما سجل التركيب الوراثي Khazar أقل متوسط لعدد الحبوب للدالية بلغ 57.2 حبة.دالية$^{-1}$.

ذكر Nepal ( 2011 ) عند زراعته تراكيب وراثية من الرز في الهند ان هنالك زيادة معنوية في التركيب الوراثي Loktantra الذي سجل أعلى متوسط لعدد الحبوب للدالية بلغ 183.2 حبة.دالية$^{-1}$ مقارنةً بالتركيبين Sabitri و Radha4 اللذين أعطيا أقل متوسطين لعدد الحبوب للدالية بلغا 152.9 و 133.5 حبة.دالية$^{-1}$ على التوالي.

ان قابلية امتلاء الحبة تختلف باختلاف التراكيب الوراثية (Yoshinaga واخرون ، 2013) . اشار Abou Khalifa واخرون ( 2014 ) عند مقارنة ثلاثة تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيبين الوراثيين Sakha 101 و Sakha 103 معنوياً حيث أعطيا أعلى متوسطين لعدد الحبوب بالدالية بلغا 174 و 171 حبة . دالية$^{-1}$ على التوالي ، في حين أعطى التركيب الوراثي Sakha 104 أقل متوسط لعدد الحبوب بالدالية بلغ 166 حبة.دالية$^{-1}$.

بين مسير (2014 ) اختلاف التركيبين الوراثيين عنبر 33 وياسمين معنوياً في عدد الحبوب بالدالية فقد أعطى التركيب ياسمين أعلى متوسطين بلغا 142.4 و 142.8 حبة . دالية$^{-1}$ للسنتين على التوالي بينما أعطى التركيب عنبر 33 أقل متوسط للصفة السابقة بلغ 131.3 و 131.5 حبة. دالية$^{-1}$.

ذكر Sarkar واخرون (2015) في تجربة تضمنت ستة تراكيب وراثية لمحصول الرز في بنغلادش تفوق التركيب الوراثي (BRRI dhan56) معنويا في صفة عدد الحبوب في الدالية إذ أعطى أعلى

متوسط لموسمين بلغ 87 و 87 حبة .دالية$^{-1}$على التوالي قياسا بالتركيب الوراثي (BRRI dhan57 ) والذي أعطى أقل متوسط لموسمين بلغ 72 و 73 حبة . دالية$^{-1}$ على التوالي.

أوجد Wiangsamut واخرون (2015) في دراسته على محصول الرز في تايلند استعمل فيها تركيبين وراثيين الى وجود فروق معنوية بينهما في صفة عدد الحبوب بالدالية، إذ أعطى التركيب الوراثي (RD14) أعلى متوسط في صفة عدد الحبوب بالدالية بلغ 98.3 حبة.دالية$^{-1}$، في حين أعطى التركيب الوراثي (San-pah-tawng1) أقل متوسط بلغ 82.4 حبة. دالية$^{-1}$.

اشار Isa واخرون (2015 ) عند تطبيقه لدراسة حقلية في بنغلادش تضمنت ستة تراكيب وراثية من الرز الى تفوق التركيب الوراثي (BINA dhan11) معنويا في صفة عدد الحبوب بالدالية ، والذي أعطى أعلى متوسط بلغ 142.3 حبة. داليه$^{-1}$.

### 2-2-2-5 النسبة المئوية لعدم الخصب (%) :

يعد عدم الخصب من المشاكل المهمة في محصول الرز، وأحد المحددات الرئيسة أمام زيادة إنتاجية حاصل الحبوب فيه ، إذ تتراوح نسبة عدم الخصب من بضعة حبوب فارغة الى دالية فارغة بالكامل ويعزى النقص في الاخصاب الى الظروف المناخية غير الملائمة التي تسهم في تكوين حبوب فارغة أحيانا (المشهداني، 2010).

احيانا يعود الى انه صفة وراثية ملازمة للتراكيب الوراثية ، وتمثل مرحلة التزهير النتيجة النهائية لعدد من العمليات الفسلجية والكيمائية المتسلسلة والمسيطر عليها من قبل جينات خاصة ، وإن أساس عمل الأزهار هو تكوين وإنتاج الأمشاج الذكرية والأنثوية وتكوين البذور كنتيجة نهائية لاتحاد الأمشاج وحصول عملية الاخصاب .

يعرف عقم حبوب اللقاح هو فشل النبات في إنتاج متك ،حبوب لقاح أو كميتات ذكرية فعالة (Kaul ، 1988) وتنشأ حبوب اللقاح من أعضاء زهرية خاصة تدعى الأسدية Stamens في داخل تراكيب مغلقة

تسمى المتوك Anthers ، تتكون حبة اللقاح نتيجة لانقسام الخلية الأمية لحبوب اللقاح Pollen mother cells (PMC) وتنقسم هذه الخلية انقساماً أختزالياً فتبدو بشكل مزدوج وعندما تنقسم هذه الأخيرة انقساماً أعتيادياً تظهر على شكل مجموعات رباعية Tetrads كل واحدة منها هي حبة لقاح pollen grain أحادية المجموعة الكروموسومية (الكاتب ،2000) .

بَينَّ الطائي (1979) أن هناك علاقة خطية بين العمر والنسبة المئوية لعدم الخصب حيث وجد أنَّ زيادة العمر يوما واحدا أدت إلى زيادة النسبة المئوية لعدم الخصب بمعدل 0.27 حبة فارغة. وتتباين التراكيب الوراثية كثيرا في صفة عدم الخصب وهذا ما أوجده كل من العيساوي (2004) والمشهداني (2010) بذكر الاختلافات المعنوية في التراكيب الوراثية من الرز في هذه الصفة وهذا ما توصل اليه العتابي (2008) في موقع النجف ، إذ تفوق التركيب الوراثي ياسمين معنويا في تحقيق أقل نسبة عقم بلغت 15.83. % مقارنة بالتركيب الوراثي عنبر 33 وفرات1 اللذين حققا 24.67% و 27.5 %على التوالي . أشار كشكول (2014) في العراق عند دراسته أن التركيب الوراثي ياسمين اختلف معنوياً عن التركيب الوراثي مشخاب 2 ، إذ أعطى التركيب الوراثي مشخاب 2 أقل متوسط للنسبة المئوية لعدم الخصب بلغت 10 %، بينما أعطى التركيب الوراثي ياسمين متوسط أعلى بلغ 13 %.

بينَّ Sarkar واخرون (2015) إن التركيب الوراثي (IR83377-B-B93-3) تفوق معنوياً في صفة النسبة المئوية لعدم الخصب، وأعطى أقل متوسط لموسمين بلغ 17.5 و 17.7 % على التوالي، في حين أعطى التركيب الوراثي (BRRIdhan57) أعلى متوسط بلغ 22.0 % في الموسم الاول. أما في الموسم الثاني فقد أعطى التركيب الوراثي (IRRII23) أعلى متوسط بلغ 22.8 %.

### 2-2-2-6 وزن 1000 حبة (غم) :

يعد وزن 1000 حبة أحد مكونات الحاصل المهمة ، ومقياساً لكمية المواد الغذائية المتراكمة في الحبوب وإن زيادة وزن الحبوب يعني زيادة الحاصل ويشير إلى معدل نمو الحبة ومدته ، وإنَّ التغاير في

وزن ألف حبة يكون نتيجة اختلاف التراكيب الوراثية والعوامل البيئية . و يكاد أنْ يكون ثابتاً في التركيب الوراثي المعين من الرز بسبب أن حجم الحبة يكون محكوماً بقوة بواسطة حجم القشرة الخارجية وبالنتيجة فإن الحبة لاتستطيع أن تنمو الى حجم أكبر حيث لا تسمح هذه القشرة وهذه الميزة للرز بأن تختلف عما عليه في بقية محاصيل الحبوب ، و إنَّ وزن الحبة المفردة هو من أكثر صفات التركيب الوراثي الواحد إستقرارا في الرز (Santos واخرون ،2006).

إنَّ وزن الحبة مرتبط بعلاقة ايجابيه مع حجم الحبة وشكلها ، والتي تعرف بطول الحبة وعرض الحبة فضلا عن سمكها (Duan واخرون ، 1998 ). اشار Vegara واخرون (1991) إلى أنَّ الطريقة المطلوبة لتحسين حاصل الحبوب في الرز هي تغيير هيئة النبات لكي نزيد وزن الحبة ضمن التركيب الوراثي الواحد.

اظهرت نتائج الطائي (2000) تفوق التركيب الوراثي عنبر فرات على التركيبين عنبر بغداد وعنبر 33 في متوسط وزن الحبة. ذكر Mondal واخرون (2005) وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية للرز في وزن الالف حبة عند دراسته ل 17 من تراكيب الرز الحديثة.

أشار Abou-Khalifa واخرون ( 2009 ) في دراسة على محصول الرز استعمل فيها تركيبين وراثيين H5 و Sakha103 الى عدم وجود فروق معنوية بين الصنفين في وزن الف حبة فأعطيا الصنفين متوسطين بلغا 25.45 و 25.30 غم على التوالي.

أكد العتابي (2008) في نتائجه في موقع النجف أنَّ التراكيب الوراثية تتباين في وزن 1000 حبة حيث تفوق التركيب الوراثي العنبر في أعطاء أعلى وزن 1000 حبة وكذلك تفوق التركيب الوراثي الفرات1 على التركيبين عنبر 33 والياسمين. وهذا يتفق مع ماتوصل اليه المشهداني(2010) عند استعماله للتراكيب الوراثية المحلية.

أوجد كل من Sadeghi وDanesh (2011) بعد زراعتهما أربعة تراكيب وراثية من الرز في ايران تفوق التركيب الوراثي (Khazar ) الذي أعطى أعلى متوسط لوزن 1000 حبة بلغ 31.2 غم، في حين أعطى التركيب الوراثي ( Hashemi ) أقل متوسط وبلغ 24.7 غم. اشار Lack واخرون ( 2012 ) في دراسته لبعض التراكيب الوراثية في ايران الى وجود فروقٍ معنويةٍ فيما بينها إذ حقق التركيب الوراثي Hamar أعلى متوسط في وزن الالف حبة بلغ 24.29 غم.

في دراسة Abou-Khalifa و El-Rewainy ( 2012 ) التي أجريت على خمسة تراكيب وراثية من الرز تبين تفوق التركيب الوراثي Sakha106 في وزن الف حبة بمتوسط بلغ 26.26غم ، بينما أعطى التركيب الوراثي G.Z.9362 أقل متوسط بلغ 22.16 غم .

بين مسير ( 2014 ) تفوق التركيب الوراثي عنبر33 في متوسط وزن 1000 حبة ، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 19.9 و 20.2 غم للسنتين على التوالي، فيما أعطى التركيب الوراثي الياسمين أقل متوسط بلغ (19.6 و 19.4) غم لسنتين متتاليتين.

اشار كل من Rana واخرون (2014) وDas واخرون (2015) تباين التراكيب الوراثية فيما بينها في صفة وزن الالف حبة عند استعمالهم للتراكيب الوراثية الاجنبية إذ تفوق التركيب الوراثي IRRII23 معنوياً في صفة وزن 1000 حبة، إذ أعطى أعلى متوسط لموسمين بلغ 23.3 و 23.1 غم على التوالي، بينما أعطى التركيب الوراثي BRRI dhan57 أقل متوسط لموسمين بلغ 19.6 و 19.3 غم على التوالي .

ذكر Wiangsamut واخرون (2015) في دراسته على محصول الرز في تايلند استعمل فيها تركيبين وراثيين الى وجود فروق معنوية بينهما في صفة وزن 1000 حبة ، إذ تفوق التركيب الوراثي (San-pah-tawng 1 ) معنويا في هذه الصفة ، فقد أعطى أعلى متوسط بلغ 29غم ، فيما أعطى الصنف ( RD 14) أقل متوسط للصفة ذاتها بلغ 28 غم.

بيَن Haque و Pervin (2015 ) وجود فروقات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفة وزن 1000 حبة، إذ استعملا ثلاثة تراكيب من الرز ولاحظا تفوق التركيب الوراثي (BRR-dhan51) في صفة وزن 1000 حبة ، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 28.8 غم، في حين أعطى التركيب الوراثي Moulata أقل متوسط وبلغ 26.4 غم.

### 2-2-2-7 الحاصل البايولوجي ( كغم . هكتار$^{-1}$) :

يمثل الحاصل البايولوجي جميع أجزاء النبات فوق سطح التربة، وبذلك يشمل حاصل الحبوب مضافاً إليه حاصل القش أو التبن ( عطية ووهيب، 1989). ان انتاج المادة الجافة يعتمد على الغطاء النباتي ومعدل صافي التمثيل الضوئي في وحدة المساحة (Nanjaareddy واخرون ،1995) وطالما ان الحاصل هو فعالية وظيفة المادة الجافة ودليل الحصاد، لذا فالحاصل يمكن زيادته اما بزيادة حاصل المادة الجافة او دليل الحصاد او كليهما ، وان زيادة انتاج الحاصل الكلي للمادة الجافة ليس من الصعب تحقيقه عندما يزرع نبات الرز في ظروف بيئية ملائمة (Khush، 1996).

ان من الصفات المهمة لزيادة الحاصل البايولوجي للرز هي وجود نسبة خصب عالية مع وجود عدد عالي من الداليات . أكد Yoshida (1972) إنَّ الحاصل الكلي للمادة الجافة هو نتيجة المساحة الورقية وعدد التفرعات في وحدة المساحة وارتفاع النبات ويزداد حاصل المادة الجافة بزيادة مجتمع النباتات، في حين يصل حاصل الحبوب حده الاقصى عند حدود معينة من الكثافة النباتية. وتتباين التراكيب الوراثية في انتاج المادة الجافة حيث هناك تباين في هيئتها وقدرتها على التفريع وعلى التمثيل الضوئي.

في تجربة العيساوي ( 2004 ) التي تضمنت خمسة عشر تركيباً وراثياً لمحصول الرز إذ حقق التركيب الوراثي (V3825) أعلى متوسط لصفة الحاصل البايولوجي بلغ 26093 كغم.هـ$^{-1}$ بينما أعطى التركيب الوراثي (IR28 ) أقل متوسط بلغ 14794 كغم.هـ$^{-1}$. بينت نتائج العتابي (2008) في النجف تفوق

التركيب الوراثي عنبر 33 في إعطاء أعلى حاصل بايولوجي بلغ 14530 كغم. هـ$^{-1}$ مقارنة بالتركيبين الوراثيين ياسمين والفرات اللذين أعطيا 13740 و 12330 كغم. هـ$^{-1}$ على التوالي.

أكد المشهداني ( 2010 ) في نتائج دراسته تفوق التركيب الوراثي عنبر33 في صفة الحاصل البايولوجي بمتوسط بلغ 10320 كغم.هـ$^{-1}$ في حين أعطى التركيب الوراثي الياسمين أقل متوسط للحاصل البايولوجي بلغ 8390 كغم.هـ$^{-1}$.

اشار Sarkar واخرون (2015) الى أن التركيب الوراثي (IR8338I-B-B-6-1 سجل تفوق معنوي في صفة الحاصل البيولوجي، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 9600 كغم.هـ$^{-1}$، في حين أعطى التركيب الوراثي ( BRRI dhan57 ) أقل متوسط بلغ 8100 كغم.هـ$^{-1}$ في الموسم الاول.

أوجد Isa واخرون (2015) في بنغلادش عند تطبيقه دراسة حقلية تضمنت ستة تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيب (BINA dhan11) معنوياً في صفة الحاصل البيولوجي، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 12500 كغم.هـ$^{-1}$، في حين أعطى التركيب الوراثي (MALOTI) أقل متوسط لصفة الحاصل البيولوجي و بلغ 8300 كغم.هـ$^{-1}$.

ذكر Haque و Pervin ( 2015 ) وجود اختلافات معنوية عند استعماله ثلاثة تراكيب وراثية من الرز إذ تفوق التركيب الوراثي (BRR-dhan51) في صفة الحاصل البايولوجي وأعطى أعلى متوسط بلغ 15270 كغم.هـ$^{-1}$ فيما أعطى التركيب الوراثي (Moulata ) أقل متوسط بلغ 13360 كغم.هـ$^{-1}$ .

### 2-2-2-8 دليل الحصاد (%): Harvest index

إن أول من أشار الى مصطلح دليل الحصاد ( HI) هو Donald ( 1962 , 1976) الذي يُعرَّف بأنه نسبة حاصل الحبوب او الحاصل الاقتصادي الى الحاصل البايولوجي او الكتلة الحية الكلية مضروبا في 100. لذا يمكن تحقيق الزيادة في حاصل الحبوب بزيادة دليل الحصاد فهي دليل على تجمع نواتج التمثيل الغذائي في الحبة ( San-oh واخرون ، 2004).

يُعرّف دليل الحصاد بأنه مقياس لكفاءة تحويل نواتج التمثيل الضوئي في انسجة النبات الخضراء إلى حاصل اقتصادي (الحاصل الذي يزرع المحصول لأجله ويمثل حاصل الحبوب في محاصيل الحبوب) ، ويعد معلمة احصائية (Parameter) تربط الحاصل البايولوجي بحاصل الحبوب (Jing واخرون ،2000 ).

تعد صفة دليل الحصاد العالية مرغوبة في محاصيل الحبوب وذلك لأنها تعد دليلاً على كفاءة الصنف في تحويل المواد الممثلة إلى حبوب وهو من المؤشرات المهمة . تمتاز التراكيب الوراثية ذات الإنتاجية العالية في مقدرتها العالية على الاستفادة من عوامل النمو المتاحة وتمثيلها ونقلها من نسيج لآخر في النبات ومن ثم من المصدر إلى المصب بحسب حالة توازن فعالية هرمونات النمو التي ترفع من قيمة دليل الحصاد وكفاءة التركيب الوراثي المزروع .

بيَن Yoshida (1981) أنَّ الحاصل الاقتصادي أي (حاصل الحبوب) يمكن أن يزداد بزيادة الحال الكلي للمادة الجافة او بزيادة دليل الحصاد. ذكر Jiang واخرون (1988) ان التراكيب الوراثية قصيرة الارتفاع وقائمة الاوراق تعطي أعلى قيم لدليل الحصاد مقارنة بالتراكيب الوراثية عالية الارتفاع ومتدلية الاوراق. ويعد دليل الحصاد عاملاً متغيراً في إنتاج المحاصيل (Yang و Zhang ، 2010).

إن دليل الحصاد في الرز يميل الى الارتفاع عند زيادة الحاصل الكلي للمادة الجافة (Alvarez واخرون، 2012). ويعد دليل الحصاد أحد المقاييس المهمة في انتخاب التراكيب الوراثية المتفوقة للحاصل. و تتباين التراكيب الوراثية في دليل الحصاد ، طالما انها تتباين في الحاصل البايولوجي وحاصل الحبوب ( Balan واخرون ، 2000 والعيساوي ، 2004).

بَينَّ Lack واخرون ( 2012 ) في دراسته التي اجراها في ايران وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفة دليل الحصاد إذ حقق التركيب الوراثي Danial أعلى متوسط لهذه الصفة المذكورة وبلغت 44.9 % . ذكر كشكول ( 2014 ) عند دراسته لصنفين من الرز في العراق ، أن الصنف مشخاب 2

تفوق على الصنف ياسمين في معدل دليل الحصاد حيث أعطى أعلى متوسط وبلغ 47.3% بالمقارنة مع الصنف ياسمين الذي أعطى أقل متوسط للصفة المذكورة آنفاً بلغت 43%.

أشار Wiangsamut واخرون (2015 ) في دراسته على محصول الرز في تايلند استعملوا فيها تركيبين وراثيين الى وجود فروق معنوية بينهما في صفة دليل الحصاد إذ أعطى التركيب الوراثي ( RD14) أعلى متوسط في صفة دليل الحصاد بلغت 43 %، في حين أعطى التركيب الوراثي (San-pah-tawng 1) أقل متوسط لدليل الحصاد بلغت 37 %.

ذكر كل من Haque و Pervin ( 2015 ) على وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفة دليل الحصاد عند استعمالهم لثلاثة تراكيب وراثية من الرز ولاحظا أنَّ التركيب الوراثي (Shakorkura) أعطى أعلى متوسط لدليل الحصاد بلغ 38.7 في حين أعطى التركيب الوراثي( BRR-dhan51) أقل متوسط بلغ 36.7 .

### 2-2-2-9 حاصل الحبوب ( كغم . هكتار$^{-1}$):

إنَّ حاصل الحبوب هو واحد من أهم أهداف برامج تربية نبات الرز. ويعد من الصفات الكمية المعقدة لتعدد التاثير الجيني وتأثير مكونات الحاصل فيه ( Sharma و Sharma ، 2007 ) ويشكل جزء النبات الذي يحصد ( الحاصل الاقتصادي) جزء من المادة الجافة الكلية المنتجة (الحاصل البايولوجي)، إن حاصل الشلب النهائي هو ناتج من مكونات الحاصل الثلاثة ( عدد الداليات في وحدة المساحة وعدد الحبوب / دالية ووزن 1000 حبة (غم) (Hossian واخرون ،2002 و Kang واخرون ،2007 و Haryanto واخرون ، 2008 ).

يتحدد بعدد غير محدود من التوافيق المختلفة لهذه المكونات والتعويض الذي يحصل بينها، والحاصل هو مثال واضح للتكامل في مكوناته ، واعتماد بعضها على بعض الى حد كبير ، وفي نشوء كل منها (Alvarez واخرون ، 2012) ويمثل حاصل الحبوب الناتج النهائي لعمليات النمو والنشوء .

ان الزيادة في حاصل الحبوب يكون فعالا بالتوافق مع مكونات الحاصل والصفات ذات الصلة القريبة منها (Sharma واخرون ، 2003 و Xue و Yang ، 2008).

ان تحسين حجم المصب يكون من خلال الزيادة في عدد الداليات في وحدة المساحة وعدد الحبوب للدالية التي تعد من أكبر الستراتيجيات المتبعة للحصول على أعلى حاصل للحبوب والمحتملة لحد الان (Jeong واخرون ، 2005).

بين العيساوي ( 2004 ) في نتائج دراسته المتضمنه لخمسة عشر تركيباً وراثياً لمحصول الرز اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية إذ حقق التركيب الوراثي (IR62243-41-1-3-3) أعلى حاصل للحبوب بلغ 9060 كغم.هـ$^{-1}$ في حين أعطى التركيب الوراثي( IET18-6001) أقل متوسط بلغ 4030 كغم.هـ$^{-1}$.

أشار Abou-Khalifa واخرون ( 2009 ) في دراسة على محصول الرز استعمل فيها تركيبين وراثيين (H5 و Sakha103) الى وجود فروق معنوية بينهما إذ حقق التركيب الوراثي (H5) أعلى متوسط بلغ 9270 كغم.هـ$^{-1}$ بينما أعطى التركيب الوراثي (Sakha103) أقل متوسط بلغ 6490 كغم.هـ$^{-1}$ .

ذكر Menete واخرون (2008) عدم وجود فروق معنوية بين التركيبين الوراثيين( ITA312 و IR52 ) في حاصل الحبوب لمحصول الرز. بين العتابي ( 2008) في نتائجه التي أجراها في موقع النجف تفوق التركيب ياسمين مقارنة ببقية التراكيب الوراثية فقد أعطى أعلى متوسط لحاصل الحبوب بلغ 4970 كغم . هـ$^{-1}$ فيما أعطى التركيبان الوراثيان (عنبر 33 وفرات ) متوسطين بلغا 4430، 4140 كغم. هـ$^{-1}$ على التوالي، والسبب يعود الى اختلاف التراكيب الوراثية في مكونات الحاصل والنسبة المئوية لعدم الخصب.

أكد المشهداني ( 2010 ) في نتائج دراسته تفوق التركيب الوراثي عنبر33 في حاصل الحبوب بمتوسط بلغ 4750 كغم.هـ$^{-1}$ فيماأعطى التركيب الوراثي ياسمين أقل متوسط لهذه الصفة بلغ 4040 كغم.هـ$^{-1}$ .

أوجد كل من Sadeghi و Danesh (2011 ) بعد زراعتهما أربعة تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيبين (Binam و Rezajo) معنوياً في حاصل الحبوب، إذ أعطيا أعلى متوسطين بلغا 5900 و 5600

كغم.هـ$^{-1}$ على التوالي، مقارنةً بالتركيبين الوراثيين ( Hashemi و Khazar) اللذين أعطيا أقل متوسطين بلغا (5400 و 5200) كغم.هـ$^{-1}$ على التوالي.

أشار Lack واخرون ( 2012 ) في دراسته لبعض التراكيب الوراثية من الرز في ايران اختلافها معنوياً في صفة حاصل الحبوب إذ حقق التركيب الوراثي ( Danial ) أعلى متوسط بلغ 5591.0 كغم.هـ$^{-1}$. في حين بين كل من Limochi و Eskandari ( 2013 ) في تجربتهما على الرز والمتضمنة ثلاثة تراكيب وراثية من الرز تفوق التركيبين (Short Red – Anbory و Long Red – Anbory) معنوياً لإعطائهما أعلى متوسطين لحاصل الحبوب بلغا 3492.6 و 3795.4 كغم.هـ$^{-1}$ على التوالي، قياسا بالتركيب الوراثي Champa الذي أعطى أقل متوسط بلغ 3244.9 كغم.هـ$^{-1}$.

بين Isa واخرون (2015 ) عند تطبيقه دراسة حقلية تضمنت ستة تراكيب وراثية من الرز في بنغلادش تفوق التركيب الوراثي (BINA dhan11 ) معنويا في صفه حاصل الحبوب، إذ أعطى أعلى متوسط بلغ 5.0 طن.هـ$^{-1}$، في حين سجل التركيب الوراثي ( MALOTI ) أقل متوسط لصفة حاصل الحبوب بلغت 3.5 طن.هـ$^{-1}$.

## 2-3 المعلمات الوراثية:

### 2-3-1 التباينات الوراثية والمظهرية Genotypic & Phenotypic Variations

تعد التباينات الوراثية والمظهرية للصفات الحقلية للنبات من العوامل المهمة في تحديد أفضل طريقة تربية لتحسين الحاصل، ومن الضروري المعرفة الجيدة لهذه الصفات التي لها ارتباطات معنوية مع الحاصل لغرض استعمالها كمعيار انتخابي أو كمؤشر للتعرف على إنتاجية التراكيب الوراثية . و يشير مصطلح التباين (Variation) الى الاختلافات التي يمكن قياسها للحصول على صفة خاصة ربما يعود جزءً منها الى تاثيرات وراثية ( متوارثة) والجزء الاخر يعود الى تاثيرات بيئية (غير متوارثة).

يعرف التباين الوراثي Genetic Variation بأنه أي تغير يحدث في تسلسل النيوكلوتيدات والجينات والكروموسومات او الجينوم الكامل للكائن الحي، وقد يحدث ضمن أفراد النوع الواحد او ما بين الأنواع .

يصف التباين الوراثي الاختلافات الجينية بين الافراد التي تعود الى النوع نفسه ( kalia واخرون ،2011). ويعد التباين الوراثي المقياس الحقيقي للتنوع الوراثي ، ويعد التباين الوراثي للصفات الحقلية المكون الرئيس لتوسع المخزون الجيني في الرز (Selvaraj واخرون، 2011) .

إنَّ نجاح برامج التربية يعتمد على كمية التباين الوراثي الموجود في المجتمع او العشيرة ومدى مساهمة الصفات المميزة والمرغوبة وراثيا. تختلف طبيعة التباين الوراثي وحجمه مع النمط الجيني والبيئي وهو عنصر أساس لاختيار المحصول وتحسينه ، او قد يكون سببها وجود كمية كبيرة من التباين للمصادر المتنوعة، فضلا عن التأثير البيئي الذي يؤثر على النمط الظاهري (Ovung واخرون، 2012).

ان الاختلافات في الأشكال المظهرية للنباتات تسمى التباين المظهري ، أما التباين الوراثي فهو اختلاف صفات النباتات الناتجة من اختلافها في التركيب الوراثي عند زراعتها في البيئة نفسها، بينما الاختلاف في صفات النباتات المتماثلة التركيب الوراثي عند زراعتها في بيئتين مختلفتين فيعبر عنه بالتباين البيئي. أجريت العديد من الدراسات لتشخيص مدى التباين الوراثي العائد للصفات الحقلية في الرز.

لاحظ Ashfaq وآخرون (2012) وجود تباين وراثي عالي لمختلف الصفات الحقلية للرز وارتباطها بالحاصل ومنها ارتفاع النبات وعدد السنيبلات في الدالية وعدد الايام للتزهير والنضج وعدد الداليات في النبات . إن استعمال المصادر المتعددة والمتاحة تعد إحدى الستراتيجيات المهمه في دمج التباينات الوراثية في برامج تربية نبات الرز والتي بامكانها انتاج تراكيب وراثية جديدة مع توسيع القاعدة الوراثية والسماح باستعمال الاليلات المفيدة (McCouch ، 2005) وتعد معرفة التباين الوراثي مهمة جدا لتطوير الحاصل العالي للتراكيب الوراثية (Singh وآخرون ، 2011).

أشار Patel وآخرون (2012) الى وجود تباينٍ وراثيً عالٍ لصفات عدد الايام إلى 50 ٪ تزهير و ارتفاع النبات وعدد الداليات في النبات وعدد الحبوب المملوءة في الدالية و الحاصل البيولوجي ودليل الحصاد.

توصل Fatherlrahman واخرون (2015) الى وجود تغايرٍ وراثيٍّ عالٍ بين التراكيب الوراثية المزروعة وهذا مايشير الى امكانية استعمالها لاجراء التحسينات في برامج تربية الرز . وفي تجربة ضمت 42 تركيبا وراثيا من الرز.

بين Khatum واخرون (2015) أن جميع التراكيب الوراثية اظهرت مدى تباين واسع في 22 صفة مدروسة . وان عملية تحسين الحاصل تعتمد على التغايرات الوراثية، وبذلك فان تسليط الضوء على جانب التغاير الوراثي، يكون ضمن اولويات التنمية الزراعية التي تضم مشاريع التربية والتحسين. وإن التباين او التغاير الوراثي للصفات الحقلية تعد المكون الرئيس لتوسيع المخزون او الفيض الجيني gene pool في الرز (Selvaraj واخرون ، 2011).

### 2-3-2 نسبة التوريث بالمدى الواسع : ( $h^2$ bs. ) Broad Sense Heritability

يعرّف التوريث بأنه مقياس للتغايرات الوراثية للصفة المنتخبة من جيل لآخر أو من الآباء المنتخبة الى الذرية الناتجة ، ولخص Johanson (1955) فوائد نسب التوريث بنقطتين، الاولى تحديد الصفة المهمة والمفضلة للانتخاب والثانية المساعدة في التنبؤ بمقدار التحصيل الوراثي للصفة. إنَّ قيمة نسبة التوريث هي قيمة متغيرة وتختلف باختلاف المحصول والتركيب الوراثي وحجم العينة المدروسة .

أما نسبة التوريث بالمعنى الواسع Broad Sense Heritability هو توريث أجزاء من الصفه من الآباء الى الأبناء ، وإن تقديرها يساعد المربي في تحسين النباتات وتطويرها في صفات مكونات حاصل الحبوب، أو في صفة محددة ، إنَّ تقدير نسب التوريث بالمعنى الواسع يمكن ان يحدد مساهمة كل من التأثيرات الوراثية والبيئية في مظهر الصفة. ويعد من المعالم الوراثية الهامة الواجب معرفتها لأي صفة كمية، إذ يتوقف على تقديرها تحديد أحسن طريقة لتربية صفة ما وتحسينها .

إن القيمة المرتفعة لنسبة التوريث لصفة ما تشير الى أهمية الاختلافات الوارثية في وراثة كل صفة ومن ثَمَّ إمكانية تحسين تلك الصفة وارثيا، تعرف نسبة التوريث بالمعنى الواسع بانه ( نسبة التغاير الوراثي الى التغاير الكلي ) والتغاير الكلي يشمل الوراثي + البيئي.

تعرّف نسبة التوريث بالمدى الواسع ( $h^2$ bs. ) بأنها النسبة بين التباين الوراثي والمظهري ، وهي تؤدي دوراً رئيساً في اختيار الطرق الملائمة لتحسين المجتمع ، وتتراوح نسبة التوريث بين 1 (حيث يكون جميع التباين وراثياً) الى صفر (حيث يكون جميع التباين ناتجاً من تأثير البيئة ) (العذاري ،1992).

أوجد Hay ( 1995) أن صفة دليل الحصاد إمتلكت درجة عالية من نسب التوريث . بين Peng واخرون (2000 ) أهمية استعمال صفة دليل الحصاد كدالة للانتخاب لتحسين حاصل الحبوب، لامتلاكه نسبة توارث عالية. ذكر Samadia (2005) ان الصفات التي تظهر نسب توريث عالية يمكن تحسينها عن طريق دمج التراكيب المتفوقة في برامج الانتخاب

اشار Padmaja واخرون (2008) أن نسب التوريث كانت عالية بالنسبة لصفات عدد الايام الى التزهير وارتفاع النبات وعدد الداليات الفعالة للنبات وعدد الحبوب / الدالية ووزن الالف حبة وحاصل النبات وبلغت ( 98.52 ، 99.05 ،76.82 ، 99.38، 87.21 و94.21) % .

بَينَّ كل من Khan واخرون (2009) وAkinwale واخرون ( 2011) وVenkata واخرون ( 2011) الى امتلاك التراكيب الوراثية من الرز على مدى واسع من نسبة التوريث في الصفة تراوحت بين 68-99%.

لاحظ داوود واخرون (2010) عند دراستهم لثمانية تراكيب وراثيه مدخلة من فيتنام مع التركيب عنبر 33 أن نسب التوريث بالمعنى الواسع كانت عالية لصفة دليل الحصاد وبلغت 86.695 %. بَينَّ Mohammed واخرون ( 2012 ) الى امتلاك التراكيب الوراثية من الرز على مديات متوسطة لنسب التوريث لصفة حاصل الحبوب تراوحت مابين 42-49 % في حين ابدت تقديرات عالية لنسب التوريث

بالمعنى الواسع لصفة عدد الايام الى التزهير. اشار Shariar واخرون (2014) امتلاك صفة عدد الايام للتزهير الى مديات واسعة من نسب التوريث. فيما.

## 2-3-3-الارتباطات الوراثية والمظهرية Genotypic & Phenotypic Correlations

تعد دراسة الارتباطات الوراثية والمظهريه مهمة لمربي النبات إذ يمكن اتخاذها مقياساً لانتخاب صفة معينة قيد الدراسة . إنّ استنباط تراكيب وراثية ذات حاصل عالٍ هو الهدف الرئيس في برامج التربية المختلفة ، ولما كانت هذه الصفة من الصفات المعقدة ، إذ يتحكم بها عدد كبير من العوامل الوراثية و إن الانتخاب المباشر لها لايؤدي الى نتائج مشجعة في مجال تحسينها بسبب تأثرها بظروف البيئة ، وتتطلب نمو النبات الى مرحلة معينة لأخذ العينة ، وعدم ثبوتيتها بسبب تحكم أكثر من جين في بعض الصفات المظهرية ، مما يؤدي الى ضعفها وصعوبة تتبع توارث صفة معينة فيها ، وخاصة في برامج التربية (Thaura وآخرون، 2008 ).

يحاول مربي النبات تحسين صفة حاصل الحبوب بشكل غير مباشر عن طريق تحسين الصفات المرتبطة بها لاسيما مكونات الحاصل ، وإن ذلك يتم عن طريق دراسة الارتباطات الوراثية والمظهرية إذ توفر فهماً أفضل لمكونات الحاصل بما يسهل مهمة المربي في تحسين المحصول ، وذلك بالانتخاب غير المباشر لصفات ذات درجات التوريث العالية التي ترتبط مع صفة الحاصل (حسن، 2005).

تعد صفة الحاصل في الرز صفة كمية معقدة التوريث لذلك فان الانتخاب المباشر لها تعد طريقة غير فعالة لتحسين هذه الصفة الا إن الانتخاب غير المباشر خلال الصفات المرتبطة بالحاصل وذات درجة التوريث العالية هي الطريقة الفعالة لتحسين هذه الصفة ، وتفيد دراسة علاقة الارتباط بين الصفات الاقتصادية (كالحاصل ومكوناته ) في إعطاء فكرة عن علاقة كل صفة من الصفات المدروسة بالصفة الاخرى وعلاقتها بحاصل النبات، اذ لاتوجد مورثات معينة لها المسؤولية الكامله عن زيادة أو نقصان صفة

حاصل الحبوب، بل ترتبط هذه المورثات بمورثات أخرى مسؤولة عن صفات أخرى ذات علاقة بحاصل الحبوب .

تعد معرفة العلاقة بين التركيب الوراثي (Genotype) والشكل المظهري (Phenotype) أحد الاسس المهمه في علوم الوراثة وتربية النبات، ومن الضروري المعرفة الجيدة لهذه الصفات التي لها ارتباطات معنوية مع الحاصل لغرض استعمالها كدالة للانتخاب المباشر او كمؤشر للتعرف على إنتاجية التراكيب الوراثية.

يصف الارتباط الوراثي درجة ارتباط الجينات المتعددة التي تسيطر على صفة كمية معينه مع الجينات المتعددة التي تسيطر بدورها على صفة كمية اخرى اوتعدد الاثر للجينات المتعددة على الصفتين . إن تقدير الارتباطات الوراثية تساعد مربي النبات على اختيار الصفات المهمة والمرغوبة التي يعمل عليها وبالاعتماد على ارتباطها الوراثي ، إذ ينشا هذا الارتباط من التلازم الوراثي والفعل المتعدد للجين Pleiotropy ، او من العلاقات ذات المنشا التطوري بين مكونات الحاصل بسبب التاثير غير المباشر للفعل الجيني .

ذكر Saleem واخرون ( 2008) ان الارتباط بين الصفات المختلفة وبشكل عام ناتج من وجود العوامل الوراثية المرتبطة وتاثيرات التفوق بين الجينات المختلفه وتلعب البيئة دوراً فعالاً في الارتباط وفي بعض الحالات تؤثر البيئه في الصفات بشكل آني.

أشار Dutta واخرون (2002) الى انه توجد علاقة ارتباط موجب بين الحاصل البايولوجي وحاصل الحبوب. بينَّ Ganesan (2000) أن عدد الايام الى التزهير وارتفاع النبات وعدد الداليات /م$^2$ وعدد الحبوب للدالية ونسبة الخصب ابدت ارتباطا معنويا موجبا مع حاصل الحبوب على المستويين الوراثي والمظهري ، وان الانتخاب المباشر لهذه الصفات يمكن ان يزيد الحاصل.

ذكر المشهداني (2003 ) أن لصفة ارتفاع النبات أهمية كبيرة وذلك لوجود إرتباط عال بينها وبين الحاصل. ومن دراسة سابقة بين Ramakrishnan واخرون (2006) ان الارتباط بين حاصل الحبوب

وعدد الحبوب في الدالية كان غير معنوي في حين كان بين حاصل الحبوب مع كل من عدد الداليات بالنبات وطول الدالية ووزن الحبوب كان معنوي. ومن ناحية أخرى يتضح أن صفة عدد الحبوب بالدالية كان لها ارتباط موجب عالي المعنوية مع حاصل الحبوب (Yadav واخرون، 2010). فيما كان لعدد أيام التزهير 50% ارتباط سالب ومعنوي مع وزن 1000 حبة ،

أشار Fageria واخرون (1997) ان دليل الحصاد قد ارتبط معنويا مع حاصل الحبوب. ومع ذلك فقد لاحظ Sadeghi (2011) ارتباطا معنويا موجبا لحاصل الحبوب مع صفتي عدد الايام الى التزهير وعدد الايام الى النضج الفسلجي. واستنادا الى Seyoum واخرون ( 2012) و Lakshmi (2014) فقد أظهرت صفة عدد الايام للتزهير والنضج ارتباطا معنويا موجبا مع ارتفاع النبات ولم تظهر اي ارتباط مع حاصل الحبوب. نستنتج من ذلك ان معاملات الارتباط الوراثي والمظهري تصف العلاقة بين صفتين اواكثر ودراستها توفر امكانية تطوير هذه الصفات .

تعد العلاقة بين صفة الحاصل ومكوناته من جهة وبين المكونات ذاتها من جهة أخرى أمراً في غاية الأهمية بالنسبة للباحثين في مجال وراثة النبات وتربيته ، إذ تساعدهم معرفة طبيعة تلك العلاقة في تحسين مجمل الصفات ذات الارتباط الموجب في آن واحد وذلك عن طريق انتخاب الصفة ذات التأثيرات الإضافية العالية ونسبة توريثها المرتفعة. وتنحصر مهمة مربي النبات في ايجاد تراكيب وراثية ملائمة ومشابهة تماما لمظهرها الخارجي ( العذاري ، 1992) .

بعبارة اخرى يمكن القول : إن مظهر أي صفة هو المحصلة النهائية للتركيب الوراثي والتأثير البيئي والتداخل بينهما وهو ما يطلق عليه الشكل المظهري ، وتأتي الأهمية الاقتصادية للتركيب الوراثي المنتخب من خلال الصفة أو الصفات المرغوبة التي يتميز بها عن غيره.

## 2-4-الدراسة الخلوية Cytological study :

تجرى دراسات الوراثة الخلوية للنبات لتحديد مدى ثباته واستقراره وراثياً من خلال معرفة أعداد الكروموسومات والسلوك الكروموسومي لذلك النبات وكذلك معرفة السلوك الكروموسومي للذرية الناتجة منه عن طريق معرفة ثبات الجينات المحمولة على الكروموسومات وعلاقة ذلك بالاستقرار المظهري (Al-Sudani ، 2002 ) .

تؤدي الدراسات الخلوية دوراً مهماً في تحديد اصل الانواع وعلاقة الانواع المنزرعة بالاصل والاستفادة من هذه العلاقة في مجال تربية النبات وتحسينه لغرض الحصول على أعلى درجة من التغايرات الوراثية وزيادة القاعدة الوراثية والاستفادة منها من قبل مربي النبات وعلى مستوى أعداد الكروموسومات في الجيل الاول (F1) ومن ثم الحصول على الانعزالات في الاجيال اللاحقة عند اجراء التهجينات ولمعرفة اختيار التراكيب الوراثية المستقرة والتاكد من استقرارها الوراثي (Kimber ، 1983 ) حيث لايمكن الاستفادة من التغايرات الوراثية دون اللجوء الى الدراسات الخلوية .

ان الاختلافات التي تظهرها الطرز الوراثية هو نتيجة الاختلاف في استجابتها للظروف البيئية . فضلاً عن ذلك فإن معظم العمل بالتصنيف الخلوي يكون من خلال تحديد نمط النواة والمتضمن العدد والشكل و السلوك للكروموسومات . ذكر Davis وHeywood (1973) ان استعمال العدد الكروموسومي وصفات الهيئة الكروموسومية لهما أهمية كبيرة في تفسير الظواهر التطورية والوراثية المؤدية إلى التنوع Speciation اذ إن دراسة الهيئة الكرموسومية للأجناس والأنواع الشائعة تظهر أهميتها في عزل المراتب التصنيفة وتشخيصها .

أكد Stace (1980) الأهمية التصنيفية لحساب العدد الكروموسومي للنوع كون هذه الصفة تمتاز بالثبات ويمكن استعمالها في دراسات التصنيف الحياتي (Biosystematic) فيما يتم تحديد نمط النواة من خلال كروموسومات الطور الاستوائي (Goto، 1982). وان دراسة نمط النواة Karyotype تفيد في

التمييز السريع للانحرافات في أعداد الكروموسومات وفي معرفة ثبات العلاقة التطورية بين الأنواع المختلفة (Goodenough و Levine، 1974).

يعبر العدد الزوجي للكروموسومات المتكاملة Diploid number عن نمط النواة Karyotype .

أشار Kato (2005) الى ان التطورات الحاصلة في مجال الوراثة الخلوية للنبات وفرت ادوات جديدة لتحليل جينوماته مكنت من معرفة التفاصيل الدقيقة للكروموسوم وتحليل السلوك الكروموسومي وخاصة تقنيات Fluorescent *in situ* hybridization (FISH) و Genome *in situ* hybridization (GISH) والتي أمكن بواسطتها معرفة التركيب الدقيق للتعدد المجموعي الخليط.

أكد الجبوري (2010) أهمية نتائج الدراسة الخلوية في أنها توازي الدراسة المظهرية للنبات أو أية دراسة مقارنة وهي تساعد في دعم الدراسات المظهرية واسنادها بغية الوصول الى تصنيف أكثر اقناعا للمراتب التصنيفية والتطورية المدروسة.

إنَّ عملية الانقسام الخيطي Mitosis division تتضمن بصورة رئيسة انقسام المادة الوراثية وتوزيع الكروموسومات والجينات التي تقع عليها ويطلق على الطور الذي تكبر فيه النواة في الحجم وتضاعف الكروموسومات ويحدد بناء DNA والبروتين بالطور البينيInterphase اما في الطور التمهيدي Prophase فتتميز فيه خيوط الكروموسومات بشكل ازواج وكل زوج يتكون من كروماتيدين نتيجة لتضاعف DNA ويرتبطان بالقطعة المركزية . فيما يمتاز الطور الاستوائي Metaphase باصطفاف الكروموسومات في منطقة استواء المغزل، بينما في الطور الانفصالي Anaphase تنفصل الكروموسومات البنوية نحو القطبين واخيراً في الطور النهائي Telophase تستعيد الكروموسومات قطرها الاصلي كخيوط طويلة (Makenn ، 1973).

**2-4-1-التوصيف الوراثي الخلوي للرز Cytogenetic Characteristics of Rice :**

يعد الرز واحداً من أفضل الأنواع المدروسة في بحوث الوراثة الخلوية (Cheng واخرون،2001) إذ تم دراسة الاتجاهات التطورية وتغايرات الكروموسومات وأنماط توزيعها في عويئلات وعشائر العائلة النجيلية من قبل Hilu (2004) مشيراً بذلك الى أن الأعداد الأساسية العالية توجد في الوحدات التصنيفية الواطئة بينما الأعداد القليلة توجد في الأنواع الأعلى تطوراً .

ان عدد الكروموسومات الاساس( X ) في جينوم نبات *Oryza* هو (x= n = 12) فيما يكون الرز ثنائي المجموعة الكروموسومية Diploid اذ 2n = 24 وفي كلا النوعين المنزرعين الاسيوي *Oryza sativa* والافريقي *O. glaberima* ( Ohmido و Fukai ، 1995 و Perera وDahanayake ،2016 ).

بعبارة اخرى يمتلك الرز المجموعة الصبغية الثنائية وهي (2n=2x=24) في الانواع المنزرعة ، فيما يكون رباعي المجموعة Tetraploid اذ ان 4n =48 في بعض الأنواع البرية Wild (Kurata واخرون ،1981 و Brar وKhush ، 2003) ويمتلك الرز طاقم جينومي من طراز (AA-type) (Vaughan واخرون ،2003).

تمتاز كروموسومات الرز بكونها صغيرة الحجم اذ يتراوح طولها من 2-5 مايكرون ويصعب تمييزها عن بعضها وان اطول كروموسوم هو كروموسوم رقم 1 واقصر كروموسوم منها هو كروموسوم رقم 12 ويمكن مشاهدتها بوضوح في الدور الضام Pachytene stage من الانقسام الاختزالي الأول (Kurata واخرون ، 1981 و Liu واخرون ، 2004).

بيِّنت دراسات سابقة حول الانقسام الاختزالي في الخلايا الأمية لحبوب اللقاح في الرز إمتلاك نبات الرز على 12 كروموسوم في الخلايا الجنسية Sexual cells المتمثلة في الخلايا الامية لحبوب اللقاح Pollen Mother Cell ( PMC) ومنها دراسة (Niroula واخرون ، 2009 و Li وWu ، 2014 ).

في العراق يمكن القول أن الدراسات الخلوية للعائلة النجيلية نالت اهتمام الكثير من الباحثين ولا سيما فيما يتعلق بدراسات الانقسام الاعتيادي والاختزالي لنبات الحنطة *Triticum aestivum* والذرة *Zea mays* ، ومنها دراسة (التميمي ،2000 والعيسى ، 2001 ).

من استعراض المراجع يتبين ندرة الدراسات الخلوية وقلتها فيما يتعلق بخصوص نبات الرز *Oryza sativa* في العراق عدا دراسة كل من ( Mohammed و Ibrahim ،2017) الخلوية في بيان تاثير أنواع من المطفرات على تركيبين وراثيين من الرز هما (عنبر بغداد وعنبر 33 ) وحصول مايسمى بالطفرات الكروموسوميه وتسجيل بعض من حالات الشذوذات الكروموسومية او مايعرف بالزيغ الكروموسومي كاللزوجة الكروموسومية وتكوين الجسور والقطع الشظايا والكروموسومات المتاخرة وغيرها .

عدت هذه الدراسة الثانية من نوعها في إعطاء فكرة عن دراسة الانقسام الخيطي الاعتيادي وبيان الهيئة الكروموسومية في الانقسام الاعتيادي الخيطي Mitotic division و تحليل السلوك الكروموسومي و Karyotping وتسجيل بعض من حالات الزيغ او الشذوذ الكروموسومي والتي تحدث في بعض اطوار الانقسام الخيطي الاعتيادي في الخلايا الجسمية لا طراف القمم النامية في جذور بادرات عدد من التراكيب الوراثية للرز.

## 2-4-2-اختبار معامل الانقسام الخلوي : Mitotic index test

معامل الانقسام الخلوي هو دليل يتم حسابه كنسبة بين عدد الخلايا المنقسمة في المراحل الانقسامية المختلفة الى العدد الكلي للخلايا في عينة تضم (1000) خلية ، ويعبر عنها بالنسبة المئوية للخلايا المنقسمة ، وعادة يكون لكل انقسام خلوي دالته المميزة له ، ويعد الانخفاض في دالة الانقسام دلالة على وجود تراجع في متوسط الانقسام نتيجة حدوث اعتلال في مسار الانقسام. ويستخدم عادة للكشف عن التاثير السمي الوراثي للعوامل الفيزيائية والكيميائية في الخلايا .اذ تعمل المواد المطفرة والمسرطنة في التأثير على عدد الانقسامات ومعامل الانقسام (MI) (Ford واخرون ، 2002).

**2-4-3-الاختلالات او الطفرات Mutations** : تؤدي الى تغير كمية او بنية المادة الوراثية ( DNA او RNA) وبناء على المستوى الذي تحدث عنده الاختلالات أو الطفرات، قسم ستانسفيلد (1969) الطفرات الى:

**أ- الطفرات الجينية Gene mutations** : وهي تشير الى تغيرات تطرأ على تسلسل نيوكليوتيدات لجين معين ضمن مجين الكائن الحي وتاخذ الطفرات الجينية اشكالا عديدة منها الابدال القاعدي Base substitution والاضافة Insersion او الحذف Deletion.

**ب -التشوهات او الاختلالات الكروموسومية Chromosomal aberrations** : وهي تعبر عن تغيرات تطرأ على تركيب او عدد اوسلوك الكروموسومات ضمن جينوم الكائن الحي (الغامدي واخرون، 1994) وهناك العديد من صور الاختلالات التي تحدث أثناء الانقسام الميتوزي Mitosis division وهي كالاتي:

**1-تغيرات في عدد الكروموسومات Changes in chromosome number** :

تؤدي السمية الوراثية في بعض المواد الكيميائية او المطفرات كالتشعيع وغيرها الى تغير في عدد الكروموسومات ومنها التعدد الكروموسومي غير التام Aneuploidy ، وهذا التغير قد يكون بالنقص او الزيادة لكروموسوم واحد او اكثر وغالبا مايحدث نتيجة لتعرض الخلية لعوامل مطفرة تؤدي الى فشل أحد الكروموسومات في التحرك الى أي من قطبي الخلية ، مما ينتج معه فقدان الكروموسوم وغيابه من المجموعة الكروموسومية للكائن الحي (الغامدي واخرون، 1994)،

**2- التوقيف المايتوزي Mitotic arrest :**

هذا النوع من التوقف يحدث أثناء الطور الاستوائي ويعرف ب C-metaphase اواثناء الطور الانفصالي ويعرف بإسم C-anaphase ويحدث بسبب خلل في تكوين خيوط المغزل ، ومن ثم ينتج عن

ذلك توقف الخلية عن الاستمرار في عملية الانقسام عند الطور الاستوائي أو الانفصالي اذ تظهر الكروموسومات على درجة كبيرة من الحلزنة وغير موجهة الى الأقطاب (Vig ،1971)

**3-الجسور الكروموسومية :Chromosome bridges**

ان سبب ظهور مثل هذه الاختلالات قد يعود الى حدوث تبادل غير متساو او الى حدوث كسر طرفي في الكرموسوم قبل المضاعفة ، وينتج عن المضاعفة لهذا الكروموسوم الناقص كروماتيدتين اخويين بأطراف لزجة ، واندماج مثل هذه الاطراف يعطي كروماتيدة ثنائية السنترومير ، ونتيجة لحدوث شد للسنترومير باتجاه القطبين تظهر الجسور الكرموسومية.

**4-اللزوجة الكروموسومية Stickiness :**

تعد حالة اللزوجة الكروموسومية هي عدم وضوح معالم الكرموسومات وظهورها بشكل متداخل مع بعضها البعض مما يوحي وكأنها كتلة واحدة (Chauhan واخرون، 1988).

**5- الشظايا او القطع الكروموسومية: Chromosome fragments**

تظهر كنتيجة لانفصال قطع كروموسومية عن الكروموسومات إذ تفشل هذه القطع في التحام بكروموسوم اخر (Lawley و Brookes ,1963).

**6-الكروموسوم المتلكئ: Ligging chromosome**

وهو الكروموسوم ذو السنترومير غير النشط ،ً وعليه فان هذا الكروموسوم لايمتلك القدرة على الاتصال بخيوط المغزل فيظهر خلال الطور الانفصالي في غير موضعه الطبيعي متأخرا ومتلكأ عن بقية المجموعة الكروموسومية في الوضع المغزلي (Turkoglu ,2007 ).

**7-تكون أنوية صغيرة : Micronuclei**

تنتج هذه الحالة من تكسر او تجزأ Fragmentation للكروموسومات ذات السنترومير الى شظايا Fragments أو قطع صغيرة جدا أو الى وجود كروموسومات متلكئة Lagging Chromosome تحاط

كل منها بغشاء نووي مكونا نواة صغيرة ، يعد ظهور الأنوية الصغيرة من أهم المؤشرات على حدوث الطفرة الوراثية لذا فهناك اختبار للكشف عن الطفرات الوراثية يعرف بالأختبار النواة الدقيقة ( Micronuclei Test) وهو أحد الاختبارات الحيوية المستعملة في الكشف عن السمية الوراثية ( Duan واخرون، 1988).

مما سبق يتضح أن الاختلالات الكروموسومية ستؤدي الى ظهور الكروموسومات خلال أطوار الانقسام المختلفة بأشكال ومواضع مختلفة لما يحدث في الحالات الطبيعية ويتضح ذلك عند مقارنتها بالاشكال الكروموسومية وسيرها الطبيعي خلال دورة الانقسام ، وقد يعود سبب ظهور هذا النوع من التشوهات الى أسباب عديدة .

بين Darlington و Mc-Leish (1951) بأن لزوجة الكروموسومات قد يعود سببها الى تكثف في خيوط DNA وتماسك الياف الكروماتين بين الكروموسومات التي تؤدي الى ترابطات كروماتيدية ثانوية بين الكروموسومات، او قد تنتج بسبب خلل في وظائف البروتينات اللاهستونية المختصة في تنظيم الكروموسوم واللازمة لفصل الكروماتيدات وعزلها وقد يعود سبب تثبيط عمل هذه البروتينات الى طفرات في الجينات التركيبية المشفرة لهذه البروتينات (Turkoglu، 2007).

ان ظهور الجسور الكروموسومية فقد يعود الى الكسور الكروموسومية أو الالتصاق وكسر وإعادة اتحاد النهايات المكسورة . وإن التصاق الكروموسومات يمنع انفصال الكروموسومات البنتية لذلك تبقى مرتبطة بواسطة الجسور( Badr واخرون ، 1992) او بسبب عدم اكتمال تضاعف الكروموسوم بسبب نقص في نشاط الانزيمات المشاركة في عملية التضاعف او قد يعود السبب الى تميع ولزوجة الكروموسومات وتأثير المواد المستعملة في تركيب البروتينات اللازمة ووظيفتها لفصل الكروماتيدات للطور الاستوائي الكولشسيني (C-mitosis) و تأخر الكروموسومات وفيه تنتشر الكروموسومات خلال السايتوبلازمً ومن ثم تفقد قدرتها

على التحرك إلى الاقطاب وهذا الخلل الكروموسومي يعود سببه الى تعطيل جهاز الياف المغزل الذي يؤدي الى تأخر انقسام السنترومير (Turkoglu , 2007).

## 2-5-التوصيف الجزيئي للرز: Molecular characteristic of rice

إنَّ تطور التكنولوجيا الحيوية الجزيئية أدى الى ظهور نوع جديد من المؤشرات الوراثية تسمى المؤشرات الجزيئية أو مؤشرات الدنا (DNA Marker) وتعرف بأنها قطعة أو تسلسل من الدنا يمكن الاستدلال بها على موقع وراثي معين من الكروموسوم أو الجين (Schulmann ، 2007 ) . حققت هذه المؤشرات تقدماً سريعاً، فهي المؤشرات الأكثر موثوقية حاليا، ويمكن استعمالها في الكشف عن الاختلافات الجينية على مستوى الحامض النووي ودراسة العلاقة الوراثية بين مختلف العشائر والأفراد.

عملت المؤشرات الجزيئية المستندة إلى الحامض النووي (DNA) كأدوات متعددة الاستعمالات ووجدت موقعها الخاص في مجالات مختلفة مثل التصنيف وتربية النباتات والهندسة الوراثية وما إلى ذلك ( Joshi واخرون ، 2011) ومن صفاتها انها تكون قادرة على تمييز الاختلافات الجينية بسرعة ومباشرة وتحديد البصمة الوراثية DNA fingerprinting ورسم الخرائط الوراثية Genetic maps (Yang واخرون ، 2013) ، والكشف عن الطفرات، وايضا إيجاد الجينات الطافرة التي ترتبط بالأمراض الوراثية.

ان لهذه المؤشرات دوراّ كبيراّ ومهما في دراسة التنوع الوراثي ولا سيما المحاصيل الحقلية ، والكشف عن التراكيب الوراثية المقاومة والمتحملة للاجهادات الحيوية وغير الحيوية وتساعد ايضا في الانتخاب (Molekularno وآخرون ، 2014 ). لذلك تعد الاختيار الذي لا بديل منه في تطوير الخطط الملائمة لحفظ الأنواع.

تمتاز مؤشرات الدنا بقدرتها على كشف التباين في توريث تتبع او تسلسل النيوكلوتيدات للمادة الوراثية أو الحامض النووي بين الافراد و في الكائنات الحية وهذه التغايرات تكون ناتجة اما من حذف Deletion او

تضاعف Deplication او طفرات نقطية Point Mutation (Mondini واخرون ،2009 ) من خصائصها أنه يمكن تطبيقها على اي جزء من الجينوم سواء أكان ذلك أجزاء من الدنا المشفره Exon وغير المشفرة Intron والتي تشكل حوالي (98)% من حجم المجين في الكائنات الراقية (Schulmann ، 2007 ) ، ولها القدرة على تتبع التغايرات الوراثية من جيل الى آخر لانها تتبع قوانين مندل في التوارث (Semagn وآخرون ، 2006) .

إن من أهم مجالات تطبيق مؤشرات DNA هو تشخيص التباينات ، وقد يكون البديل للكشف عن التنوع الوراثي بين التراكيب الوراثية من الرز وتحديد التشابه الوراثي بينها ( Rahman وآخرون ، 2012 و Zhang وآخرون ، 2013 و Choudhury وآخرون، 2014 ).

تساعد هذه المؤشرات على تشخيص الجينات المرتبطة بموقع الصفات الكمية Quantitative Trait Loci (QTL ) في الرز ، والتي تساعد على تشخيص حالة Heterozygosity وحساب مستوى التباين بين افراد التركيب الوراثي الواحد واختيار النباتات التي تحمل الصفات المرغوبه (Ahasanu واخرون ، 2014).

تشير دراسات البايولوجيا الجزيئية والوراثة بان الرز هو أنموذج Model مثالي لمحاصيل الحبوب ؛ لامتلاكه جينوم صغير الحجم، و يحتوي على تنوع وراثي هائل يمكن استعماله لتوسيع الفيض أو المخزون الجيني وتطوير التراكيب الوراثية (Kobayashi وآخرون ،2006).

يمتلك الرز مدىً واسعاً من التغايرات مقارنة بأصناف النباتات الاخرى؛ لذا عد أنموذجا مثاليًا للحشائش في دراسات الوراثة والتنظيم الجيني (Ashfaq واخرون ، 2012) . فقد قدر محتوى DNA في نواة الرز على أنها تحتوي على 0.6 بيكوغرام وهذا يكافئ (430- 450) كيلو زوج قاعدي (Chao وآخرون ,2003)؛ ويمتلك جينوم الرز حوالي50% من التسلسلات المتكررة (Chang , 2003).

ان عدد الجينات في جينوم الرز يتراوح ما بين ( 32,000 إلى 62,000) ( Sasaki و Sedorof ، 2003 ) ، لذا فقد حاز على اهتمام الباحثين في المراكز الدولية المتخصصة بابحاث الـ Genome وعده انموذجاً Model (Goff ، 1999 ) لفهم التنظيم الجيني لبقية محاصيل الحبوب ولا سيما نباتات ذوات الفلقة الواحدة ؛ لذا أنشأت مراكز دولية متخصصة بأبحاث الرز وتشخيص أصنافه وإقامة بنوك وراثية متخصصة لجينوم تلك الأصناف ومن هذه المراكز المركز الدولي لأبحاث الرز في الفلبين International Rice Research Institute (IRRI) الذي يضم اكبر عدد من أصناف الرز المشخصة في العالم والبالغ عددها (102700) عينة منها 84200 عينة لأصناف الرز الناتجة من التضريبات وجميعها مسجلة ومحفوظة في البنك الجيني العالمي للرز (Jackson ،2000).

لقد تركزت جهود الباحثين في هذا المركز على إيجاد تراكيب وراثية جديدة تمتلك صفة الحاصل الوفير والتأقلم لبيئة معينة، ومقاومة الاضطجاع، ومقاومة الأمراض، وتحسين القيمة الغذائية وتحمل الملوحة والجفاف والتبكير بالنضج (David و Otsuka ، 1994). ويعد برنامج الابحاث الدولي المتخصص بجينوم الرز (IRGRP) في اليابان وكوريا والصين والفلبين والولايات المتحدة اضخم برنامج عالمي تم فيه التوصل إلى إيجاد 11 خريطة وراثية للرز والتعرف على مئات الجينات التي ترتبط بالصفات المظهرية أو الفسلجية وغيرها من الصفات (Sasaki ،2002).

إنَّ تطور علم جينوم الرز يمكن أن يكون نقطة تحول؛ لأنها سوف تجعل منها أداة سهلة لنقل الصفات المفيدة والمرغوبة لانواع متكيفة محلياً. وبناء على أهمية هذا المحصول ، فقد برزت الحاجة الى تحديد البصمة الوراثية الخاصة بكل صنف ودعماً للدراسة المظهرية والخلوية للاستفادة منها في مختلف المجالات ولا سيما برامج التربية المستقبلية.

**2-5-1 مؤشرات الدنا المعتمدة على تقانـة ال( PCR)**

تعد ( PCR ) التقنية الأكثر رواجاً واستعمالاً اليوم في مختبرات الوراثة الجزيئية في جميع أنحاء العالم والاساس الذي تعتمد عليه الكثير من الدراسات على مستوى DNA (Kumar واخرون، 2009)، لما تمتاز به من الخصوصية Specificity، والحساسية العالية في الكشف عن قطعة DNA معينة ضمن الآلاف من القطع مما جعلها الأداة التي لا يمكن الاستغناء عنها في دراسة الوراثة الجزيئية، فضلاً عن أنها طريقة عمل سهلة نسبياً وسريعة ولا سيما عند التعامل مع أعداد كبيرة من النماذج ، وكونها لا تتطلب كميات كبيرة من (DNA) .

استعملت تفاعلات الـ PCR على نطاق واسع ليس فقط لتضخيم وإكثار الـ DNA بل للعديد من تطبيقات البايولوجيا الجزيئية لا سيما في تشخيص الامراض والبصمة الوراثية والتحليلات ، والكشف عن الطفرات وفي برامج تربية وتحسين النبات اللازمه للانتاجية العالية مثل الحاصل ومقاومة الامراض (Datta واخرون ، 2011) .

لقد استثمر وجود تتابعات قصيرة متكررة في مجين الكائنات الراقية والتي تختلف في اعدادها بين الانواع في إيجاد نوع من المؤشرات يطلق عليها الـ Microsatellite او الـ Simple Sequence Repeats)) وذلك بتصميم بادئات متخصصة ومكملة لجانبي تلك التتابعات Flanking region والتي تكون مميزة للنوع، كما وتعد التقانه الأكثر دقة في تحديد درجة القرابة الوراثية بين الانواع.

**2-5-2 تقانة المقاطع البسيطة المتكررة Simple Sequence Repeats او (SSR) :**

تسلسل التكرار البسيط او مايسمى بالتوابع الصغيرة المايكروستلايت (Microsatellite) هي احدى المؤشرات الجزيئية المهمة والتي تستعمل في دراسات التنوع الوراثي والعلاقات الوراثية ورسم الخرائط الجينية والتي تساعد في عمليات الانتخاب ، والدراسات التطورية ، وتحليل النسب (Kusterer واخرون، 2004 )

وبصمات الحامض النووي، والتربية الجزيئية لنباتات المحاصيل ، وتحليل الطفرات ورسم مواقع الصفات الكمية QTL (Zhang واخرون ، 2013) .

استعملت على نطاق واسع في التحاليل الوراثية للنباتات وعلى أساس وجودها بشكل واسع في الجينومات وخصائصها الجينية المتمثلة في كونها ذات سيادة مشتركة ، وكثيراً ما تكون محددة الكروموسومات ومتعددة الاليلات (Talia واخرون ، 2010).

لقد أعطى الباحثون هذه المؤشرات قدراً كبيراً من الاهمية والتي تتصدر أنواع المؤشرات الاخرى ؛ لما تتسم به من كفاءة في اظهار التباينات الوراثية وخاصة في المناطق الجانبية Flanking لمواقع المكررات الترادفية والموجودة بصورة طبيعية في مجين الكائنات حقيقية النوى ووفرتها وتوزيعا العالي ، وقدرتها على التمييز بين الاليلات المتماثلة والمتباينة بين الأنواع المختلفة والأصناف للنوع الواحد ؛ وبهذا اكتسبت صفة المؤشرات ذات السيادة المشتركة Co-dominant أهمية في الكشف عن مستوى عالٍ من التعددية الشكلية Polymorphism ( Wang واخرون ،2013) .

## 2-5-3 تطبيقات تقنية ال SSR-PCR في الرز:

تعد مؤشرات SSR من المؤشرات القوية والمستعملة بكثرة ولها أثرها في الدراسات الجزيئية، تتميز بكونها قوية وغنية بالمعلومات وكفوءة ، وبما انها تعتمد على( PCR ) فانها تتطلب كمية قليلة من (DNA)، وتعد من أفضل المؤشرات للكشف عن تعدد الاشكال Polymorphism ، إذ تستعمل وعلى نطاق واسع في دراسات وراثة النبات واعتمادها في برامج الانتاجيه للتراكيب الوراثية (Vieira واخرون ، 2016).

إن تطبيق تقنيات المؤشرات الجزيئية لل DNA وعلى نطاق واسع يتصف بكونه تطبيقاً مربحاً للمحاصيل النباتية والتشخيص الوراثي، ودراسة التنظيم الجيني (Yang واخرون ،2013).

تعد تقنية SSR-PCR هي الأبرز من بين المؤشرات الجزيئية الاخرى مثل RAPD و ISSR وغيرها بسبب إمتيازها بالثبوتية والاستقرار عند استعمالها في دراسات التنوع الوراثي الذي يعد أحد المجالات ذات الاولوية لزيادة الحاصل ومكوناته ، وفي علاقات النشوء والتطور وتحليل التنوع بين التراكيب الوراثية (Das واخرون ،2013 و Babu واخرون، 2014) .

أوضحت هذه التقنية عدد من صفات الرز مثل إعادة الخصوبة والتمييز بين الهجائن Hybrids والخطوط الابوية Parental lines ( Hashemi واخرون ،2009 و Naguib واخرون ، 2016 ) واختبارات النقاء الجيني والملوحة (Linh واخرون، 2012 و Md واخرون ،2015) والجفاف (Venuprasad واخرون ، 2012 و Ramadan واخرون ،2015).

## 2-5-4 التحري عن جينات اعادة الخصوبة :

يعد العقم Sterility او عدم الخصب من المشاكل المهمة في محصول الرز . إذ تعد صفة عدم الخصب أحد المحددات في زيادة الانتاجية لمحصول الرز ، ويعزى النقص في الاخصاب الى الظروف المناخية او البيئية غير الملائمة التي تسهم في إحداث حبوب فارغة احيانا او الى كونه صفة وراثية ملازمه التركيب الوراثي. الا انها وفي حالات كثيرة يعود سببها الى اجهاض كل من المتوك والمبايض ( Grist ، 1975) .

إنَّ الاجهاض الطبيعي Wild Abortive لنظام العقم الذكري السايتوبلازمي Cytoplasmic Male Sterility ( CMS-WA) هو أنموذج مثالي (Ideal ) للنباتات البذرية والتي تعاني من ظاهرة العقم الذكري السايتوبلازمي ولا سيما في أصناف الرز الهندية التي تستعمل تجاريًا وعلى نطاق واسع في انتاج الرز الهجين. وان المؤشرات الجزيئية تساعد على إنتخاب الافضل من التراكيب الوراثية وبسرعة ملحوظه

وكفاءة ودقة كبيرة خاصة في برامج التربية المستقبلية لزيادة عائدة الحاصل للمحاصيل والتغلب على المعوقات والتي من شأنها أن تسهم في انخفاض الانتاجية ( Irgs , 2005) .

استعملت مؤشرات ال SSR لدراسة التنوع الوراثي ورسم الخرائط الدقيقة لجينات إستعادة الخصوبة من قِبل Ahmadikhah وآخرون (2007) و Sheeba وآخرون (2009) و Sattari وآخرون (2009). وقد طبقت على نطاق واسع في الدراسات الوراثية للأرز ؛ لأنها قادرة على الكشف عن مستويات عالية وبشكل ملحوظ للتنوع الأليلي في الرز (Ni وآخرون ، 2002).

إن البحث عن جينات إستعادة الخصوبة في الرز هو أسلوب جيد عندما يكون النمط الظاهري مستهلكًا للوقت ، ويتأثر بالظروف البيئية ، ويحتاج الى العمل المكثف ، ويتطلب تحديد العقم وتشخيصه في داليات الرز عبر اختبارات الذرية او النسل (Grishnaa واخرون ، 2012 ) .

تتواجد جينات اعادة الخصوبة (*Rf*) وعلى نطاق واسع في أنواع *Oryza* ذات النمط الجينومي من نوع (AA−) ، ويتم التحكم في عملية اعادة الخصوبة لنظام العقم الذكري السايتوبلازمي CMS من قبل العديد من الأليلات Rf الموجودة في جينوم العديد من حالات الاعادة للانواع البرية ( Li واخرون، 2005) وهي موجودة (RF) على الذراع الطويل لكروموسوم رقم 10 ( Jing و Zhu ، 2001). وبعد نظام العقم الذكوري السيتوبلازمي البري (CMS-WA) النموذجي والذي ينتج بسبب إعادة ترتيب جينوم الميتوكوندريا او يكون غير قادر على إنتاج حبوب اللقاح وظيفيه وبالتالي تنتج او تكون حبوب لقاح فاشلة ( Sattari وآخرون ، 2009).

ان إستعادة احد خطوط العقم الذكري السايتوبلازمي يكون عن طريق الجينات النووية والتي تنظم إستعادة الخصوبة (Nematzadeh و Kiani ، 2010). فأصبح بذلك العقم الذكري السايتوبلازمي من نوع الاجهاض البري أنموذجا مثالياً في النباتات البذرية Sporophytic في التراكيب الوراثية من الرز ،

ويستعمل للإنتاج التجاري وعلى نطاق واسع في تقنية إنتاج الرز الهجين وتقييم خصوبة حبوب اللقاح في أفراد الجيل الاول F1 للداليات .

بالرغم من إمكانية إستعادة الخصوبة من قبل الجينات المهيمنة على الترميم أو الاعادة ، إلا أن هناك عدد من مواقع الخرائط والجينات و من بينها جينات *Rf3* و *Rf4* والتي ذكرت على أنها ذات قيمة أكبر لتحديد اعادة الخصوبة من قبل ( Revathi واخرون، 2013).

أجريت الدراسة الحالية بهدف توصيف الطرز الوراثية للرز وتوثيقها عن طريق جينات استعادة الخصوبة نوع (*Rf4*) باستعمال مؤشرات ال SSR وتقييم قدرتها على التوصيف الجزيئي ، والمساعدة في تشخيص وتحديد المستردات في الأصول الوراثية للرز، وتقييم التنوع الوراثي لأنماطه الجينية من أجل إعطاء بصمة وراثية مميزة بوجود جينات استعادة الخصوبة ، وتشخيص العلاقات الوراثية ومدى التقارب والبعد الوراثي بين التراكيب الوراثية ، وعلى أساس فعالية المؤشرات الجزيئية المستندة إلى تفاعل البلمرة المتسلسل .

إن التحري عن جينات إعادة الخصوبة والترميم Restorer fertility ( *Rf* ) في محصول الرز هي من الطرق الجيدة والحديثة بالاعتماد على تقانة SSR-PCR . إذ يتطلب التشخيص لظاهرة العقم في داليات الرز الى مؤشرات أكثر دقة وكفاءة لا سيما في الاختبارات التي تجرى عند التضريب للذرية او النسل ( Grishnaa واخرون ، 2012) . وفي برامج تربية محصول الرز المستقبلية وتحسينها (Al-kazaz ، 2014).

### 2-5-5- التحري عن الجينات المتحملة للجفاف :

الرز من المحاصيل التي تتعرض الى أنواع من الاجهادات Stresses منها ما هو حيوي (Biotic) كالحشرات والفطريات والبكتريا والفايروسات ، وغير الحيوي (Abiotic) كالجفاف (العطش) والملوحة والبرودة . يعد الجفاف او العطش (Drought) أحد أنواع الإجهاد البيئي غير الحيوي Abiotic الذي يشير إلى قلة الماء أو نقصه في محيط النبات ، ويعد واحداً من المشاكل البيئية و العوامل المحددة الاكثر

تعقيداً التي تواجه إنتاج المحاصيل ولا سيما محصول الرز ، في المناطق الجافة وشبه الجافة ، ويُعد الماء العامل المحدد الأول في نمو المحاصيل ؛ وإن تاثير الجفاف يكون معقدا وينطوي على العديد من التغيرات في مستويات صفات النبات المورفولوجية والفسلجية والكيموحيوية والجزيئية ، ولا سيما في مرحلة النمو الخضري والتكاثري ، وبهذا يكون من أكبر التحديات التي يواجها علماء الزراعة ( Saikumar واخرون ، 2014 و Bargaz ، 2015 ).

تعد صفة تحمل الجفاف من الصفات المعقدة التي يسيطر عليها عدد من الجينات Polygene وتعتمد على تقييم النمط المظهري ؛ لذا تكون من أصعب الصفات تميزا في الدراسة ، وتعد المرحلة التكاثرية هي الاكثر تاثرا بالجفاف ؛ لأنّها تؤدي الى فقدان حاصل الحبوب (Sabar و Arif ، 2014). وإنَّ الاختلاف في شدة الجفاف من موسم الى آخر ومن مكان الى آخر يتطلب زراعة تراكيب وراثية جديدة من الرز متحملة لمستويات مختلفة من الجفاف.

لقد أحدث ظهور المؤشرات الجزيئية ثورة في تجارب التحليل الوراثي للصفات المعقدة ، وبذلت جهود كبيرة في تحديد مواقع الصفات الكمية (QTL) الكامنه وراء الصفات المرتبطة بتحمل الجفاف ولا سيما صفات الحاصل ومكوناته . وإنّ استعمال المؤشرات الجزيئية هي الافضل لرسم مواقع الصفات الكمية المرتبطة بإجهاد الجفاف (Yadaw واخرون ،2013 ) وإنّ تحليل الوظائف والصفات للجينات تساعد على تقديم معلومات قيمة في برامج التربية الجزيئية للرز ( Hao و HX ،2010).

ساعدت مؤشرات تقنية ال SSR-PCR في الكشف عن العديد من مواقع الصفات الكمية المرتبطة بالجفاف ، ومنها الحاصل ومكوناته (Vikram واخرون ، 2011 ). فضلاً عن العديد من الصفات المتعلقة بالجذور الحرة Radicle stress (Rs) والجهد الازموزي وصفات أخرى ترتبط بتحمل الجفاف من قبل ( Kamoshita واخرون ، 2008). فضلا عن دراسة Nitika واخرون ( 2014) في تحديد ورسم خريطة مواقع الصفات الكمية لحاصل الحبوب العالي للرز تحت تاثير اجهاد الجفاف باستعمال مؤشرات ال SSR

## 2-5-6-التحري عن الجينات المتحملة للملوحة :

تعد الملوحة من المشاكل الرئيسة التي يواجهها الانتاج النباتي في المناطق الاروائية المحددة لنمو النباتات وأنتاجيتها في حوالي 23% من المساحة المزروعة في العالم ، ويصبح تأثيرهما أكثر حدة في المناطق الجافة وشبه الجافة (Munns ، 2002) ومنها العراق، اذ تسبب انخفاضا معنويا في حاصل مختلف المحاصيل الحقلية.

إنَّ الحصول على تراكيب وراثية ذات تحمل جيد للملوحة من خلال امتلاكها للأليلات التي تساعدها على هذا التحمل في مراحل النمو المختلفة تعد في مقدمة المعالجات لمشكلة الملوحة من حيث التعايش مع هذه المشكلة من جهة وتقليل اثارها السلبية في نمو وحاصل المحاصيل المختلفة ، ومنها الرز من جهة اخرى. إذ يسبب المستوى العالي من الاملاح في التربة في كثير من الاحيان أنخفاضاً في الانتاج الزراعي وتنمية الاراضي (Mudgal واخرون، 2010). ومن العوامل الرئيسة التي تسهم في هذه المشكلة هي المناخات الجافة وقلة الامطار وزيادة ملوحة مياه الري.

إنَّ الاجهاد الملحي يسبب تأثيرات ضارة في نمو النبات ناشئة عن الاجهاد المائي والاجهاد الازموزي والاضطراب الايوني؛ اذ يؤدي الاضطراب الايوني الى إرباك في اليات استقرار الايونات داخل النبات ، وتفرض ملوحة التربة قيودا على نمو محصول الرز وتطوره ، مما يسبب خسائر في المحصول اكثر من 50 % ؛ إذ ان كل وحدة ملوحة زائدة تخفض حاصل الرز الى أكثر من 12% (Redefern واخرون ، 2012).

تؤثر الملوحة بصورة مباشرة في امتصاص العناصر وهي لاتؤدي الى زيادة تراكم $Na^+$ و $Cl^-$ فقط وإنما تمنع من امتصاص العناصر المغذية الضرورية مثل $K^+$ ، $Ca^+$ و $Mg^+$ ( EL-Hendaway وأخرون ، 2005 ). ونظراً لأهمية هذه المشكلة وتأثيراتها السلبية المباشرة في الانتاج الزراعي لا سيما انخفاض

الإنتاجية في وحدة المساحة والتي تؤثر سلباً في كميات الغذاء المنتجة لسكان العالم ، الذين هم في تزايد مستمر ولأجل الحد من تاثيرات هذه المشكلة فقد سعى مربو النبات على وضع برامج بحثية تهدف الى استنباط تراكيب وراثية جديدة من المحاصيل الستراتيجية لا سيما الرز المتحمل للملوحة باستعمال طرائق التربية التقليدية والتقانات الحديثة .

يعد الرز *Oryza sativa* من المحاصيل التي يتأثر نموها وحاصلها بالملوحة ؛ كونه من المحاصيل الحساسة للملوحة اذ لاتتجاوز عتبة تأثره بالملوحة 3 ديسيمنز/م ( Reddy واخرون ، 2014) وتظهر التراكيب الوراثية من الرز تبايناً فيما بينها في صفة تحمل الملوحة (Sabouri و Sabouri ، 2009 ).

إنَّ الملوحة تؤثر في معظم العمليات الايضية والفسيولوجية لنبات الرز ابتداءا من دخول الماء الى داخل البذرة بفعل عملية التشرب وانتهاءا بالبناء الضوئي وتجمع المادة الجافة ومن ثَمَّ التأثير في مجمل المجموعين الجذري والخضري والحاصل النهائي. ومن المظاهر المهمة لتأثير الملوحة في الرز هي فشل عدد كبير من البذور في الانبات مما جعل هذه المرحلة من مراحل النمو الحرجة من حيث تحمل الملوحة ، علاوة على تأثير الملوحة في نمو البادرات ومدى قدرتها على النمو والبقاء وانعكاس ذلك على نمو المجموعين الجذري والخضري .

لقد أشارت البحوث الى أن الملوحة تؤدي الى خفض نسبة وتأخير الانبات في آن واحد ( Kienet وLutts ،2001) . ذكر (Shannon ، 1994) أن مرحلة البادرة المبكرة لنباتات الرز هي من أكثر المراحل حساسية للملوحة. ويعد عدم التوازن الايوني والتأثيرات السمية الناجمة عن تراكم الاملاح في أجزاء النبات المختلفة والتي تنعكس على امتصاص العناصر المغذية ونقلها وتجمعها في النبات من المظاهر المهمة الاخرى لتأثيرات الملوحة ؛ لكونها تنعكس على سير مجمل العمليات الحيوية في النبات. إن الحصول على نباتات تمتلك الية المحافظة على التوازن الايوني داخل النبات والقدرة على استبعاد العناصر الملحية

المضرة لاسيما الصوديوم والحفاظ على امتصاص العناصر الضرورية مثل البوتاسيوم تعد من الاهداف المهمة للتغلب على الاثار السلبية للملوحة والحصول على تراكيب متحملة للملوحة .

بينت العديد من البحوث الى امكانية اجراء عملية الغربلة والانتخاب لصفة تحمل الملوحه لنبات الرز في مرحلة البادرة لكونها المرحلة الحساسة للملوحة . لذا كان من الضروري ايجاد او الكشف عن تراكيب وراثية جديدة من الرز متحملة للملوحة واعتمادها باستعمال التقنيات الوراثية الجزيئية الحديثة التي تكون أكثر كفاءة مقارنة بالطرق التقليدية في أختبار النباتات المتحملة للملوحة وكشفها ؛ لأنها تعتمد على مجموعة واسعة من الاساليب المبتكرة لتحسين الاستراتيجيات في تربية النبات وتطوير تراكيب وراثية جديدة ، ومنها تقنية SSR والتي تستعمل كدالة أو مؤشر للمساعدة في برامج التربية .

لقد عززت هذه التقنية في امكانية استعمالها في دراسة التنوع الوراثي ، وإنَّها تعد طريقة كفوءة لتحديد درجة العلاقة او القرابة الوراثية بين الاصناف المختلفة. والكشف عن جينات تحمل الملوحة ويمكنها الكشف في كلا المرحلتين الخضرية والتكاثرية (Saqib واخرون ، 2012). ويمكن استعمال كل من نتائج المؤشرات المظهرية والمؤشرات الجزيئية للتراكيب الوراثية المتحملة للملوحة في برامج التربية المستقبلية وذلك من أجل تحسين بقاء النباتات وعيشها في المستويات الملحية العالية للحفاظ على الأمن الغذائي المتمثل بالمحاصيل الاستراتيجية ومنها الرز.

## 2-5-7-تحديد تسلسلات القواعد النيتروجينية لجين اعادة الخصوبة في الرز:

أسهمت التقنيات الحديثة المعتمدة على البيولوجيا الجزيئية ودقتها وحساسيتها وقدرتها على كشف التغايرات الوراثية بسهولة ويسر في تشخيص العينات . تعد تقنية تحديد تتابعات الدنا او مايعرف ب DNA- Sequencing من إحدى أهم تقنيات الهندسة الوارثية الحديثة ، التي من خلالها اصبح ممكناً التعرف على تتابع النيوكليوتيدات لقطعة (DNA) معينة وبدقة بالغة، ومما لاشك فيه ان استعمال هذه التقنية أضفت بعداً جديدا لعلم البايولوجي الجزيئي وكشفت الكثير من الاسرار التي تحيط بجزيئة DNA.

يشير مصطلح DNA sequencing الى الطرائق المتسلسلة لتشخيص ترتيب القواعد النيوكليوتيدية الاربعة: وهي الادنين A والكوانين G والسايتوسين C والثايمين T في جزيئة ال (DNA) ( Reinert و Huson، 2007).

الى جانب التوصيف الوراثي الخلوي والجزيئي تم اللجوء إلى أنظمة التحديد الوارثي ، والتي تسمح بتمييز الأنواع من خلال تحليل قطع صغيرة من الجينوم، وهي بذلك تعد من الانظمة الواعدة في تشخيص التنوع الحيوي ، فدراسة التطور النوعي Phylogenetic والتنوع الوراثي Genetic diversity بين الانواع تعتمد على عزل الحامض النووي ولاسيما للمايتوكوندريا Mitochondrial DNA (mtDNA) وتحديد أهم جيناته و تتابعها النيوكلتيدي خاصة تحديد التبديلات النيوكليتيدية في الموقع الثالث للشفرة الوراثية Genetic code.

إنَّ معرفة التتابع النيكلوتيدى المتسلسل لجينوم النباتات يمكن أن يمهد الطريق لأى دراسات مستقبلية لهذا النبات. وأن دراسة التنوع الوراثي ضمن الأنواع أي التراكيب التابعة للنوع الواحد مهمة جداً لتحديد الهوية له وتقدير القرب أو البعد الوراثي بين التراكيب الوراثية التي لها أهمية كبيرة في برامج التربية في الاختيار الأنسب للآباء التي فيها الصفات المرغوبة (Roy واخرون ، 2016 ).

ان تحديد التتابع النيوكلوتيدي و معرفة أوجه التشابه و الاختلاف الوراثي بين التراكيب الوراثية المدروسة والانواع الاخرى المعروفة عالميا يتم أما الدراسة بين الأفراد أو العشائر Populations التابعة للنوع الواحد او يعتمد غالباً على الطرق التي تستعمل مؤشرات (DNA markers) اذ يستدل بها على وجود موقع معين على الكروموسوم أو الجينوم يساعد في دراسة توارث صفة معينة أو جين معين، فالجينات القريبة من المؤشر تتوارث معاً، وتستعمل هذه المؤشرات التسلسل النيوكليوتيدي في تحديد الانواع (Ganie واخرون ، 2015) .

إنَّ دور التعاقب او التسلسل النيوكليوتيدي للحامض النووي ال(DNA) يبرز في دراسة التنوع والتباين الوراثي على مستوى المادة الوراثية ، إذ تعكس هذه التباينات الطبيعية الموروثة من تتابع النيوكليوتيدات في (DNA) التراكيب الوراثية للرز . لا شك أن العلماء يحتاجون إلى معرفة التركيبة التسلسلية لكل جين وهذا يمكنهم من معرفة المزيد عن البروتين الذي يصنعه ذلك الجين وعن التركيبة التنظيمية لعمل الجين وقد يصلون على ضوءه إلى معرفة الأمور التي تتحكم في عمله. وانه بمعرفة التسلسل النووي للجين يمكن مقارنته بالجينات التي سبق اكتشافها وهذا قد يعطي معلومات غزيرة عن وظيفة هذا الجين ويختصر الكثير من الأبحاث ويتجنب إعادة إجرائها (Kumar وآخرون، 2009).

تتم أحياناً مقارنة الترتيب النوكليوتيدي الناتج مع الترتيب النوكليوتيدي الأصلي المعروف لكشف الطفرات الوراثية إن وجدت في العينة، وتتم المقارنة آلياً، مقارنة القواعد بـStandard sequence والمعروفة مسبقاً من بنك الجينات وملاحظة أي اختلاف بينهم كان سببها طفرة Mutation او غيرها (Zhao وآخرون، 2010). وقد كان تطوير استراتيجيات تسلسل الحامض النووي له أولوية عالية في أبحاث علم الوراثة منذ اكتشاف بنية الحامض النووي والآليات الجزيئية الأساسية للوراثة (Weihua وآخرون، 2017).

توجد في المراكز البحثية المتقدمة هناك حالياً قاعدة بيانات في الحاسوب لمؤشرات الدنا تعرف بـ Sequence and Mapping Data (Masojc، 2002) تفيد الباحث في أختيار المؤشر الذي يحوي على مواصفات تخدم الهدف من البحث.

بناءاً على هذا المدى الواسع والأهمية الكبيرة لهذا المحصول الذي ضم الكثير من التنوع الوراثي، فقد برزت الحاجة إلى طرق حديثة كفيلة بضمان تمييز الحدود وتعيينها بين التراكيب الوراثية ليتسنى تشخيصها، وتحديد البصمة الوراثية الخاصة بكل تركيب وراثي للاستفادة منها في مختلف المجالات.

# الفصل الثالث

# المواد وطرائق العمل

# MATERIALS

# AND

# METHODS

## 3- المواد وطرائق العمل : Materials and Methods

### 3- 1- المواد الكيميائية : Chemicals

استعلمت المواد الكيميائية المثبتة في جدول ( 2 )

جدول (2) : المواد الكيميائية المستعملة في هذه الدراسة

| ت | المادة | الشركة المصنعة | المنشأ |
|---|---|---|---|
| 1 | DNA ladder marker | Bioneer | Korea |
| 2 | Agarose gel | Biobasic | USA |
| 3 | 10×TBE buffer | Biobasic | USA |
| 4 | Ethidium bromide | Biobasic | USA |
| 5 | Master mix | iNtRoN | Korea |
| 6 | Nuclease free Water | Sigma | USA |
| 7 | Ethanol 99.9% | GCC | UK |
| 8 | Glacial acetic acid | Scharlau | European union |
| 9 | Hydrochloric acid | Himedia Labratores | India |
| 10 | Colchicin (Colcemid) | Empire Genomics | France |
| 11 | 8-Hydroxyquinoline | Sigma | UK |
| 12 | Orcein stain | Sigma | UK |

## 3 -2- الأجهزة والمعدات المختبرية Laboratory Equipments and Apparatus

استعملت الأجهزة والمعدات المختبرية المثبتة في جدول (3).

جدول (3): الأجهزة والمعدات المختبرية المستعملة في هذه الدراسة

| ت | اسم الجهاز | الشركة المصنعة | بلد المنشا |
|---|---|---|---|
| 1 | جهاز الدورات الحرارية (Thermal cycler) | Techne TC-5000 | UK |
| 2 | جهازطرد مركزي مبرد (Cooling centrifuge) | Labortechnik | Germany |
| 3 | حوض الترحيل الكهربائي (Electrophoresis tank) | Apelex | France |
| 4 | ماصات دقيقة (Micropipettes) | Gilson | France |
| 5 | Autoclave الموصدة | Sony | Japan |
| 6 | حمام مائي (Water bath) | Memmert | USA |
| 7 | جهاز هزاز (Vortex) | Heidolph | Germany |
| 8 | جهازالماءالمقطر (Distilled water instrument) | Gel | Germany |
| 9 | ثلاجه (Refrigerator) | Concord | Lebanon |
| 10 | جهاز تسخين كهربائي (Hotplate) | Stuart | UK |
| 11 | جهاز الطيف الضوئي (Spectrophotometer) | Apel | Japan |
| 12 | ميزان حساس (Sensitive balance) | Sartorius | Germany |
| 13 | Light microscope مجهر ضوئي | Olympus | Japan |
| 14 | Digital camera كاميرا رقمية | Sony | Japan |
| 15 | Filter paper ورق ترشيح | BioBasic | Korea |
| 16 | Eppendrof tubes انابيب ابندروف | BioBasic | Belgium |

## 3- 3- التراكيب الوراثية للرز: Genotypes of Rice

جمعت التراكيب الوراثية بالتعاون مع محطة أبحاث الرز في المشخاب /التابعة الى وزارة الزراعة/ محافظة النجف الأشرف، لخمسة عشر تركيباً وراثياً من الرز *Oryza sativa* L. وهي معتمده من قبل وزارة الزراعة والشركة العامة لدائرة فحص وتصديق البذور ، تسعة منها محلية وستة تراكيب وراثية مدخلة او مستقدمة من جمهورية إيران الإسلامية بموجب الإتفاقية العلمية مع المركز الإقليمي لبحوث الرز لدول وسط وغرب آسيا (RRRTC-CWA) ومقره في إيران وهي: (KHAZAR و DORFAK و NEDA وNEMAT وGOHAR و SHIROUDI) وقورنت هذه التراكيب مع التراكيب الوراثية التسعة المعتمدة والموجودة في العراق وهي الان في طور الاعتماد، وجميعها يجري إكثارها ذاتياً داخل محطة الابحاث ضمن خطة وزارة الزراعة العراقية ، جدول (4).

**جدول (4) : التراكيب الوراثية المدروسة وأصل نشوئها**

| ت | اسم التركيب الوراثي | أصل النشوء Pedigree |
|---|---|---|
| 1 | عنبر 33 | صنف محلي قديم |
| 2 | عنبر البركة | هندي |
| 3 | عنبر فرات | وزارة العلوم والتكنولوجيا/ بغداد |
| 4 | عنبر بغداد | وزارة العلوم والتكنولوجيا/ بغداد |
| 5 | عنبر مناذرة | وزارة العلوم والتكنولوجيا/ بغداد |
| 6 | سومر | وزارة العلوم والتكنولوجيا/ بغداد |
| 7 | دجلة | صيني |
| 8 | غدير | معهد ابحاث الرز العالمي - الفلبين |
| 9 | برنامج 4 | معهد ابحاث الرز العالمي -الفلبين (IRRI) |
| 10 | Dorfak | ايران /Sepidrood/Salari |
| 11 | Gohar | ايران/Pusa1238-1/Pusa1238-81-6 |
| 12 | Khazar | IR2071-625-1-52/TANU7456 |
| 13 | Shiroudi | ايران /Khazar / Deylamani |
| 14 | Neda | Amol3/Hassansarayee/sangetarom |
| 15 | Nemat | ايران / Amol3/sangetarom |

## 3- 4 -الدراسة المظهرية : Morphological study

أجريت تجربة حقلية وخلال الموسم الزراعي الصيفي لعام (2018) في محطة أبحاث الرز في المشخاب Al-Mashkhab Rice Research Station (AMRRS) والتابعة الى دائرة البحوث الزراعية/ وزراة الزراعة والتي تبعد (22 كم جنوب شرق مركز محافظة النجف الأشرف) والواقعة ضمن خط طول 44.31 شرقاً وخط عرض31.89 شمالاً وعلى ارتفاع 70م فوق سطح البحر . كانت نسجة تربة الحقل طينية غرينية وحسب ما موضحة في جدول رقم ( 5 ) . وحضرت التربة من حيث الحراثة والتنعيم والتعديل والتقسيم كررت التسوية بوجود الماء لضمان نجاح نمو الشتلات المنقولة وهي عملية هامة في طريقة الشتال.

تم إعداد شتلات الرز في الزراعة وبطريقة الشتال بتاريخ 2018/6/17 و تم وضع بذور الشلب لجميع التراكيب الوراثية الموضحة في جدول (4) والتي تم الحصول عليها من بنك التراكيب الوراثية في محطة ابحاث الرز في المشخاب في أكياس من القماش داخل أوعية مملؤة بالماء الصافي لفترة 48 ساعة ويتم تبديل الماء كل 6 ساعات لضمان وصول الأوكسجين لجنين البذرة، بعد هذه العملية جرت عملية التكمير للبذور بوضع أكياس من الجوت عليها وتغطيتها لمدة 24 ساعة لغرض تحفيزها على الإنبات (ظهور الجذير والرويشة).

بعدها استعملت أطباق بلاستيكية أبعادها (28×58×3) سم لإعداد الشتلات وملئت بالتراب الناعم، وبعد ترطيبها لحد الإشباع تم نثر البذور لجميع الأصناف وتغطيتها بالتراب الناعم لضمان رطوبة للبذور، ثم أجريت عملية التنضيد، إذ وضعت الأطباق فوق بعض وغطي كل طبق مزروع بطبق فارغ ثم غطيت هذه الأطباق المرصوفة فوق بعضها جيداً بكيس(جنفاص) منقع بالماء للحفاظ على رطوبة دائمة للبذور وبقيت على هذا الحال لمدة خمسة أيام ثم نقلت الأطباق الى المشتل

للحصول على نمو افضل للشتلات ووضعت الأطباق مجاورة لبعضها وغطيت بقماش خفيف لمنع حدوث أضرار بالبادرات من قبل الطيور والقوارض وأشعة الشمس المباشرة. كان السقي للمشتل يومياً وبقاء المشتل رطب للمساعدة على نمو جذور الشتلات في الأطباق، تركت الأطباق في المشتل الى حين زراعتها بالحقل الدائمي، وقد أنشأ المشتل بالقرب من موقع التجربة لسهولة النقل وعدم حدوث أضرار بالشتلات.

نقلت الشتلات الى الحقل الدائمي وهي بعمر (22) يوماً وبواقع شتلة واحدة في الجورة ، وشتلت في تربة الحقل الموضحة مواصفاتها في جدول (5) وعلى شكل خطوط المسافة بين خط واخر ( 20) سم والمسافة بين جورة واخرى (20 سم)، بواقع 5 خطوط لكل وحدة تجريبية ، بلغت مساحة الوحدة التجريبية 4 م$^2$ ، وتمت الزراعة بنمط الشتال المربع ( 20×20) سم وتركت مسافة ( 0.5 ) م بين كل وحدة تجريبية واخرى، وتمت المباشرة بسقي الحقل بطريقة الغمر التقليدي لري محصول الرز بصورة مستمرة وبطبقة حوالي 7سم فوق سطح التربة بعد الشتال، تم قطع السقي قبل 15 يوم من الحصاد اي عندما وصلت نباتات الرز الى مرحلة النضج الفسيولوجي ، وذلك بتحول لون الداليات الى الاصفر وامتلاء الحبوب وجفافها ثم الحصاد .

سمدت التجربة بكامل الكمية السمادية الموصى بها للمحصول، إذ أضيف سماد الداب ( 18% N 46 % $P_2O_5$ ) وبمعدل 120 كغم.هـ$^{-1}$مخلوط مع التربة قبل الشتال، كما أضيف سماد اليوريا (46%) N وبكمية 280 كغم.هـ$^{-1}$ وعلى دفعتين أضيفت الدفعة الأولى بعد 12 يوم من الشتال والدفعة الثانية بعد شهر من الدفعة الأولى وللوحدات التجريبية كافة (حسن ، 2011 ). وأجريت بقية عمليات خدمة التربة والمحصول وحسب الحاجة .

نفذت تجربة بسيطة على وفق تصميم القطاعات الكاملة المعشاة Randomized Complete Block Design (RCBD)، وسجلت درجات الحرارة العظمى والصغرى خلال موسم النمو، ملحق جدول (2).

**جدول ( 5 ): بعض الصفات الكيميائية والفيزيائية لتربة حقل التجربة في محطة أبحاث الرز في المشخاب لموسم الزراعة 2018 قبل الزراعة ***

| PH للتربة | EC للتربة ديسيمنز. م$^{-1}$ | $NO_3$ (ppm) | P (ppm) | K (ppm) | نسجة التربة % (طينية غرينية) مفصولات التربة | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | غرين | طين | رمل |
| 7.9 | 2.8 | 34.0 | 11.5 | 161.0 | 48.7 | 31.3 | 20.0 |

*تم تحليل التربة في مختبرات الهيئة العامة للبحوث الزراعية.

### 3-4-1-الصفات المدروسة:-

**1**-عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير، وعدد الايام من الزراعة الى النضج الفسلجي.

**2-** ارتفاع النبات (سم) : قيس لمتوسط عشر نباتات مختارة عشوائيا عند الحصاد وللوحدات التجريبية كافة من قاعدة النبات عند سطح التربة وحتى النهاية العلوية للدالية بواسطة المسطرة المترية ومن ثمَّ حسب المعدل لكل معاملة بالسنتيمتر.

**3-** دليل المساحة الورقية: اخذت قياسات المساحة الورقية لجميع أوراق النبات وللوحدات التجريبية كافة للتراكيب الوراثية عند مرحلة 50% تزهير ، وحسب دليل المساحة الورقية على وفق المعادلة الآتية: دليل المساحة الورقية = المساحة الورقية / مساحة الأرض التي يشغلها النبات (اليونس، 1993). المساحة الورقية = طول الورقة × اقصى عرض لها × 0.74 ( Palaniswamy و Gomez، 1971 ).

**4-** طول الدالية ، العنقود الثمري( سم ): قيس لعشر داليات عشوائية من كل وحدة تجريبية عند الحصاد ، فقد حسبت من المسافة المحصورة بين عقدة حامل الدالية ونهاية الدالية بواسطة المسطرة المترية ثم استخرج المعدل.

**5**-عدد الافرع/ دالية : حسبت الافرع الرئيسة ( Primary Branches) في الدالية ل10 داليات عشوائيا ومن كل وحدة تجريبية عند الحصاد وحسب المعدل .

**6** – عدد الفروع الفعالة الحامله للداليات بوحدة المساحة (عدد الداليات /م $^2$): حسبت عدد الفروع الحاملة للداليات للنباتات كافة ولكل وحدة تجريبية ضمن مساحة 1م$^2$ عند الحصاد .

**7**- النسبة المئوية لعدم الخصب: حسبت وفق المعادلة الاتية:- (الطائي،2000).

النسبة المئوية لعدم الخصب= (عدد الحبوب الفارغة / عدد الحبوب الكلية) × 100

**8**- عدد الحبوب / دالية : حسبت لعشر داليات عشوائية عند الحصاد ، ومن خلال حساب عدد الحبوب المملوءة ثم استخرج معدل عدد حبوب الدالية.

**9**- وزن 1000 حبة (غم) : فقد حسب من عينة عشوائية من الحبوب عدت 1000 حبة ممتلئة منها ووزنت بميزان حساس كهربائي وعدلت على اساس رطوبة 14%.

10- حاصل الحبوب (الشلب) كغم .هـ $^{-1}$: فقد حسب من خلال حصاد 25 جورة يدويا وهي ماتعادل مساحة 1 م$^2$ من كل وحدة تجريبية ووضعت النباتات المحصودة في اكياس من الجنفاص حال حصادها، ثم علمت بعدها درست النباتات (Threshing) يدوياً ثم جمع الحاصل في أواني واسعة المساحة السطحيه وعرض للشمس مباشرة مع التقليب المستمر لتقليل رطوبة الحبوب وجففت بدرجة 14% باستعمال جهاز قياس رطوبة الحبوب في المحطة نوع (Pfeuffe) موديل HE 50 ، ووزنت الحبوب بميزان كهربائي حساس وحولت من غم .م$^2$ إلى كغم.هـ$^{-1}$ (Araullo واخرون ، 1976).

11- الحاصل البايولوجي ( كغم . هـ$^{-1}$:) وهو يمثل أجزاء النبات فوق سطح التربة وتم حسابه من خلال حصاد مساحة 1 م$^2$ من كل وحدة تجريبية عند الحصاد ، ووزن النباتات مع دالياتها على أساس محتوى رطوبي 14% وعلى وفق المعادلة الأتية :

الحاصل البايلوجي = وزن حاصل الحبوب في م$^2$ + وزن المادة الجافة في م$^2$ وتم معادلتها الى كغم.هـ$^{-1}$ ( Gautam و Sharma ، 1987)

12 - دليل الحصاد Harvest Index فقد حسب باستعمال المعادلة التالية :-

$$\text{دليل الحصاد} = \frac{\text{وزن الحبوب}}{\text{وزن الحاصل البايلوجي}} \times 100 \quad \text{(Singh و Stokoph، 1971)}$$

## 3-4-2- التحليل الاحصائي:

أجري التحليل الاحصائي وحسب تصميم القطاعات الكاملة المعشاة (RCBD) بتجربة بسيطة وبثلاث مكررات على وفق التصميم المستعمل في التجربة وبطريقة تحليل التباين واستعمل أقل فرق معنوي Least Significant Differences ( L.S.D. ) عند مستوى احتمال 0.01 % لتشخيص الفروق الاحصائية ومقارنتها بين المتوسطات الحسابية للمعاملات إستناداً الى ( Steel و Torrie ، 1984). وتم تقدير التباين Variance والتغاير المشترك Covariance بين حاصل الحبوب والصفات قيد الدراسه إذ تم حساب التباين المظهري والوراثي وكذلك التغايرات المشتركة الوراثية والمظهرية بهدف حساب معاملات الارتباط الوراثية والمظهرية ( Falconer ،1981) ، وأجريت التحليلات الوراثية حسب ما جاء في Singh و Chaudhary (1985) .

$$rPxy = \frac{\text{cov}.Pxy}{\sqrt{(\sigma^2 Px)(\sigma^2 Py)}} \qquad rGxy = \frac{\text{cov}.Gxy}{\sqrt{(\sigma^2 Gx)(\sigma^2 Gy)}}$$

أما نسبة التوريث بالمدى الواسع $h^2.b_s$ فقد حسبت وفق معادلة Falconer و Mackay ( 1996) كالأتي : $h^2.b_s = (\sigma^2G/\sigma^2P) *100$

حيث إن x و y = الصفات المدروسة

$\sigma^2P$ و $\sigma^2G$ التباين المظهري والوراثي على التوالي.

cov.P و cov.G التغاير المشترك المظهري والوراثي على التوالي.

rPxy و rGxy الارتباط المظهري والوراثي على التوالي.

وعدت حدود التوريث بالمدى الواسع وبالنسبة المئوية كالاتي : (أقل من 40%) واطئة ومن (40 –60%) متوسطة و (أكثر من 60%) عالية (العذاري، 1992) .

## 3-5-شجرة القرابة الوراثية : Dendrogram

تم رسم مخطط شجرة القرابة الوراثية والخاصة بالمؤشرات المظهرية للصفات الخضرية للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة بإستعمال البرنامج الإحصائي الحيوي PAST الإصدار 1.62 (Hammer وآخرون، 2001) لحساب الأبعاد بين الأفراد وذلك بطريقة المجموعة الزوجية غير الموزونة مع المتوسط الحسابي Unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA) لبيان توزيع هذه التراكيب الوراثية الى مجاميع أو عناقيد Clusters رئيسة وثانوية اعتماداً على البعد بينها وبشكل مخطط شجرة القرابة الوراثية Dendrogram. وتم رسم مخطط تحليل المكون الرئيس Principal Component Analysis (PCA) ثنائي الأبعاد للتراكيب الوراثية للرز قيد الدراسة لتوضيح علاقة القرابة الوراثية وتأكيدها بين هذه التراكيب الوراثية من الرز .

## 3-6 -الدراسة الخلوية : Cytological study

### 3-6-1- تحضير الشرائح Slides preparation

لملاحظة الانقسام الخيطي Mitotic devision في الخلايا الجسمية Somatic cells لنهايات القمم النامية لأطراف الجذور Root tips للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة، اتبعت الخطوات الآتية:

**3-6-1-1-تنمية البذور Germination :-**

تم إنبات بذور التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة في أطباق بتري بعد تعقيمها وذلك بغسلها بالماء المقطر مرات عدة ثم غمرها في كحول أثيلي 90 % لمدة دقيقتين بعدها غسلت البذور ثلاث مرات بالماء المقطر لإزالة الكحول منها ، فقد وضع ( 20 ) بذرة بين ورقتي ترشيح مبلله بالماء المقطر، ثم وضعت في حاضنة بدرجة حرارة 25±1 م° لغرض الانبات ، وعند وصول جذور البادرات الى 1-1.5 سم قطعت وجمعت لغرض الدراسة (Sharma و Sharma ، 2014).

**3-6-1-2-المعاملة التمهيدية او الاولية Pretreatment:**

وضعت الجذور الحاوية على القمم النامية Root tips لكل تركيب وراثي في نوعين من المحاليل لمعاملة الجذور للتراكيب الوراثية من الرز وذلك قبل تثبيتها بمحلول التثبيت وهي كالاتي:

1-محلول الكولشسين ( كولسيمايد ) تركيز 0.05% اذ غمرت الجذور فيه ولمدة 3 ساعات في درجة حرارة 4 م . وتم تحضيره على وفق Singh (2003).

2-محلول 8-Hydroxyquinoline تركيز 0.002M وتم فيه معاملة الجذور من 2-3 ساعات وبدرجة حرارة المختبر. وتم تحضيرها من خلال اذابة 0.5 غم من هذا المحلول في 1 لتر من الماء المقطر ووضعت في دورق زجاجي مع التحريك المستمر الى ذوبان الكمية ليعطي 0.002M على وفق Singh (2003) وحفظت في الثلاجة بدرجة حرارة 4 م وذلك لاعطاء السايتوبلازم في خلايا القمم النامية الشفافية والقابلية الاكثر على تقصير وتفريق الكروموسومات من خلال جعل الخلايا اكثر طراوة كما انها تعطي الكروموسومات قابلية جيدة لاستقبال الصبغة في المعاملات اللاحقة .

**3-6-1-3-التثبيت Fixation** : نقلت الجذور بعد المعاملة التمهيدية الى محلول التثبيت Fixation Solution (كارنوي Carnoy.s flouid1 ) المحضر آنيا في المختبر وذلك لمنع تكون خلات الاثيل والتي تزيد من درجة إصطباغ السايتوبلازم (Rank ، 2003) وبنسبة 1:3 كحول اثيلي مطلق Absolute alcohol وحامض الخليك الثلجي Glacial acetic acid وتركت فيه مدة (20-24) ساعة لتثبيت الطور المراد دراسته ودون اتلاف الخلايا او الكروموسومات ويحفظ هذا المحلول شكل وحجم الخلايا والانسجة وجميع العناصر النووية كما لو كانت بشكلها الطبيعي نوعاً ما قبل التثبيت ( المختار واخرون ، 1982) واستبدل المحلول بعد ذلك بكحول اثيلي 70% ولمرتين او ثلاثة وخزنت به في الثلاجة في درجة حرارة 4°م لحين الاستعمال .

**3-6-1-4-التحلل المائي : Hydrolysis**: اجري التحلل المائي للعينات وذلك بغسل الجذور المحفوظة بالكحول الاثيلي 70% بالماء المقطر مرات عدة ونقلت الى محلول حامض الهايدروكلوريك (HCl) بتركيز 1N ووضعت في الحمام المائي تحت درجة حرارة 60 °م ولمدة 10-15 دقيقة وذلك لتطرية الجذور.غسلت الجذور بعد تطريتها بحامض الهايدروكلويك باستعمال الكحول الاثيلي % 70 استعداداً لمرحلة التصبيغ.

**3-6-1-5- التصبيغ :Staining** : تمت معاملة الجذور بعد معاملة التحلل المائي بصبغة الاورسين الحامضية Aceto Orcien stain لتصبيغ الكروموسومات المراد فحصها والمحضرة من الخلايا المولدة للقمم النامية لأطراف الجذور،والتي حضرت على وفق Sharma وSharma (1980) وذلك بإذابة (2) غرام من الصبغة في (100) مل حامض الخليك الثلجي 45% في دورق زجاجي مع التحريك المستمر بواسطة قضيب زجاجي، وسخنت على نار هادئة باستعمال مسخن هزاز Mental shaking heater لحين ذوبان الصبغة بالكامل، بردت وتركت مدة ليلة كاملة ثم رشحت بأوراق ترشيح Whatman filter paper مرتين وحفظت في قنينة معتمة وداكنة في درجة حرارة المختبر ، وتم وضع الجذور في محلول الصبغة ولمدة ( 40 -50) ثانية بدرجة حرارة 60 م في حمام مائي .

**3-6-1-6-الفحص الخلوي Cellular tests**: اخرجت الجذور ووضعت على شريحة زجاجية نظيفة وأزيلت الأجزاء الزائدة مـن الجذر وقطعت منطقة القلنسوة واحتفظت بالقمة النامية Root tip

فقط حوالي من (2–3) ملم وأضيفت 2–3 قطرة من صبغة Aceto-orcein الحامضية تركيز 2% لتصبيغ الكروموسومات وتركت لمدة 5 دقائق ثم وضع غطاء الشريحة على العينة برفق ثم تمرر على لهب هادئ لمدة 2–3 ثانية لمساعدة الصبغة على تصبيغ الكروموسومات وضغط الغطاء بخفة لهرسها والسماح للخلايا المرستيمية لأطراف الجذور بالانتشار وتوزيع الخلايا والكروموسومات بشكل متجانس على الشريحة وتم فحص الخلايا الجيدة ودراستها مباشرة بواسطة المجهر الضوئي المركب نوع Olympus compound microscope (Rank ، 2003) وصورت تحت القوتين (40X و 100X) باستعمال كاميرا المجهر الرقمية Digital camera .

## 3–6–2–التحليل الاحصائي لنتائج الدراسة الخلوية:

حللت النتائج باستعمال التصميم العشوائي الكامل Complete Randomized Design (CRD) بواقع خمسة مكررات لكل معاملة وتم مقارنتها احصائياً لإيجاد الفروق المعنوية بين التراكيب الوراثية باعتماد اختبار أقل فرق معنوي (LSD) عند مستوى معنوية ($P< 0.01$) استناداً الى Steel و Torri (1984).

سجلت أعداد الخلايا المنقسمة وغير المنقسمة والقيم النسبية لتكرارات الشذوذات الكروموسومية والعدد الكروموسومي في الطور الاستوائي كما ورصدت جميع الخلايا المحتوية على حالات الشذوذ الميتوزية او الاختلالات الكروموسومية ، كالزوجة الكروموسومية، التشتت الكروموسومي ، والجسور الكروموسومية، الاستوائي الكولشسيني، الكروموسومات المتأخرة وتكوين الانوية الصغيرة ، وصورت باستعمال كاميرا نوع Sony. وحسب دليل الانقسام Mitotic Index (MI) وذلك بقسمة عدد الخلايا المنقسمة / العدد الكلي للخلايا مضروبا في *100 ، وحسبت النسبة المئوية لتكرار الشذوذ الكروموسومي Frequency Chromosome Abberation (FCA) والناتجة من تقسيم عدد الخلايا الشاذة لجميع انواع الشذوذ الكروموسومي / عدد الخلايا الكلي مضروبا في * 100 استنادا ل Becker واخرون (2003) وكلآتي :

$$\text{دليل الانقسام الخلوي MI} = \frac{\text{عدد الخلايا المنقسمة}}{\text{عدد الخلايا الكلي}} \times 100$$

حسبت نسبة الشذوذ الكروموسومي وهي كلآتي:

(FCA) نسبة الشذوذ الكروموسومي = (عدد الخلايا الشاذة لجميع انواع الشذوذ الكروموسومي /عدد الخلايا الكلي)* 100 ( Becker واخرون ، 2003) .

## 3-7-الدراسة الجزيئية : Molecular study

**3-7-1- اختيار البوادئ Primers selection** : تم اختيار 4 ازواج من بوادئ مؤشرات ال (SSR) لغرض اجراء الكشف الجزيئي للتراكيب الوراثية من الرز، وقد تم تجهيز البوادئ المعتمدة في هذه الدراسة من قبل شركة Macrogen Company الكورية كمسحوق مجفد Lyophilized product وبتراكيز مختلفة ، جدول (6 ) وتم تحضيرها باستعمال الماء منزوع الايون Deionized water للحصول على التركيز النهائي للعالق (المحلول الأصلي) اومحلول الخزنStock solution 100 بيكومول/ مايكروليتر، وبحسب تعليمات الشركة ، ومن هذا المحلول تم تحضير البادئ الذي يستعمل في تفاعل البلمرة وهو محلول العمل (Working solution) بتركيز 10 بيكومول/ مايكروليتر. من خلال سحب 10 مل من محلول الخزن وتخفيفه ب 90 مل ماء منزوع الايون ، وقد حفظت البوادئ بالتجميد وبدرجة —20 م$^0$ مئوية.

**جدول ( 6 ) البادئات Primers مع تتابعاتها المستعملة في الدراسة الجزيئية :**

| | SSR marker | | Primer sequence(5'-3') | NO. Ch. | Repeat Motif | bp | Reference |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | RM171 | F | **AACGCGAGGAACACGTACTTAC** | Ch.10 | GATG (5) | **345** | (Al kazaz ,2014) Alice ) Xalxo وأخرون2017 |
| | | R | **ACGAGATACGTACGCCTTTG** | | | | |
| 2 | RM216 | F | **GCATGGCCGATGGTAAAG** | Ch.10 | (CT )18 | **146** | Alice ) Xalxo وأخرون2017) |
| | | R | **TGTATAAAACCACACG GCCA** | | | | |
| 3 | RM585 | F | **CAGTCTTGCTCCGTTTGTTG** | Ch.6 | (TC)45 | **233** | Md واخرون (2015) |
| | | R | **CTGTGACTGACTT GGTCATAGG** | | | | |
| 4 | RM8085 | F | **TGCGTTTCGATTTCTTTTTA** | Ch.1 | (AG)26 | **128** | Salunkhe واخرون (2011) |
| | | R | **GGAAAGTTGTGTTCTTTGGC** | | | | |

*** F= Forword * R= Reverse**

### 3-7-2 خليط التفاعل: Reaction Mixture (Master Mix)

جهز خليط التفاعل الرئيس باستعمال العدة (Maxime PCR (i-Taq); Cat. No. 25026 PreMix والمجهزة من قبل شركة (iNtRoN ) الكورية المنشأ في أنابيب خاصة معقمة وتحتوي كل أنبوبة المكونات الاتية وبالتراكيز المبينة إزاء كل مادة ، واكمل الحجم الى 20 مايكروليتر باستعمال الماء المقطر منزوع الايونات (Nuclease-free water) ، جدول ( 7 ) .

**جدول ( 7 ): مكونات خليط التفاعل الرئيس Master mix**

| حجم التفاعل<br>Reaction size<br>(20 µl reaction) | المكونات<br>Component |
|---|---|
| 1Unit | Taq: DNA polymerase |
| 250 µM | dNTP (dATP,dCTP,dGTP,dTTP) |
| 10 Mm | Tris-HCl (pH 9.0) |
| 30 mM | KCl |
| 1.5 mM | $MgCl_2$ |
| 5 µM | Stabilizer and tracking dye |

### 3-7-3- الدليل الحجمي للـ DNA : DNA Ladder Markers

جهز الدليل الحجمي المستعمل في هذه الدراسة من قبل شركة Bioneer/ Korea وبمدى يتراوح من 100-10000 زوج قاعدي (19 حزمة).

**3-7-4-عزل الـ DNA من التراكيب الوراثية :DNA Isolation from genotypes:**

تم عزل الـ DNA من الأوراق النباتية الفتية الطرية للتراكيب الوراثية المعتمدة في هذه الدراسة، وباستعمال العدة (Cat. No: GP100) والمجهزة من قبل شركة .Geneaid Biotech والمزودة بخطوات بروتوكول الاستخلاص ، مع بعض التحوير ، وهذه العدة توفر طريقة سريعة وسهلة للحصول على DNA نقي من الأنسجة النباتية الموضحة في الخطوات الآتية:

1. أخذ 50-100 ملغم من الأوراق النباتية الطرية Fresh لغرض سحقها بواسطة مدقة بلاستيكية صغيرة Micropestle خاصة لتكسير جدار الخلية وتحرر (DNA) وسحقت جيدا بمساعدة الزجاج المطحون والمعقم إلى أن تصبح بشكل مسحوق (Powder).

2. نقل مسحوق الأوراق الناعم إلى أنابيب ابندروف سعة 2 مل .

3. أضيف 400 مايكروليتر من المحلول الدارئ GP1 buffer أو GPX1 buffer مع اضافة 5 مايكروليتر من الانزيم RNase A إلى العينة وذلك لكي يتم فصل ال DNA عن ال RNA ومزج الخليط بواسطة جهاز الهزاز Vortex mixer.

4. حضن الخليط بدرجة في درجة حرارة 60 م$^{o}$ لمدة 10 دقائق باستعمال حمام مائي مع رج الانبوبة الحاوية على العينة النباتية وتقلب الأنبوبة كل ثلاثة دقائق خلال فترة الحضن .

5. أضيف 100 مايكروليتر من المحلول الدارئ GP2 buffer الى العينة ومزجت بواسطة جهاز الهزاز بعدها حضنت على الثلج لمدة ثلاثة دقائق، وذلك لكي يتم ترسيب البروتينات والسكريات ومختلف المحتويات غير الـ(DNA).

6. وضع انبوب الترشيح Filter column في انبوبة الجمع Collection tube سعة (2) مل.

7. نقل الخليط (المحلول المحتوي على DNA) إلى انبوبة حاوية على غشاء Filter membrane مرشح لحجب أي عالق في المحلول على انبوبة الترشيح ، ثم تم وضعه في جهاز الطرد المركزي المبرد ونبذهما لمده 60 ثانية وبسرعة 1000 xg دورة/ دقيقة بدرجة حرارة 4 م$^0$ .

8. أستبعد Filter column ونقل العالق الذي يحتوي على الدنا في Collection tube إلى أنبوبة دقيقة جديدة.

9. أضيف 1.5 من حجم GP3 buffer (المحتوي على الأيزوبروبانول) للخليط ومزج بالهزاز لمدة 5 ثواني. (مثلا 750 مايكروليتر من الخليط إلى 500 مايكروليتر GP3 buffer).

10. وضع GD column في collection tube (2) مل لكي يترسب الدنا.

11. نقل 700 مايكروليتر من المزيج (والمحتوي على أي راسب) إلى GD column ونبذ بسرعة 14000 xg دورة / دقيقة ولمدة (2) دقيقة.

12.أستبعد المتدفق فيCollection tube (2) مل وأضيف المتبقي من الخليط إلى GD column و نبذ بسرعة 14000 xg دورة / دقيقة ولمدة 2 دقيقة.

13.أستبعد المتدفق ووضع GD column في Collection tube (2) مل .

14.أضيف 400 مايكروليتر من المحلول الدارئ W1 buffer إلى GD column ونبذ بسرعة 14000 xg دورة / دقيقة ولمدة 30 ثانية.

15.أستبعد المتدفق ووضع GD column مرة أخرى في Collection tube (2) مل .

16.أضيف 600 مايكروليتر من محلول الغسل Wash buffer (المحتوي على الايثانول) إلى GD column و نبذ بسرعة 14000 xg دورة / دقيقة ولمدة 30 ثانية.

17.استبعد المتدفق ووضع GD column مرة أخرى في Collection tube (2) مل .

18. نبذ مرة أخرى ولمدة 3 دقائق وبسرعة xg 14000 دورة / دقيقة لجفاف أرضية العمود.

19.(الخطوة الاختيارية) أضيف 400 مايكروليتر من الأيثانول المطلق إلى GD column.

20. نبذ بسرعة xg 14000 ولمدة 30 ثانية.

21.استبعد المتدفق ووضع GD column مرة أخرى في Collection tube (2) مل .

22. نبذ مرة أخرى ولمدة 3 دقائق وبسرعة xg 14000 دورة/ دقيقة لجفاف أرضية العمود. ثم نقل GD column الجاف إلى أنبوبة ابندروف جديدة.

23. أضيف 100 مايكروليتر من المحلول الدارئ Elution buffer (الساخن) إلى مركز أرضيالعمود في درجة حرارة 65 م$^0$ ثم ترك جانبا لمدة 3 دقائق لكي يمتص Elution buffer من قبل أرضية العمود. ونبذ بسرعة xg 14000 دورة / دقيقة ولمدة 30 ثانية.

24. حفظت الانابيب الحاوية على عينات الDNA المستخلصة بدرجة حرارة 20− م$^0$ في المجمدة.

تم تقدير تركيز الحامض النووي (DNA) المستخلص باستعمال جهاز قياس الطيف الضوئي Spectrophotometer تحت الطول الموجي 260 نانوميتر ، و من خلال تطبيق المعادلة الاتية:

تركيز الحامض النووي(µg/ ml)= قيمة الامتصاص الضوئي على طول موجي 260 نانومتر × 50 × عامل التخفيف (Dilution factor)

و تم تحديد نقاوة الحامض النووي (DNA purity) من خلال تطبيق المعادلة الاتية و للحصول على نقاوة تتراوح بين 1.8−1.9.

نقاوة الحامض النووي (DNA purity)= مقدار الامتصاص على طول موجي 260 نانومتر / مقدار الامتصاص على طول موجي 280 نانومتر (William واخرون ، 1990).

### 3-7-5- الترحيل الكهربائي على هلام الاكاروز: Agarose Gel Electrophoresis

أجري الترحيل الكهربائي وفقاً ل Sambrook و Russel (2001) كما يأتي:

1 . تم إعداد لوح التحميل باستعمال لوح زجاجي إذ تحاط حافات اللوح بشريط لاصق قوي ويثبت عليه المشط الخاص لتكوين الحفر عند احد أطراف الهلام.

2 . حضرت طبقة هلام الاكاروز بأخذ 1 و1.5 غم من الاكاروز واذابته في 100 مل من المحلول الدارئ TBE ( Tris boric acid EDTA buffer x1).

3 . يسخن الخليط في فرن الميكروويف حتى يذاب كل مسحوق الاكاروز لحين تحوله الى محلول رائق خالي من اي عالق، ونخرج المحلول من الميكروويف قبل وصوله إلى مرحلة الغليان.

4. يترك الهلام ليصل إلى 55-60 درجة مئوية.

5. أضيف 5 مايكروليتر من محلول بروميد الاثيديوم (10 ملغم/ مل) بعد أن يبرد الخليط، ويخلط بلطف.

6. يسكب الهلام ببطء في رف الهلام، وتجنب تكون أي فقاعات في الهلام، لذا يجب إزالتها ولا نسمح للهلام أن يتشوه وتركه لمدة تصل من 20 إلى 30 دقيقة.

7. رفع المشط والشريط اللاصق بهدوء من الاكاروز المتصلب وثبتت الصفيحة على مسندها في وحدة الترحيل الكهربائي الأفقية المتمثلة بالحوض المستعمل للترحيل الكهربائي وملئ الحوض بدارئ ( 1x TBE) بحيث يغطي سطح الهلام.

8. أضيف 5 مايكروليتر من الحامض النووي المضاعف بواسطة تفاعل البلمرة المتسلسل ( PCR) من كل عينة الى كل حفرة من حفر طبقة هلام الاكاروز.

9. تم إضافة 5 مايكروليتر من الدليل الحجمي DNA Ladder (1 kbp) في أول حفرة على الجانب الايسر من العينات المضافة للمساعدة بتحديد احجام الحامض النووي المضاعفة.

10. بعد ذلك يتم إغلاق جهاز الترحيل الكهربائي وتوصيل الاقطاب الكهربائية، ومرر التيار الكهربائي بمقدار 80 فولت لمدة من الوقت . اذ يتم ترحيل العينات من الكاثود (−) الى الانود (+).

11. ثم بعدها نقل القالب الى جهاز التصوير لفحص الهلام وباستعمال مصدر للأشعة فوق البنفسجية UV transilluminator عند طول موجي (302 نانوميتر)، وأخذت الصور تحت جهاز الاشعة UV Transilluminotr للتصوير.

### 3-7-6- تفاعل البلمرة المتسلسل: Polymerase Chain Reaction (PCR):

تم تطبيق المؤشر الجزيئي المعتمد في هذه الدراسة SSR في تقنية PCR وفقاً للخطوات الأتية:

1. أضيف 2 مايكروليتر من قالب DNA، و1 مايكروليتر لكل من البادئ الامامي والخلفي إلى أنبوبة التفاعل الرئيس Master Reaction ، وبعد وضع جميع المكونات المطلوبة للتفاعل في الانبوبة المجهزة من قبل الشركة المصنعة .iNtRON Biotech ، اكمل الحجم بالماء المقطر منزوع الايونات (Nuclease-free water) ليصل حجم المحلول النهائي للتفاعل ( 20 مايكروليتر) .

2. ثم وضعت في جهاز المبلمر الحراري Thermocycler على وفق برنامج خاص بالبادئات ، كما يأتي:

| البادئ | الخطوة | درجة الحرارة | الوقت |
|---|---|---|---|
| **RM171** | Initial Denaturation | 94C° | **5 min** |
| **RM216** | **No. of Cycles = 35 Cycles** | | |
| | Denaturation | 94C° | **30 Sec** |
| **RM585** | Annealing | 55C° | **30 Sec** |
| | Initial Extension | 72C° | **1 min** |
| **RM8085** | | | |
| | Final Extension | **72C°** | **5 min** |

بعد انتهاء وقت التفاعل رفعت الأنابيب من جهاز المبلمر الحراري أستعمل الجل المكون من مادة الاكاروز وبتركيز% 1.5 حيث يتم عمل شريحة الاكاروز عن طريق أذابة المادة في محلول منظم وتسخينه حتى يصبح المحلول صافياً تماما ومن ثم صب الاكاروز في اناء خاص حتى يبرد مما ينتج عنه مادة جيلاتينية مرنة يتم استعمالها في عملية الفصل ولفترة زمنية وبفولتية مقدارها 80 فولت ( Weigand واخرون، 1993 ) وبعدها عرضت منتجات PCR المرحلة على الهلام للأشعة فوق البنفسجية.

## 3-7-7- تحليل نتائج بادئات ال (SSR) المرحلة على هلام الاكاروز:

حللت الصور الناتجة من الترحيل باستعمال برنامج Uvband لمعرفة عدد الحزم الناتجة واوزانها الجزيئية من عملية التضاعف والواضحة على هلام الاكاروز وبعدها تم تحويل بيانات التوصيف Characterization data يدويا الى جداول تبين وجود الحزمة عن عدمها لكل عينة من العينات المدروسة وتم استعمال النظام الثنائي من خلال اعطاء الرقم 1 في حالة وجود الحزمة والرقم 0 عند غيابها ، وتم ترتيبها بشكل جدول متسلسل يشمل نتائج البادئات كافة مع جميع العينات المدروسة.

**اولا:-** تم حساب عدد الاليلات واعلى تكرار للاليل ومتباينة الزيجة Heterozygosity ومحتوى التعدد الشكلي Polymorphic Information Content (PIC) والتنوع الوراثي باستعمال جهاز جهاز الحاسوب الالي وفقاً للبرنامج الاحصائي Power Marker V3.25 ( Liu وMuse، 2005). وحسب المعادلة التالية:-

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} pil^2$$

PIC= محتوى التعدد الشكلي Polymorphic Information Content

pil= تكرار الاليلات

1=الاليلات لكل بادئ

N= عدد الاليلات الكلي

-اما متباينة الزيجة Heterozygosity فيمكن حسابها بالمعادلة التالية:

تم حساب قيم متباية الزيجة للتراكيب الوراثية المدروسة وحسب المعادلة التالية:-

$$He = 1 - \Sigma\ pi2$$

$\Sigma$ pi = مجموع التكرارات الاليلية للبادئات

**ثانيا :** تم حساب معامل البعد الوراثي وكذلك معامل التشابه للتراكيب الوراثية المدروسة:

تم تقدير قيم التشابه بين زوج من العينات استناداً الى معادلة Neis 73 ( Nei وLi ،1979) باستعمال جهاز الحاسوب الالي وفقاً للبرنامج الاحصائي Power Marker V3.25 ( Liu وMuse ، 2005) وحسب المعادلة الاتية :

$$GD_{xy} = 1 - \left(\frac{2N_{xy}}{Nx + N_y}\right)$$

Similarity = 2nxy / nx + ny

اذا ان Similarity= التشابه

Genetic Distance = البعد الوراثي

n x y= تمثل عدد الحزم المشتركة بين النموذجين x و y والتي تمثل اياً من التراكيب قيد الدراسة

n x= عدد الحزم الكلية في الانموذج x

n y=عدد الحزم الكلية في الانموذج y

أما مقدار الاختلاف dissimilarity فيقاس عادة بطرح قيمة التشابه من الرقم 1 أي أنها تساوي (1-S) ويمكن تطبيقها على بيانات التشابه لإيجاد البعد الوراثي بين كل عينتين من العينات استناداً على قيم التشابه بين تلك العينتين قيد الدراسة.

ثالثا : **رسم شجرة القرابة Phylogenetic tree** : بعد حساب نسب التشابه والاختلاف على وفق المعادلات السابقة تم اجراء التحليل العنقودي Cluster analysis لرسم مخطط Dendrograme مابين المدخلات وباستعمال طريقة Neighbore-joining method والتي تعتمد على معامل البعد الوراثي والتكرار الاليلي بجمع الافراد المتشابه جدا في مجموعة واحدة ثم ترتبط المجاميع المتشابهة معا وهكذا الى ان يتم ادخال كل العينات المدروسة بمجموعة واحدة باستعمال جهاز الحاسوب الالي وفقاً للبرنامج الاحصائي Power Marker V3.25 ( Liu وMuse ، 2005) . وكما موضح في المعادلة الاتية :-

GD= 1- [ 2×( Nij / Ni + Nj )] إ ذ أن Nij : تمثل عدد الحزم المشتركة بين الأنموذج i ,j .

N :تمثل عدد الحزم في الأنموذج i .

Nj :تمثل عدد الحزم في الأنموذج j .

### 3-7-8-تحديد تسلسل القواعد النيتروجينية للحامض النووي (DNA)

اجري تحديد لتسلسل القواعد النيتروجينية المضاعفة من التراكيب الوراثية للرز وباستعمال مؤشر الرز الوراثي الخاص بجين اعادة الخصوبة للرز (RM171 ) الذي تم اختياره للكشف عن التتابعات النيوكليوتيدية والكشف عن وجود أو عدم الطفرات الوراثية في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وبطريقة DNA Sequencing methods لغرض معرفة تتابع القواعد النيتروجينية لنواتج الحوامض النووية المضاعفة بواسطة تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) لجين اعادة الخصوبة من التراكيب الوراثية للرز قيد الدراسة ، وقد تم ارسال نواتج الحامض النووي (PCR product ) الى شركة Macrogen الكورية الجنوبية مع كلاً من البوادئ الامامية والخلفية (Forward and Reverse primers) التي استعملت في عملية مضاعفة الحامض النووي لمعرفة نسب التشابه والتماثل او الاختلاف بين التراكيب الوراثية وتحديدها والعلاقات التطورية فيما بينها ومعرفة درجة التشابه والاختلاف في تتابعات القواعد النايتروجينية للحوامض النووية المضاعفة من الحامض النووي لعينات الرز، والكشف عن وجود الطفرات، بعدها تم إجراء تحديد تتابع الأحماض النووية للناتج وذلك لمعرفة التباين في التسلسلات بين التراكيب الوراثية من الرز. أجريت المحاذاة بين تسلسلات مؤشر الرز الوراثي وهو (RM171 ) ولكل تركيب وراثي وذلك للكشف عن التباين الوراثي وعلاقة القرابة الوراثية بينهم . إذ تم إدخال تسلسل القواعد النايتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف في قاعدة البيانات المتوفرة في المركز الوطني لمعلومات التقنية الحيوية National Center Biotechnology Information (NCBI) وباستعمال برنامج Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) والمتاح على الموقع العالمي للمعلوماتية الحياتية (http://www.ncbi.nlm.nih.gov).

# الفصل الرابع
# النتائج و المناقشة

# RESULTS

# AND

# DISCUSSION

# 4- النتائج والمناقشة: Results & Discussion

## 4-1-الدراسة الحقلية Agronomic Study

### 4-1-1-تأثير التراكيب الوراثية في صفات النمو :

#### 4-1-1-1-عـــــدد الأيـــام مـن الزراعــة الى 50% تزهير:

يلاحظ من جدول ملحق تحليل التباين (1) إن متوسط مربعات التراكيب الوراثية كانت عالية المعنوية ويدل ذلك على اختلاف التراكيب الوراثية فيما بينها بمخزونها من المورثات لأغلب الصفات وتتباين التراكيب الوراثية فيما بينها في المدة اللازمة للوصول الى 50% تزهير، إذ تشير النتائج في جدول (8) للصفات المدروسة في الرز الى تحقيق التركيب الوراثي Neda أقل عدد أيام من الزراعة الى 50% تزهير وبلغت 86.33 يوما وهو لم يختلف معنويا عن التراكيب الوراثية Nemat وDorfak و Shiroudi ، فيما حقق التركيب الوراثي عنبر 33 وعنبر مناذرة أعلى عدد ايام من الزراعة حتى 50% تزهير ، بلغ 105.67 يوماً لكل منها دون أن يختلف معنويا عن التراكيب الوراثية دجلة وعنبر فرات وعنبر بغداد ، وامتلك بذلك اطول مدة من الزراعة حتى 50% تزهير. و يعود اختلاف التراكيب الوراثية في المدة اللازمة للوصول الى التزهير الى اختلافها في طول مدة النمو الخضري ، والوصول الى التزهير وهذة النتيجة تتوافق مع ماوجده باحثون اخرون (Yoshida ، 1972 و Freshtch واخرون ( 2004) و العيساوي( 2004) و العتابي ( 2008) و Menete وأخرون (2008) و Mannan واخرون (2009) والمشهداني (2010) و Birhane (2013) اللذين أكدوا أن التراكيب الوراثية تختلف معنوياً في هذه الصفة.

#### 4-1-1-2-عدد الأيام من الزراعة حتى النضج الفسيولوجي:

اختلفت التراكيب الوراثية معنويا في عدد الأيام من الزراعة الى مرحلة النضج الفسلجي. بينَّت النتائج في ملحق تحليل التباين (1) وجدول (8) إنّ عدد الأيام من الزراعة الى النضج الفسيولوجي

جدول (8) تأثيرالتراكيب الوراثية من الرز في صفات النمو

| التركيب الوراثي | عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير | عدد الايام وحتى النضج الفسلجي | ارتفاع النبات (سم) | دليل المساحة الورقية |
|---|---|---|---|---|
| عنبر 33 | 105.67 | 142.67 | 139.33 | 19.05 |
| عنبر البركة | 100.00 | 136.67 | 124.67 | 5.93 |
| عنبر فرات | 104.33 | 141.67 | 139.00 | 17.01 |
| عنبر بغداد | 104.00 | 140.67 | 142.00 | 22.43 |
| عنبر مناذرة | 105.67 | 142.67 | 135.67 | 14.27 |
| سومر | 93.67 | 127.33 | 103.67 | 5.81 |
| دجلة | 105.33 | 140.67 | 112.00 | 6.70 |
| غدير | 98.00 | 137.33 | 119.33 | 6.49 |
| برنامج 4 | 96.00 | 137.00 | 108.00 | 7.48 |
| Dorfak | 88.00 | 127.33 | 103.33 | 3.63 |
| Gohar | 93.00 | 130.67 | 123.00 | 6.05 |
| Khazar | 98.67 | 138.00 | 116.00 | 5.11 |
| Shiroudi | 89.00 | 125.00 | 109.00 | 4.47 |
| Neda | 86.33 | 127.67 | 100.33 | 5.44 |
| Nemat | 88.00 | 127.00 | 101.00 | 5.73 |
| LSD (0.01) | 3.21 | 3.87 | 11.84 | 4.65 |

تأثرت معنوياً باختلاف التراكيب الوراثية ، إذ سجل التركيب الوراثي Shiroudi أقل متوسط وبلغ 125.00 يوم وهو لم يختلف معنويا عن التراكيب الوراثية Dorfak و Nemat وNeda فيما أعطيا التركيبان الوراثيان عنبر33 وعنبر مناذرة أعلى متوسط لهذه الصفة بلغ 142.67 يوم لكل منها دون أن يختلف معنويا عن التراكيب الوراثية عنبر فرات وعنبر بغداد ودجلة والسبب في اختلاف التراكيب الوراثية في المدة من الزراعة وحتى النضج الفسلجي ربما يعود الى تباينها في

طول كل مدة من مراحل النمو الخضري والتكاثري ، وتباينها في استجابتها للتغيرات البيئية ، بدءً من الانبات وانتهاء بالنضج الفسلجي، وعموما تفضل التراكيب الوراثية قصيرة او متوسطة مدة النمو (100 –120) يوم وذلك لتقليل كميات مياه الري وامكانية استعمال الارض بزراعتها بمحصول ثان ، فضلا عن تجنب خطر الامطار وماتسببه من أضرار في الحبوب تؤدي الى تدهورها وخفض نوعيتها وزيادة تكاليف الانتاج والخزن والتصنيع. إن هذه النتيجة تتفق مع ما توصل اليه باحثون اخرون أمثال Fageria واخرون ( 1997) والعيساوي (2004 ) و Jamal واخرون (2009) وAbou-Khadrah واخرون (2014) الذين بينوا ان التراكيب الوراثية تتباين فيما بينها في هذه الصفة.

## 4-1-1-3-أرتفاع النبات ( سم) :

تعد صفة ارتفاع النبات من الصفات الكمية والاساسية التي تتأثر بدرجة كبيرة بالتراكيب الوراثية وعوامل البيئة ، لذا يختلف ارتفاع النبات باختلاف التراكيب الوراثية. يتضح من ملحق تحليل التباين (1) والنتائج المبينة في جدول (8) تباين التراكيب الوراثية معنويا في صفة ارتفاع النبات إذ حقق التركيب الوراثي عنبر بغداد أعلى متوسط لارتفاع النبات وبلغ 142.00 سم وهو لم يختلف معنويا عن التراكيب الوراثية عنبر 33 وعنبر فرات وعنبر مناذرة ، فيما حقق التركيب الوراثي Neda أقل متوسط بلغ 100.33 سم وهو لم يختلف معنويا عن Dorfak و Shiroudi و Nemat وقد يعود السبب إلى اختلاف التراكيب الوراثية في طول السلامية الواحدة وعدد السلاميات و في استجابتها للظروف المتاحة فقد حقق التركيب الوراثي عنبر بغداد أعلى تراكم لعوامل النمو والذي أدى الى زيادة وانقسام واستطالة الخلايا، ولهذا يعاني العنبر بأنواعه من مشكلة الاضطجاع بسبب ارتفاعه العالي على الرغم من تميز رائحته الطيبة وطعمهُ اللذيذ ، وتتفق هذه النتائج مع ما توصل اليه Akram وأخرون

(2007) و العتابي (2008) وJamal واخرون (2009) والمشهداني (2010) والمالكي (2013 ) وكشكول (2014) وSanjay واخرون (2014) والعناوي (2015) وWiangsamut واخرون(2015) الذين بيّنوا ان التراكيب الوراثية من الرز تبدي اختلافاً فيما بينها في صفة ارتفاع النبات، وإنّ هذا الاختلاف في هذه الصفة يعكس الاختلافات الوراثية بين هذه التراكيب الوراثية.

### 4-1-1-4- دليل المساحة الورقية Leaf Area Index (LAI):

يعد دليل مساحة الاوراق مؤشراً لجاهزية سطح الاوراق لامتصاص الضوء ، ويعرف دليل المساحة الورقية الأمثل بانه مساحة المسطح الورقي والذي يتم عنده أعلى انتاج من المادة الجافة لأن الاوراق هي المصدر الرئيس لصناعة المواد الكاربوهيدراتية التي تنتقل الى المصبات (الحبوب). بينت نتائج ملحق تحليل التباين (1) وجدول (8) تأثر دليل المساحة الورقية باختلاف التراكيب الوراثية، إذ تفوق التركيب الوراثي عنبر بغداد معنوياً بإعطائه أعلى متوسط لدليل المساحة الورقية بلغ 22.43 دون أن يختلف معنويا عن التركيب الوراثي عنبر33 ، وهذا يعكس إختلاف قدرة هذه التراكيب الوراثية في إنتاج الفروع وتباينها في عدد الاوراق وكذلك مساحة الورقة الفردية ومن ثم اختلافها في المساحة الورقية للنبات الكامل. ويعد العنبر بأنواعه من التراكيب ذات مدة النمو الطويلة والتي يتيح لها فرصة أطول لتراكم أكبر كمية من عوامل النمو اللازمة لإنتاج الاوراق ونمو وتطور المساحة الورقية بصورة أكفأ مقارنة بالتراكيب القصيرة مدة نموها ، ويعود السبب في تباين التراكيب الوراثية الى عدد الفروع وعدد الاوراق ، وإن اختلاف التراكيب الوراثية في متوسطات دليل المساحة الورقية وفي مدة النمو يتفق مع ما توصل اليه العيساوي ( 2004) و Amin و Heque (2009) والمشهداني (2010) وNepal (2011) وAbou-Khalifa واخرون (2014) عندما وجدو أنّ التراكيب الوراثية تختلف معنويا فيما بينها في قيم دليل المساحة الورقية.

## 4-1-2 – تأثير التراكيب الوراثية في صفات الدالية والحاصل ومكوناته:

### 4-1-2-1-طول الدالية (سم):

أشارت النتائج المبينة في ملحق تحليل التباين (1) وجدول (9) الى عدم اختلاف التراكيب الوراثية من الرز فيما بينها وبصورة معنوية في هذه الصفة وإنّ هذه النتيجة تتفق مع ماتوصل اليه كاظم واخرون (2008) عند دراستهم للتركيبين الوراثيين عنبر بغداد وعنبر مناذرة ولاحظو عدم وجود فروق معنوية في صفة طول الدالية ، إذ لا تتفق مع ما وجده باحثون آخرون أمثال Abou Khalifa واخرون (2008) والعيساوي (2004) والعتابي (2008) و Abou Khalifa و EL-Rewainy (2012) و Sohrabi واخرون (2012) و Abou Khadrah واخرون (2014) إذ أكدوا أنّ للتراكيب الوراثية تأثير معنوي في طول الدالية .

### 4-1-2-2-عدد الافرع / الدالية:

بينت النتائج الموضحة في ملحق تحليل التباين (1) وجدول(9) اختلاف التراكيب الوراثية معنويا في صفة عدد الفروع للدالية ، إذ حقق التركيب الوراثي دجلة أعلى متوسط لعدد فروع للدالية بلغ 15.77 فرع.دالية$^{-1}$ في حين سجل التركيب الوراثي Dorfak أقل عدد فروع وبلغ 8.90 فرع .دالية$^{-1}$ إنّ هذه النتيجة تتوافق مع ما توصل اليه Singh واخرون ( 1974) والعيساوي ( 2004) و العتابي (2003) والمشهداني (2010 ) وكشكول (2014) إذ أكدو أنّ التراكيب الوراثية تتباين فيما بينها في هذه الصفة.

### 4-1-2-3-عدد الداليات / م$^2$:

تعد هذه الصفة من إحدى العوامل الرئيسة لمكونات الحاصل النهائي لمحاصيل الحبوب ولها علاقة إيجابية مع الحاصل بسبب زيادة عدد الداليات في وحدة المساحة (Vegara واخرون، 1991).

جدول (9) تأثير التراكيب الوراثية من الرز في صفات الدالية والحاصل ومكوناته

| التركيب الوراثي | طول الدالية سم | عدد الافرع / الدالية | عدد الداليات/ م2 | عدد الحبوب/ الدالية | نسبة عدم الخصب % | وزن 1000 حبة (غم) | الحاصل البايولوجي | دليل الحصاد % | حاصل الحبوب |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| عنبر 33 | 29.07 | 10.43 | 333.3 | 160.2 | 19.96 | 21.00 | 17860 | 27.57 | 4930.00 |
| عنبر البركة | 26.30 | 9.43 | 361.0 | 75.2 | 21.69 | 29.33 | 14337 | 37.52 | 5383.33 |
| عنبر فرات | 29.43 | 10.00 | 246.0 | 165.2 | 15.51 | 21.67 | 14097 | 43.51 | 6113.33 |
| عنبربغداد | 23.30 | 9.90 | 370.3 | 171.4 | 19.18 | 21.33 | 16247 | 34.08 | 5530.00 |
| عنبر مناذرة | 28.92 | 9.96 | 363.0 | 154.6 | 14.10 | 21.00 | 17747 | 33.66 | 5930.00 |
| سومر | 23.10 | 10.47 | 372.3 | 133.4 | 18.88 | 19.67 | 12590 | 49.29 | 6190.00 |
| دجلة | 31.80 | 15.77 | 268.7 | 275.2 | 9.24 | 23.33 | 14140 | 48.73 | 6856.67 |
| غدير | 29.17 | 11.40 | 350.0 | 183.6 | 17.97 | 22.33 | 17210 | 42.05 | 7226.67 |
| برنامج 4 | 26.97 | 12.83 | 362.0 | 184.9 | 9.90 | 19.67 | 17617 | 33.97 | 5976.67 |
| Dorfak | 25.13 | 8.90 | 388.3 | 79.9 | 30.37 | 24.00 | 13787 | 37.94 | 5220.00 |
| Gohar | 27.83 | 11.37 | 396.0 | 174.6 | 14.61 | 26.67 | 15790 | 47.81 | 7553.33 |
| Khazar | 25.10 | 13.77 | 197.0 | 152.1 | 23.10 | 23.33 | 12700 | 32.42 | 4116.67 |
| Shiroudi | 28.60 | 9.20 | 329.3 | 107.5 | 19.86 | 21.33 | 14357 | 45.09 | 6456.67 |
| Neda | 23.87 | 9.20 | 412.7 | 188.6 | 8.75 | 25.33 | 15557 | 42.38 | 6590.00 |
| Nemat | 25.73 | 9.07 | 371.0 | 100.9 | 18.46 | 22.00 | 13960 | 39.95 | 5593.33 |
| $LSD_{(0.05)}$ | غ.م. | 1.31 | 46.15 | 33.94 | 9.02 | 1.51 | 1507.8 | 4.67 | 825.60 |

إنّ عدد الداليات له علاقة بعدد الفروع للنبات الواحد وعدد الفروع في وحدة المساحة إذ يزداد عدد الداليات بزيادة عدد الفروع في أغلب الأحيان ( Ali واخرون ، 2013 و Shemahonge، 2013 ) .أظهرت النتائج المبينة في ملحق تحليل التباين ( 1 ) وجدول (9)

اختلاف التراكيب الوراثية معنويا في عدد الاشطاء الفعالة اوعدد الداليات/ م$^2$، إذ حقق التركيب الوراثي Neda أعلى متوسط بلغ 412.7 دالية . م$^{-2}$ وهو لم يختلف معنويا عن Dorfak و Nemat فيما أعطى التركيب الوراثي Khazar أقل متوسط وبلغ 197.0 دالية .م$^{-2}$ ، وقد يعود السبب الى اختلاف قابلية التراكيب الوراثية في التفريع بالإضافة الى اختلافها من حيث عدد التفرعات التي تنشأ وتتمكن من حمل الداليات ، وتكتسب التراكيب الوراثية عالية التفريع أهمية خاصة، عند ظروف الادارة الضعيفة للحقول ومواعيد الزراعة غير الملائمة والتعرض لظروف مناخية قاسية، التي تؤدي الى اختزال عدد التفرعات الى أقل عدد ممكن. وتتفق هذه النتيجة مع ما توصل اليه العتابي ( 2008) و Abo-khalifa (2009) وMiri (2011) والمالكي (2013) وحميد واخرون ( 2014) والجبوري واخرون ( 2015) إذ أكدوا اختلاف التراكيب الوراثية وتأثيرها معنويا في صفة عدد الداليات/م$^2$ في وحدة المساحة .

### 4-1-2-4-عدد الحبوب المملوءة / الدالية:

يعد عدد الحبوب في الدالية من إحدى الركائز المهمة والاساسية لمكونات الحاصل ، و للعوامل البيئية تأثيراً في هذه الصفة . ويعد حجم حبة في الرز محدداً وراثياً وبذلك فكمية الحاصل محددة بصورة كبيرة بعدد الحبوب لوحدة المساحة (Yoshida ، 1981). وإنّ صفة عدد الحبوب تقع تحت التاثير الوراثي ، وهو الهدف الدائم لمربي النبات. بينت نتائج ملحق تحليل التباين (1) وجدول (9) تباين التراكيب الوراثية معنويا في صفة عدد الحبوب للدالية ، إذ حقق التركيب الوراثي دجلة أعلى عدد حبوب بلغ 275.2 حبة .دالية$^{-1}$ ، إن سبب زيادة عدد الحبوب للدالية للتركيب الوراثي دجلة أدى الى انخفاض عدد الفروع الحاملة للداليات (الفعالة)/ م$^2$ ، وهذه حالة طبيعية تعكس وجود آلية تعويضية بين المكونات فيما حقق التركيب الوراثي عنبر البركة أقل عدد حبوب بلغ (75.2 ) حبة .دالية$^{-1}$ ، و يعزى انخفاض عدد الحبوب للدالية الى التنافس بين النباتات والذي يبدأ عند وقت نشوء الزهيرات وتكوينها ،

وينخفض عدد منشئات الازهار المتكونه لكل نبات ، ويتحدد هذا الانخفاض بقابلية النبات على التنافس مع النباتات الاخرى وقد يعود ذلك الى أسباب نشوئية Developmental فعند بعض الظروف تكون المواد الغذائية محدودة ، والمنافسة شديدة بين مكونات الحاصل ، فمن المعروف أن عدد التفرعات الحاملة للداليات يتكون أولاً ، بما يتيح استغلال معظم المواد الغذائية الجاهزة في مرحلة تكوينها بينما ياتي طور تكوين الحبوب متاخراً ، وإن عدد الحبوب يتحكم فيه ما متوفر من مواد غذائية جاهزة. وغالباً مايرافق زيادة عدد الداليات بوحدة المساحة انخفاض في عدد الحبوب للدالية وهذه العلاقة التعويضية (Compensation relationship) تعزى إلى أسباب ناتجة ربما الى محدودية نواتج التمثيل الضوئي او تذبذب نواتج التمثيل الضوئي في المراحل الحرجة من حياة النبات (Adams ، 1967) .

يسهم عدد الحبوب للدالية بدرجة كبيرة في تكوين الحاصل وخاصة عند ظروف قلة التفريع فضلاً عن كون التراكيب الوراثية المحسنة تمتاز بقلة التفريع ، الا إن ذلك يرافقه دالية ثقيلة ذات عدد عال من الحبوب تسهم في إحراز حاصل عال ( Fischer ، 1996). وهذا يتفق مع ما توصل اليه العيساوي ( 2004) والعتابي ( 2008) وChen واخرون (2008) و Nepal (2011) و Abou-Khalifa واخرون (2014) و Haque و Pervin (2015) حيث وجدوا أنّ التراكيب الوراثية تتباين في صفة عدد الحبوب للدالية.

## 4-1-2-5-النسبة المئوية لعدم الخصب (%):

تعد النسبة المئوية لعدم الخصب أحد المحددات في زيادة حاصل الحبوب، و تتراوح نسبة عدم الخصب من بضعة حبوب فارغة الى دالية فارغة بالكامل، ويعود سبب النقص في الإخصاب الى عدم ملاءَمة الظروف المناخية التي تسهم في تكوين حبوب فارغة أحيانا (المشهداني، 2010). وعلى الرغم من ان زيادة النسبة المئوية لعدم الخصب ، تعد مؤشراُ ضعيفا للتركيب الوراثي الا ان التركيب الوراثي الذي يمتلك عددا عالٍ من الحبوب الممتلئة للدالية مع نسبة عدم خصب عالية فان ذلك يشير الى

إمكانية زيادة عدد الحبوب الممتلئة بتحويل نواتج التمثيل الضوئي (بشرط وجود مصدر كفوء ) نحو الحبوب التي تعاني من عدم الإمتلاء والتي تسهم بزيادة الحاصل عن طريق معرفة ومعالجة الاسباب الدقيقة التي تؤدي الى ضعف الإمتلاء .

أظهرت نتائج ملحق تحليل التباين (1) وجدول (9) أختلاف التراكيب الوراثية معنوياً في نسبة عدم الخصب، إذ تفوق التركيب الوراثي Neda بأعطائه أقل متوسط لنسبة عدم الخصب بلغت 8.75 % ، فيما حقق التركيب الوراثي Dorfak أعلى نسبة لعدم الخصب بلغت 30.37 %. وهذا يعزى الى اختلاف التراكيب الوراثية والى اختلاف حيوية حبوب اللقاح وانباته وبالتالي حدوث الأخصاب وأيضاً لاختلافها في مدة فعالية الأوراق وطول المدة لإمتلاء الحبة وكفاءة المصب ، وسرعة ومعدل أنتقال نواتج التمثيل الضوئي وعدد الحزم الوعائية لنقل نواتج التمثيل الضوئي، وغيرها من العوامل التي تسهم مجتمعة على زيادة أو خفض النسبة المئوية لعدم الخصب وهذه النتيجة اتفقت مع ما أكدّه الطائي (2000) والعتابي (2003) والعيساوي (2004) والعتابي ( 2008 ) و المشهداني (2010) أذ بينَّوا أن التراكيب الوراثية تختلف فيما بينها في هذه الصفة .

## 4-1-2-6- وزن 1000 حبة (غم) :

يعد وزن 1000 حبة أحد صفات مكونات الحاصل الرئيسة، وإن وزن الالف حبة يعتمد بشكل نهائي على قوة المصدر في تصدير نواتج التمثيل الضوئي وسعة المصب وإمتلاء الحبة، وكذلك متوسط ومدة تجهيز المواد المصنعة خلال المدة من النمو حتى النضج الفسيولوجي (عيسى، 1990). إنَّ وزن الحبة يكاد يكون ثابتاً في التركيب الوراثي المعين من الرز بسبب أن حجم الحبة يكون محكوماً بحجم القشرة الخارجية وبالنتيجة فإن الحبة لا تستطيع أن تنمو الى حجم أكبر إذ لا تسمح هذه القشرة، وميزة الرز هذه تختلف عما عليه في بقية محاصيل الحبوب (Yoshida ،1972 ). أظهرت النتائج المبينة في ملحق تحليل التباين( 1 ) وجدول (9) ان التراكيب الوراثية اختلفت معنويا في وزن 1000

حبة ، إذ تفوق التركيب الوراثي عنبر البركة بإعطائه أعلى متوسط وزن بلغ 29.33 غم ، وهذا يعود الى اختلاف استجابة التراكيب لهذه الصفة باختلاف الظروف البيئية ولا سيما في مرحلة إمتلاء الحبة ، مما أعطى فرصة أكبر للحبوب الباقية لتجميع نواتج التمثيل الضوئي، فيما أعطى التركيب الوراثي سومر وبرنامج 4 متوسط بلغ 19.67 غم لكل منهما وهي اقل قيمة لهذه الصفة ، ويعزى هذا الى اختلاف البنية والتركيب الوراثي وكذلك تأثرها في عدد فروع الدالية، و تتأثر بمدة إمتلاء الحبة وكفاءة المصدر (Source) والمصب (Sink) في إنتاج واستقبال نواتج التمثيل الضوئي؛ لأنه حبة الرز محددة فيزيائياً منذ نشوئها بأغلفة الحبة ، وهذا يتفق مع ما توصل اليه الطائي (2000) و Abou-Khalifa وأخرون (2008) والمشهداني (2010) و Rana واخرون (2014) ومسير (2014) وHaque و Pervin (2015) وDas واخرون ( 2015) إذ لاحظوا أن التراكيب الوراثية تختلف فيما بينها في صفة وزن 1000 حبة.

### 4-1-2-7-الحاصل البايولوجي (كغم .هكتار$^{-1}$):

يمثل الحاصل البايولوجي جميع أجزاء النبات التي تقع فوق سطح التربة وهو بهذا يشتمل على حاصل الحبوب مضافاً إليه حاصل القش، إذ أن الحاصل البايولوجي ناتج من معدل النمو في مدة النمو ، او يمثل المادة الجافة الكلية المنتجة من قبل النبات وان إنتاج هذه المادة يعتمد على الغطاء النباتي ومعدل صافي التمثيل الضوئي في وحدة المساحة وهذه العوامل تحدد القابلية الإنتاجية للتراكيب الوراثية . ويشير ملحق تحليل التباين (1) وجدول(9) الى وجود فروق معنوية بين التراكيب الوراثيه في صفة الحاصل البايولوجي ، إذ تفوق التركيب الوراثي عنبر 33 معنوياً بإعطائه أعلى متوسط للحاصل البيولوجي بلغ 17860 كغم.هـ$^{-1}$ ، فيما سجل التركيب الوراثي سومر أقل متوسط بلغ 12590 كغم .هـ$^{-1}$، والسبب يعزى الى زيادة عوامل النمو للتركيب المتفوق فضلاً عن اختلاف التراكيب الوراثية في وزن المادة الجافة و المساحة الورقية ودليلها وقدرتها على التفريع وارتفاع النبات ، وان التباين في مدة

بقاء المحصول ومدة بقاء المساحة الورقية الفعالة هي الاخيرة تؤثر في إنتاج المادة الجافة الكلية وزيادة وزنها والتي غالبا ماتشير الى مجمل فعاليات النبات في عملية التمثيل الضوئي من البذرة الى البذرة، وهذا يتفق مع ما ذكره العتابي (2008) وLack وأخرون (2012) ومسير (2014) و Haque Pervin (2015) في أن التراكيب الوراثية تختلف معنويا في صفة الحاصل البايلوجي.

## 4-1-2-8- دليل الحصاد HI (%):

تعد صفة دليل الحصاد العالية مرغوبة في محاصيل الحبوب وذلك لأنها تعد دليلاً على كفاءة التركيب الوراثي في تحويل المواد الممثلة إلى حبوب وهو من المؤشرات المهمة؛ لأنه يربط الحاصل البايولوجي بحاصل الحبوب (Jing واخرون ، 2000) ويشكل جزء النبات الذي يحصد (الحاصل الاقتصادي) جزءً من المادة الجافة الكلية المنتجة (الحاصل البايولوجي)، وإن حاصل قسمة الحاصل الاقتصادي على الحاصل البايولوجي يطلق عليه دليل الحصاد، والذي يصف حركة المادة الجافة وانتقالها الى الجزء المحصود من النبات ( عيسى، 1990).

بينت نتائج ملحق تحليل التباين (1) وجدول (9) وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفة دليل الحصاد ، إذ أعطى التركيب الوراثي سومر أعلى متوسط بلغ 49.29 % ، وهو لم يختلف معنويا عن دجلة وGohar و Shiroudi فيما أعطى التركيب الوراثي عنبر33 أقل متوسط بلغ 27.57 % ويعود سبب ذلك الى تباين التراكيب الوراثية في الحاصل الكلي للمادة الجافة ، والزيادة في حاصل الحبوب ، الامر الذي أدى الى اختلافها في دليل الحصاد. ويشير دليل الحصاد إلى كفاءة التركيب الوراثي في تحويل جزء من المادة الجافة إلى حاصل اقتصادي ، فكلما زادت نسبة توزيع نواتج التمثيل الضوئي إلى الاعضاء الخازنه المتمثلة بالبذور، كلما زاد الحاصل الاقتصادي ومن ثم تزداد كفاءة التركيب الوراثي ، وبدورها تحرز التراكيب الوراثية الحديثة دلائل حصاد عالية ، مقترنة بانتاج مادة

جافة عالية يتحقق منهما بالنتيجة حاصل حبوب عالٍ وإن تباين التراكيب الوراثية في دليل الحصاد يتفق مع ما ذكره العيساوي (2004) والمشهداني (2010) و Lack وأخرون (2012) و Haque و Pervin (2015) و Wiangsamut واخرون (2015 ) إذ أكدوا أن التراكيب الوراثية تختلف فيما بينها في صفة دليل الحصاد .

## 4-1-2-9-حاصل الحبوب ( كغم . هكتار$^{-1}$):

تعد صفة حاصل الحبوب من الصفات الكمية المعقدة كونها محكومة بعدد كبير من الجينات ، ويعد حاصل الحبوب هو الحصيلة لعملية التمثيل الضوئي وخزن المواد الايضية في الحبة المتطورة وإن العوامل التي تؤثر في تلك الفعاليات ستؤثر بشكل او بآخر في قابلية النبات على إظهار مقدرته الوراثية للاستجابة لتلك المؤثرات .

يتضح من ملحق تحليل التباين (1) وجدول (9) اختلاف التراكيب الوراثية معنويا فيما بينها في صفة حاصل الحبوب ، إذ تفوق التركيب الوراثي Gohar بإعطائه أعلى متوسط لحاصل الحبوب بلغ 7553.33 كغم .هـ$^{-1}$ وهو لم يختلف معنوياً عن التركيبين الوراثيين غدير ودجلة وذلك لتحقيقه قيماً عالية بعدد الداليات في وحدة المساحة وعدد الحبوب في الدالية ، فيما أعطى التركيب الوراثي Khazar أقل متوسط وبلغ 4116.67 كغم.هـ$^{-1}$ ويعزى السبب الى تباين التراكيب الوراثية في طول مدة النمو، وتعزى زيادة حاصل الحبوب الى زيادة قدرة المصدر على تراكم المادة الجافة واختلافها في مكونات الحاصل، والتي تقوم بعملية التمثيل الضوئي بما يسهم في زيادة نواتج التمثيل الضوئي في مراحل نشوء مكونات الحاصل وزيادة عدد الداليات بوحدة المساحة وعدد الحبوب ، جدول (9). وهذه النتائج جاءت متفقة مع ما ذكره الطائي (2000) والعتابي (2003) والعيساوي (2004) والمشهداني (2010) و Limochi و Eskandari (2013) وكشكول (2014) و Choudhury وآخرون ( 2014) أذ أكدوا أن التراكيب الوراثية تتباين في قدرتها على إنتاج حاصل الحبوب في وحدة المساحة .

## 4-2- التباينات الوراثية والمظهرية :

تعد التباينات المادة الخام التي يقوم عليها الانتخاب ويعمل عليها مربي النبات .إلا أن الانتخاب يتم على أساس الصفات المظهرية Phenotypic (وهي عبارة عن تداخل العوامل الوراثية والبيئية) المستندة إلى التباينات الوراثية Genetic variations هي عبارة عن الاختلافات الموجودة بين النباتات المزروعة تحت ظروف بيئية متحكم بها . لذلك يجب على المربي معرفة مدى اعتماد الصفة التي ينتخبها على أساس العوامل الوراثية ومدى تأثرها بالبيئة.

إن مظهر أي صفة هو المحصلة النهائية للتركيب الوراثي والتأثير البيئي والتداخل بينهما وهو ما يطلق عليه الشكل المظهري. أوضحت النتائج في جدول (10) ان كلاً من التباينات المظهرية والوراثية للصفات قد اختلفت باختلاف التراكيب الوراثية، وسلكت جميع الصفات المدروسة سلوكاً مماثلًا في قيم التباين المظهري والوراثي، وكانت التباينات المظهرية أعلى من التباينات الوراثية، جدول (10).

إن قلة التباين الوراثي لأي صفة من هذه الصفات أدى إلى ارتفاع التباين البيئي لها ، وكانت أعلى قيمة للتباينات المظهرية والوراثية ولجميع الصفات هي ارتفاع النبات وعدد الداليات/م$^2$ وعدد الحبوب / الدالية والحاصل البايولوجي وحاصل الحبوب، جدول (10).

ان اختلاف قيم كل من التباين المظهري والوراثي في الصفات المدروسة، وبالتالي فان ذلك دليل على أهمية دراسة تداخل الوراثة مع البيئة، اذ تراوحت هذه القيم بين الواطئة والمتوسطة ولجميع الصفات، وان إرتفاع قيم التباين الوراثي تعطي فرصة لمربي النبات للإنتخاب وتحسين صفات ومكونات الحاصل وتتفق هذه النتيجة مع ما توصل اليه Das (2015) وAditya و Bhartiya (2013).

**جدول ( 10 ) التباين المظهري والوراثي ونسبة التوريث بالمعنى الواسع (%) للصفات المدروسة**

| الصفات | التباين المظهري $\sigma_p^2$ | التباين الوراثي $\sigma_g^2$ | نسبة التوريث بالمعنى الواسع (%) |
|---|---|---|---|
| عدد الايام من الزراعه الى 50% تزهير | 52.68 | 48.99 | 93 |
| عدد الايام من الزراعة وحتى النضج الفسلجي | 46.51 | 41.15 | 88 |
| ارتفاع النبات | 254.54 | 204.38 | 80 |
| دليل المساحة الورقية | 41.09 | 33.37 | 81 |
| عدد الافرع/ الدالية | 4.29 | 3.67 | 86 |
| عدد الداليات/م2 | 4060.07 | 3298.77 | 81 |
| عدد الحبوب/ الدالية | 2826.40 | 2414.70 | 85 |
| نسبة عدم الخصب (%) | 52.12 | 23.05 | 44 |
| وزن 1000 حبة | 7.59 | 6.77 | 89 |
| الحاصل البايولوجي | 3785174.67 | 2972450.67 | 79 |
| دليل الحصاد (%) | 48.36 | 40.57 | 84 |
| حاصل الحبوب | 971152.33 | 727480.33 | 75 |

مما سبق يمكن الوصول إلى الاستنتاج الآتي بما أن انتخاب الأفراد يكون على أساس الصفات المظهرية Phenotypic ( وهي عبارة عن تداخل العوامل الوراثية والبيئية) المستندة إلى التباينات الوراثية Genetic variations هي عبارة عن الاختلافات الموجودة بين النباتات المزروعة تحت ظروف بيئية متحكم بها) فإن فرص نجاح الانتخاب ستكون أكبر لهذه الصفات، اتفقت هذه النتيجة مع النتائج التي حصل عليها باحثون امثال (Raoواخرون، 1997

و Sedeek واخرون ، 2009 و Jayasudha و Sharma ، 2010 و Yaqoob واخرون ،2012 و Sedeek و El-Wahch ، 2015 و Anis واخرون ، 2016) الذين لاحظوا أن التباين الوراثي والمظهري كان عالياً لعدد من صفات النبات والحاصل ومكوناته في النبات.

### 4-3 – نسبة التوريث بالمعنى الواسع: Board sense heritability ( $h^2$ bs )

تعبّر نسبة التوريث عن درجة توريث صفة الكمية من الأباء المنتخبة إلى الأبناء الناتجة أو مقدار الصفة الكمية من جيل لآخر أو درجة التشابه في الصفة بين الأباء والأبناء أو نسبة التغايرات الوراثية إلى مجموع التغاير للصفة ، لذا عندما تكون نسب التوريث عالية يعني أن الجزء الحقيقي من التباين المظهري يرجع الى التباين الوراثي ، ويمكن استعمال نسبة التوريث في تقدير ومعرفة مقدار التحصيل الوراثي للصفة تحت الانتخاب لمعرفة كفاءة برنامج الإنتخاب.

تشير نتائج جدول (10) الى تباين قيم التوريث بالمعنى الواسع للصفات المدروسة، فقد كانت نسبة التوريث متوسطة لصفة نسبة عدم الخصب، حيث بلغت 44 % في حين كانت عالية لكل من عدد الأيام من الزراعة الى 50% تزهير وعدد الأيام الى النضج الفسلجي وارتفاع النبات ودليل المساحة الورقية وعدد الافرع / الدالية وعدد الداليات/ م$^2$ وعدد الحبوب /الدالية ووزن الالف حبة والحاصل البايولوجي ودليل الحصاد وحاصل الحبوب حيث بلغت القيم (93 ، 88، 80 ، 81 ، 86 ، 81 ، 85 ،89 ، 79 ، 84 ، 75 ) % ويلاحظ ان مايشكله التباين الوراثي من قيمة التباين المظهري كان عاليا للصفات جميعها وكانت قيم التباين المظهري أعلى ولجميع الصفات ، وعليه ظهرت قيم نسب التوريث بالمعنى الواسع عالية لأغلب الصفات المدروسة ، وذلك يدل على قلة التباين البيئي لغالبية الصفات وعليه تكون هناك فرصة لمربي النبات باجراء الانتخاب لهذه الصفات بصورة مباشرة. و تعود قيم التوريث بالمعنى الواسع في

الأساس الى ارتفاع قيمة التباين الوراثي مقارنة بالتباين البيئي، وتتفق هذه النتيجة مع نتائج Akhtar واخرون (2011 ) عند دراستة لعشرة تراكيب وراثية من الرز، إذ أكد أن نسبة التوريث كانت عالية لصفات عدد الحبوب في الدالية والحاصل وارتفاع النبات.

أظهرت نتائج Aditya و Bhartiya (2013) ان نسبة التوريث بالمعنى الواسع كانت عالية لصفة عدد الحبوب في الدالية وعدد الأيام حتى 50% تزهير. تشير القيم العالية للتوريث بالمعنى الواسع للصفات المختلفة الى أن هذه الصفات محكومة وراثياً بشكلٍ عالٍ مقابل التأثير البيئي القليل، بينما تشير القيم المتوسطة لنسبة التوريث عند مختلف التراكيب الوراثية، إلى أنَّ التباين الوراثي والتباين البيئي لهم قيم متقاربة وعدم تأثر هذه الصفة بالعامل البيئي ، فيما تشير القيم المنخفضة لنسبة التوريث عند مختلف التراكيب الوراثية، إلى أنَّ التباينات البيئية أعلى من التباينات الوراثية.

إنّ القيم العالية للتباين الوراثي والمظهري ولمعظم الصفات يعطي الفرصة لمربي النبات للاستفادة منها في الإنتخاب . وتتفق هذه النتيجة مع ما ذكره كل من مهدي وآخرون (2001) وداود واخرون (2010 ) و Vivek وآخرون (2000) لدليل الحصاد والحاصل البايولوجي و Hosseini وآخرون (2005 ) لحاصل الحبوب .

## 4-4 الارتباطات الوراثية والمظهرية Genotypic & Phenotypic Correlation

يعد حاصل الحبوب الهدف الرئيس في برامج التربية المختلفة وهو من الصفات المعقدة ( حيث يتحكم بوراثته عدد كبير من العوامل الوراثية ويتأثر كثيراً بالظروف البيئية ) مما يجعل الانتخاب المباشر له لايؤدي الى نتائج مشجعة في مجال تحسينه ، لذلك يحاول مربو النبات تحسين هذه الصفة بشكل غير مباشر عن طريق تحسين الصفات المرتبطة بها ؛ لذا يتطلب في برامج الانتخاب لصفة الحاصل دراسة علاقات الارتباط بين الحاصل مع أهم مكوناته من جهة وبين مكونات الحاصل من

جهة أخرى لتحديد الصفات الأكثر تاثيراً بوصفها معياراً للانتخاب لتحسين كمية الحاصل (Vanisree واخرون ، 2013 ).

تشير نتائج جدول (11 و 12) إلى أن جميع قيم الارتباطات الوراثية كانت عالية قياسا بقيم الارتباطات المظهرية ولجميع الصفات المدروسة والسبب يعود إلى أن التاثيرات البيئية تقلل من قيم معامل الارتباط المظهري وتتفق هذه النتجة مع Idris واخرون (2012).

معنى ذلك ان هذه الصفات كانت محكومة في الأساس بالعوامل الوراثية ، فيما تلعب العوامل البيئية دوراً ثانويًا في تفسير هذه الصفات. أما لو كانت قيم الارتباطات المظهرية أعلى فيدل هذا على أن هذه الصفة تتأثر بالظروف البيئية . تتفق هذه النتيجة مع ماتوصل اليه Hairmansis واخرون (2010 ) وAbarshahr واخرون (2011) وSohrabi واخرون (2012) وVanisree واخرون (2013) وPremkumar واخرون (2016).

يشير الارتباط المظهري بين صفتين الى الارتباط بين التاثيرات التجميعية وغير التجميعية للجينات المسؤولة عن تلك الصفتين وبين تاثيرات البيئة. ويدل الارتباط الموجب على ان تحسين إحدى الصفتين ستتبعه تحسين الصفة الأخرى وعلى النقيض من ذلك فإن الارتباط المظهري السالب بين صفتين يشير الى إن تحسين إحدى الصفتين سيترتب عليه تدهور في الصفة الأخرى المرتبطة معها بعلاقة سالبة . فيما يعد معامل الارتباط المظهري مؤشراً إحصائياً يسمح بتحديد قوة واتجاه العلاقة بين صفتين أو أكثر، مهّيأً لمربي النبات إمكانية الانتخاب غير المباشر للصفات ذات درجات التوريث المرتفعة المرتبطة مع صفة الحاصل( Adams وGrafius ،1971).

يعبر الارتباط الوراثي عن درجة التلازم لجين أو جينات عدة مورثة لصفة كمية معينة والتي تسيطر بدورها على صفة كمية أخرى، وتأتي الأهمية الاقتصادية للصنف المنتخب من خلال الصفة أو

الصفات المرغوبة التي يتميز بها عن غيره ( Adams ،1967). ويلاحظ في جدول (11) اختلاف في معاملات الارتباط المظهري بين الصفات المدروسة، إذ أظهر حاصل الحبوب ارتباطاً مظهرياً موجباً معنوياً مع عدد الداليات/م$^2$ وبقيمة ( 0.36 ) وغير معنوي مع عدد الافرع/ الدالية ووزن الالف حبة والحاصل البايولوجي ونسبة عدم الخصب ، ولم يصل الى مستوى المعنوية مع كل من عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير وعدد الأيام وحتى النضج الفسلجي وارتفاع النبات ودليل المساحة الورقية . أما بالنسبة لعدد الحبوب / الدالية ودليل الحصاد فقد كان ارتباطهما موجباً وعال المعنوية مع الحاصل، إذ بلغت قيمتهما (0.38 ، 0.73 ) على التوالي .

يتضح من جدول (12) إن هناك اختلافا في قيم الارتباط الوراثي بين الصفات المدروسة، إذ أظهر حاصل الحبوب للنبات ارتباطاً موجباً عالي المعنوية مع كل من عدد الحبوب / الدالية ودليل الحصاد ، وموجباً معنوياً مع عدد الداليات /م$^2$ ، إذ بلغت 0.36 في حين ارتبط ارتباطا سالباً عالي المعنوية مع نسبة عدم الخصب بلغت (0.76−) وكان الارتباط غير معنوي لحاصل الحبوب مع كل من عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير وعدد الايام من الزراعة وحتى النضج الفسلجي وارتفاع النبات ودليل المساحة الورقية ارتباطاً سالباً غير معنوي حيث بلغت القيم ( 0.19−، 0.22−، 0.16−،0.24−) على التتابع .

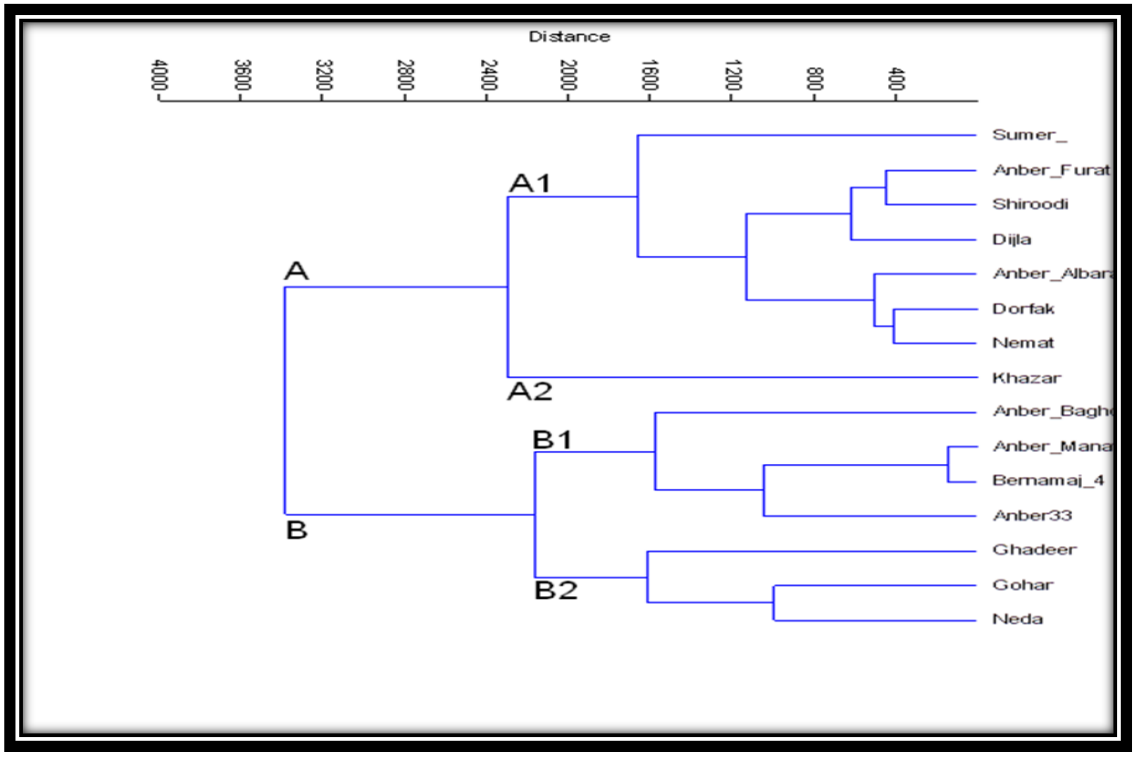
بَينَّ الجدول نفسه أن هناك ارتباطا وراثيا موجباً وغير معنوي بين عدد الافرع / الدالية ووزن الالف حبة والحاصل البايولوجي حيث بلغت القيم ( 0.08 ، 0.09، 0.19) على التوالي بينما ارتبط الحاصل مع دليل الحصاد ارتباطاً موجبا وعالي المعنوية بلغ ( 0.76 ) وكان الأعلى ارتباطاً بالحاصل ، وكون دليل الحصاد عال فهذا يعطي مؤشراً جيداً للانتخاب ، وبذلك يتم اعتماد هذا المعيار على العلاقة بين الحاصل وبين الحاصل الاقتصادي والوزن الجاف الكلي ولزيادة الحاصل عن طريقة يجب أن يترافق مع الانتخاب ليس للوزن الجاف العالي ، وانما بوزن حاصل الحبوب أيضاً أي يجب أن تكون الزيادة في

حاصل الحبوب أكثر منها في حاصل المادة الجافة. إنَّ هذه النتيجة تتوافق مع ماوجده باحثون آخرون منهم (Adams ، 1967 و Nanjaareddy واخـــــرون ،1994 و Manonmani ، 2000 و العيساوي ، 2004 ) .

إنَّ المستوى المطلوب لمكونات أي صفة في النظام تحدد بواسطة مصادر البيئة المتوفرة والتي تعمل عليها عن طريق الوراثة وعن طريق الاجهادات التي تحدد عمل الجين ، وهنا في هذه الدراسة لاحظنا زيادة الاستجابة للانتخاب باستعمال بعض الصفات المدروسة ، وإنعدام تعرض النظام للاجهادات والتي تعيق عمل الجين. أدى توفر مصادر النمو الى تكوين مصدر جيد ومن ثم مصب جيد قوي متمثل بعدد الداليات / م2 وعدد الحبوب / الدالية ودليل الحصاد ذات الارتباط الوراثي الموجب العالي مع الحاصل اي يمكن الاعتماد عليها بالانتخاب لزيادة الحاصل . ولتكون معايير يمكن اعتمادها في الانتخاب واستعمالها أدلة انتخابية لزيادة الحاصل ولا سيما أنَّ هذه المعايير ذات أرتباط وراثي عالٍ وموجب مع الحاصل .

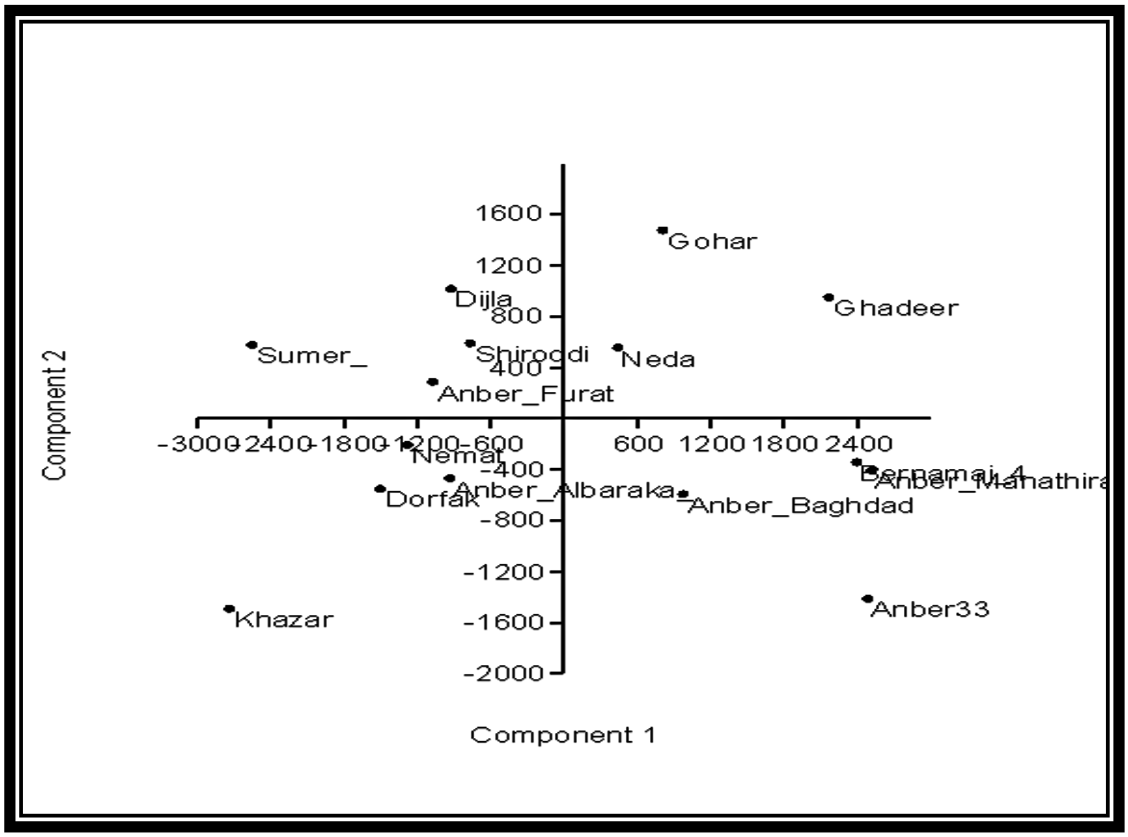
ذكر Falconer (1981) أن سبب الارتباط الوراثي العالي للصفات هو التأثير المتعدد للجين Pleiotrpy اذ يؤثر الجين في صفتين أو أكثر ويتسبب في زيادة الصفتين معاً او يؤثر مثل هذا الجين في زيادة صفة ويقلل من الاخرى فيسبب لها ارتباطاً سالباً. مما تقدم نلاحظ إن دراسة علاقات الارتباط بين صفات النبات المختلفة قد وفرت ويمكن أن توفر مستقبلاً لمربي النبات فرصاً كبيرة لتطوير التراكيب الوراثية والهجن المزروعة ومن خلال فهم علاقات الارتباط بين الصفات المختلفة . كما تمكنه من تمييز المعيار الافضل لقياس الحاصل ، ونستنتج بأن دليل الحصاد يمكن عدَّه دليلاً انتخابياً ، وذلك لتحقيقه أعلى قيمة ارتباط وراثي ومظهري .

بالنسبة لشجرة العلاقة الوراثية الخاصة بالدراسة المظهرية فقد أوضحت نتائج التحليل التجمعي لخمسة عشر تركيبا وراثيا قيد الدراسة باستعمال الصفات المظهرية انقسامها إلى مجموعتين رئيستين (A وB ) ضمت المجموعة الأولى الرئيسة بدورها مجموعتين ثانويتين الكبيرة A1 وضمت كل من التراكيب الوراثية التالية سومر وعنبر فرات وShiroudi و دجلة وعنبر البركة و Dorfak و Nemat ، فيما ضمت المجموعة الثانية الصغيرة A2 التركيب الوراثي Khazar ، اما المجموعة الثانية الرئيسة فضمت كذلك مجموعتين فرعيتين الاولى B1 وضمت اربعة تراكيب وراثية عنبر بغداد وعنبر مناذرة وبرنامج 4 وعنبر 33 ، في حين ضمت المجموعه الفرعية الثانية B2 كل من التراكيب الوراثية غدير وGohar وNeda. شكل (1).




شكل ( 1 ) التحليل التجمعي Cluster analysis وشجرة القرابة Dendrograme تبين العلاقة الوراثية لخمسة عشر تركيباً وراثياً من الرز قيد الدراسة اعتماداً على الصفات المظهرية وحسب طريقة ال Un weighted Pair-Group Method with Arithmetical Average (UPGMA).

أظهرت نتائج تحليل المكون الرئيس Principal Component Analysis (PCA) الموضحة في شكل (2) تطابق واضح مع نتائج شجرة القرابة الوراثية المبينة في الشكل (1) استناداً الى الصفات المظهرية والتي توضح توزيعها في مجموعتين رئيستين ووقوع التراكيب الوراثية في مكونين Component 1 و Component 2 وعلى المستوى المتعامد للمحورين وتوزيعها من خلال جميع المواقع للتراكيب الوراثية المدروسة.




شكل ( 2 ) تحليل المكون الرئيس Principal Component Analysis (PCA) لتوزيع الخمسة عشر تركيباً وراثياً من الرز والمزروعة في العراق وحسب المستوى المتعامد على وفق نتائج الدراسة المظهرية.

## 4-5-الدراسة الخلوية Cytological study

### 4-5-1- دراسة العدد الكروموسومي Chromosome numbers

تعد الكروموسومات الجسمية Somatic chromosomes المكملة للنباتات أداة مهمة وفعالة في توضيح المشاكل التطورية والبيولوجية ( Al-Bermani ، 1991). حاولت الدراسة الحالية دراسة الانقسام الاعتيادي في 15 تركيباً وراثياً يعود لنبات الرز Rice وحساب العدد الكروموسومي (2n) ثنائية المجموعة الكروموسومية Diploid. و أوضحت نتائج الدراسة أن الطور الاستوائي Metaphase هو الطور الامثل لحساب الكروموسومات الجسمية للخلايا المولدة (المرستيمية) لقمم الجذور Root tip ، ودراسة الهيئة الكروموسومية العامة لها ، إذ تبدو متباعدة عن بعضها البعض الى حد ما ومصطبغة جيداً . وبينت النتائج ان التراكيب الوراثية جميعها كانت في حالة استقرار وراثي وعلى مستوى العدد الكروموسومي وفي حالة تضاعف حقيقي Euploid ، اي 24 كروموسوما وهو مايمثل 2n، شكل ( 5 ).

## 4-5-2-عدد الخلايا الكلي ( المشاهدة) لقمم أطراف الجذور:-

يلاحظ من ملحق جدول تحليل التباين (3) أنّ متوسط مربعات التراكيب الوراثية كانت عالية المعنوية ويدل ذلك على اختلاف التراكيب الوراثية فيما بينها بمحتواها الوراثي للصفات المدروسة وتتباين التراكيب الوراثية فيما بينها في عدد الخلايا الكلي (المشاهدة) .

تشير نتائج جدول (13) الى أنّ التراكيب الوراثية من الرز اختلفت معنوياً في عدد الخلايا الكلي فقد تفوق التركيب الوراثي Gohar بإعطائه أعلى معدل لعدد الخلايا الكلي وبلغ 183.20 خلية وهو لم يختلف معنويا عن التركيب الوراثي عنبر فرات ، دجلة، عنبر بغداد ، عنبر مناذرة

وغدير في صفة عدد الخلايا المشاهدة فيما بلغ اقل عدد للخلايا المنقسمة في التركيب الوراثي هو 82.20 خلية ، وقد يعزى السبب الى الاختلافات الوراثية بين التراكيب الوراثية إذ أثرت جميعاً على تشجيع خلايا القمم النامية للجذور على زيادة الانقسام الخلوي وبالنتيجة زيادة عدد الخلايا الكلي.

## 4-5-3-عدد الخلايا المنقسمة لقمم أطراف الجذور:-

بينت نتائج ملحق تحليل التباين (3) وجدول (13) الى وجود اختلافات معنوية بين التراكيب الوراثية في صفة معدل عدد الخلايا المنقسمة لقمم أطراف الجذور، فقد تفوق التركيب الوراثي Gohar معنوياً حيث أعطى أعلى معدل لعدد الخلايا المنقسمة وبلغ 15.20 خلية واقلها التركيب الوراثي Khazar اذ عدت 3.60 خلية .

تباينت التراكيب الوراثية فيما بينها من حيث اصولها وكونها محلية او مدخلة والتي اجريت عليها عمليات التهجينات والتعرض للتشعيع باشعة كاما في برامج التربية والتحسين للرز اذ تؤثر جميعها في زيادة في عدد الخلايا المنقسمة، وقد يعزى السبب الى أن الإشعاع أثّر في نشاط الخلية مما إنعكس إيجابياً في زيادة معدل الانقسام الخلوي من خلال تقليص فترة دورة الانقسام الخلوي لخلايا قمم أطراف الجذور أو أنّ الاشعاع عمل على تحفيز الهرمونات النباتية المسؤولة عن الانقسام الخلوي مما شجع الخلايا على الانقسام وزيادة أعدادها .

## 4-5-4-دليل الانقسام الخلوي (%) لخلايا قمم أطراف الجذور :-

اوضحت نتائج ملحق تحليل التباين (3) وجدول (13) أنَّ التراكيب الوراثية أثّرت معنوياً في معدل دالة الانقسام الخلوي Mitotic index (MI) فقد حقق التركيب الوراثي Gohar

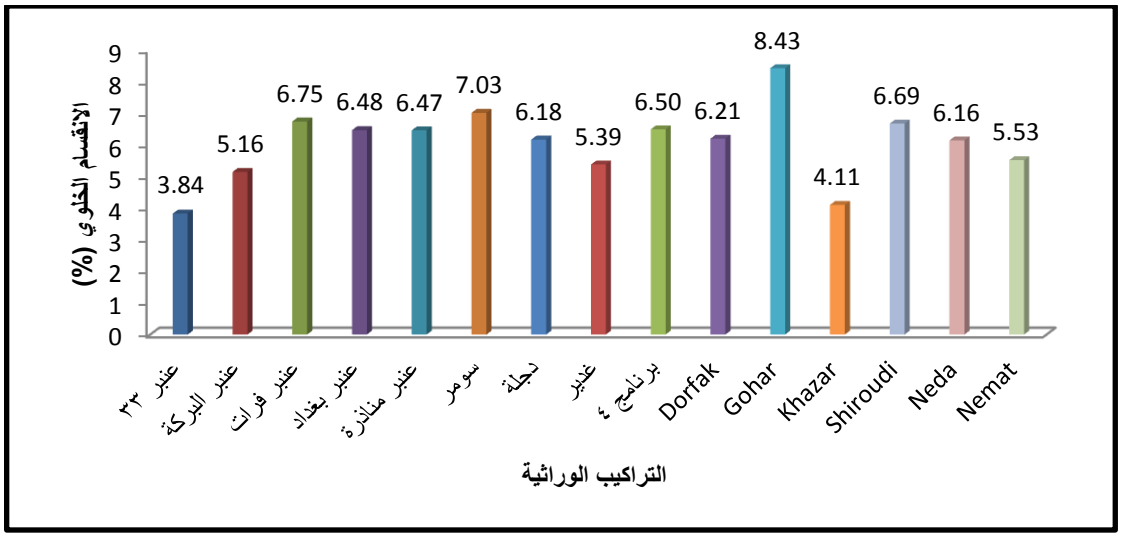
أعلى معدل لدليل الأنقسام وبلغ 8.43 ، واقلها التركيب الوراثي عنبر 33 اذ اعطى معدل دليل انقسام بلغ 3.84 ، شكل ( 3 ).

إنّ سبب الاختلاف في معدل دليل الانقسام الخلوي بين التراكيب الوراثية قيد الدراسة، ربما يعود إلى برامج تربية النبات وتحسينه والتي تجرى دائما كالتهجينات واستحداث الطفرات والادخال لأصناف وتراكيب وراثية جديدة والتي تؤثر في زيادة في عدد الخلايا المنقسمة وذلك من خلال تأثيرهما في الفعاليات الحيوية للخلايا مثل عمليات بناء DNA وزيادة نفاذية الأغشية للمواد الغذائية وغيرها والتي إنعكست إيجابياً لزيادة تحفيز الخلايا على الانقسام وبالنتيجة أحدثت زيادة لمعدل دليل الانقسام الخلوي.

**جدول (13) تأثير التراكيب الوراثية من الرز على بعض المؤشرات الخلوية**

| التركيب الوراثي | معدل عدد الخلايا المشاهدة (الكلي) | معدل عدد الخلايا المنقسمة | معدل دليل الانقسام الخلوي % MI |
|---|---|---|---|
| عنبر 33 | 128.20 | 4.80 | 3.84 |
| عنبر البركة | 106.80 | 5.40 | 5.16 |
| عنبر فرات | 181.80 | 12.20 | 6.75 |
| عنبر بغداد | 172.80 | 11.20 | 6.48 |
| عنبر مناذرة | 164.60 | 10.60 | 6.47 |
| سومر | 112.20 | 7.80 | 7.03 |
| دجلة | 173.20 | 10.60 | 6.18 |
| غدير | 156.40 | 8.40 | 5.39 |
| برنامج 4 | 142.80 | 8.80 | 6.50 |
| Dorfak | 91.40 | 5.80 | 6.21 |
| Gohar | 183.20 | 15.20 | 8.43 |
| Khazar | 87.60 | 3.60 | 4.11 |
| Shiroudi | 82.20 | 5.40 | 6.69 |
| Neda | 96.80 | 5.80 | 6.16 |
| Nemat | 94.80 | 5.20 | 5.53 |
| $LSD_{(0.01)}$ | 39.42 | 2.119 | 1.137 |

إنَّ الزيادة في دليل الانقسام الخلوي قد تكون لها تاثيرات ايجابية في عوامل النمو والانتاجية لهذه التراكيب الوراثية وهذا سينعكس ايجابيا على المردود الاقتصادي لحاصل هذه التراكيب الوراثية . أنَّ هذا الاستنتاج يتفق مع العديد من البحوث التي أكدت نتائجها تأثيرات معنوية للتشعيع في مراحل الاستنباط وفي زيادة عوامل النمو وفي الإنتاجية ( Golaszewska وآخرون، 2003).




**شكل (3) معدل دليل الانقسام MI % في القمم النامية لجذور التراكيب الوراثية من الرز**

## 4-5-5-التشوهات الكروموسوميه : Chromosomal abberations

بينت نتائج الدراسة الحالية ان السلوك الكروموسومي غالبا ما كان منتظماً Regular إذ ظهرت معظم الكروموسومات في حالة من الانتظام في السلوك الكروموسومي، وهذا لا يمنع من وجود بعض الحالات الشاذة Abnormal في الطورين الانفصالي Anaphase والطور النهائي Telophase .

يتضح كذلك بأن نسبة الشذوذ الكروموسومي تباينت باختلاف التراكيب الوراثية وكانت أعلى نسبة تشوهات كروموسومية حققها التركيب الوراثي Khazar وبلغت 0.456 ، فيما سجل

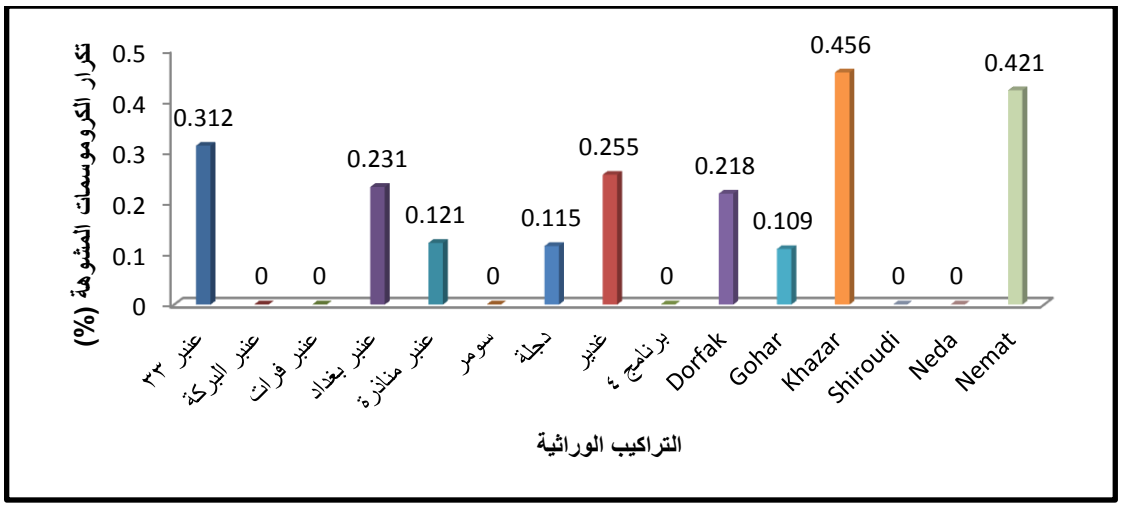
التركيب الوراثي Gohar أقل نسبة تشوهات كروموسومية بلغت قيمتها 0.109 . جدول (14)، وشكل ( 4 ). وتمثلت هذه الحالات ب:-

1-احتواء بعض خلايا الطورين الانفصالي والنهائي على جسور كروموسومية Chromosomal bridges في التراكيب الوراثية عنبر بغداد وعنبر مناذرة و Dorfak وGohar و Nemat ، شكل ( 6 ) وقد تبدو بعض الجسور مكسورة أحياناً في الشكل نفسه.

**جدول ( 14) انواع التشوهات الكروموسومية في القمم النامية لجذور نبات الرز**

| التركيب الوراثي | معدل عدد الخلايا الكلي | عدد الخلايا بالنواة الصغيرة | عدد الخلايا المتكسرة | عدد الخلايا التي تحتوي الجسور الكروموسومية | مجموع عدد الخلايا التي تحتوي على التشوهات الكروموسومية | نسبة الكروموسومات المشوهة (%) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| عنبر 33 | 641 | 1 | 1 | 0 | 2 | 0.312 |
| عنبر البركة | 534 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| عنبر فرات | 909 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| عنبر بغداد | 864 | 1 | 0 | 1 | 2 | 0.231 |
| عنبر مناذرة | 823 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0.121 |
| سومر | 561 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| دجلة | 866 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0.115 |
| غدير | 782 | 1 | 1 | 0 | 2 | 0.255 |
| برنامج 4 | 714 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Dorfak | 457 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0.218 |
| Gohar | 916 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0.109 |
| Khazar | 438 | 1 | 1 | 0 | 2 | 0.456 |
| Shiroudi | 411 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Neda | 484 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Nemat | 474 | 1 | 0 | 1 | 2 | 0.421 |

2- إحتواء بعض خلايا الطورين الانفصالي والنهائي كروموسومات متأخرة Laggared chromosomes في الانسحاب ومتخلفة في الصفيحة الاستوائية كما في التركيب الوراثي عنبر فرات ، شكل ( 6 ) .




**شكل (4) التشوهات الكروموسومية لخلايا القمم النامية في جذور التراكيب الوراثية للرز**

3-إحتواء سايتوبلازم بعض خلايا الطور النهائي أنوية صغيرة Micronuclei ( Mn ) وهي كتل متجمعة من الكروماتين تظهر في السايتوبلازم بعد تكون الغشاء النووي في نهاية الانقسام الخيطي ، والتي تشبه النواة الأصلية من حيث الشكل الخارجي والتفاعل مع الصبغات الا إنها أصغر من النواة الأصلية وتصل إلى حوالي ثلث قطرها.

تنشأ نتيجة تخلف وتلكؤ اوحصول كسر في بعض الكروموسومات او فقدانه نتيجة لتخلف الكروموسوم عديم الجسم المركزي Acentric chromosome وعدم إنضمامه مع الهيئة الكروموسومية للخلايا البنوية الناتجة بعد الانقسام الخلوي وتظهر بعد الطور الانفصالي Anaphase لذلك فان تكونها يعكس مدى التلف الذي تعرضت له المواد الوراثية نتيجة لتعرض

الخلايا للمواد الكيميائية والتي تؤدي الى كسر الكروموسومات ( Becker ، 2003) في التراكيب الوراثي عنبر 33 وغدير وKhazar وNemat ، شكل ( 5، 6 ) .

4- وجود بعض القطع الكروموسومية أو الشظايا Chromosomal fragments والتي تفشل عادة في الذهاب الى أي قطب من اقطاب الخلية في الطورين الانفصالي والنهائي للتراكيب الوراثية عنبر 33 ودجلة وغدير وGohar و Khazar ، وقد تتكسر هذه القطع بالتساوي في التراكيب الوراثية نفسها .

5- شوهدت بعض حالات عدم التزامن Asynchronous في بعض أطوار الانقسام الخيطي في النوع إذ تبدو إحدى الخلايا في الطور الاستوائي أو النهائي بينما تكون الخلية الاخرى قد باشرت في الانقسام السايتوبلازمي Cytokinesis ، شكل ( 7 ) وقد توجد بعض الكروموسومات في الطور الاستوائي غير منتظمة على الصفيحة الاستوائية للخلية .

بناءً على ذلك فقد تمكنت الدراسة من حساب العدد الكروموسومي في 15 تركيباً وراثياً وقد سجلت الدراسة العدد الكروموسومي 2n=24 ، وأتضح من خلال هذه الدراسة أنَّ التراكيب الوراثية المدروسة تشترك في أنّ كرموسوماتها صغيرة وقصيرة جداً وفي بعض الاحيان متكتلة فتبدو وكأنها نقاط صغيرة غير واضحة المعالم مما أدى الى صعوبة بالغة في دراسة مظهر الهيئة الكروموسومية Karyotyping بالمستلزمات المختبرية المتوافرة .

حسبت الأعداد الكرموسومية للتراكيب الوراثية المدروسة وتتفق هذه النتيجة مع ماذكره كل من Guo واخرون ( 2002) وNiroula واخرون (2009) وZhang و Wing (2013) حول إمتلاك نبات الرز *Oryza sativa* للعدد الكروموسومي الثنائي (2n = 2x = 24, AA) وتتفق الدراسة الحالية مع دراسة Darlington وWylie (1961) حول العدد الثنائي المسجل للرز 2n=24 لعدد الاساس X=12 .

ومن الجدر بالذكر ان الكروموسومات المتشابهة مظهريا بين أنواع الجنس الواحد ليست بالضرورة متماثلة جينيا لان التغايرات الوراثية عادة غير مرئية (Stebbins ، 1950). إعتبر Radford واخرون (1974) صفات الكروموسومات أدلة موثوقة لتوضيح العلاقات التصنيفية

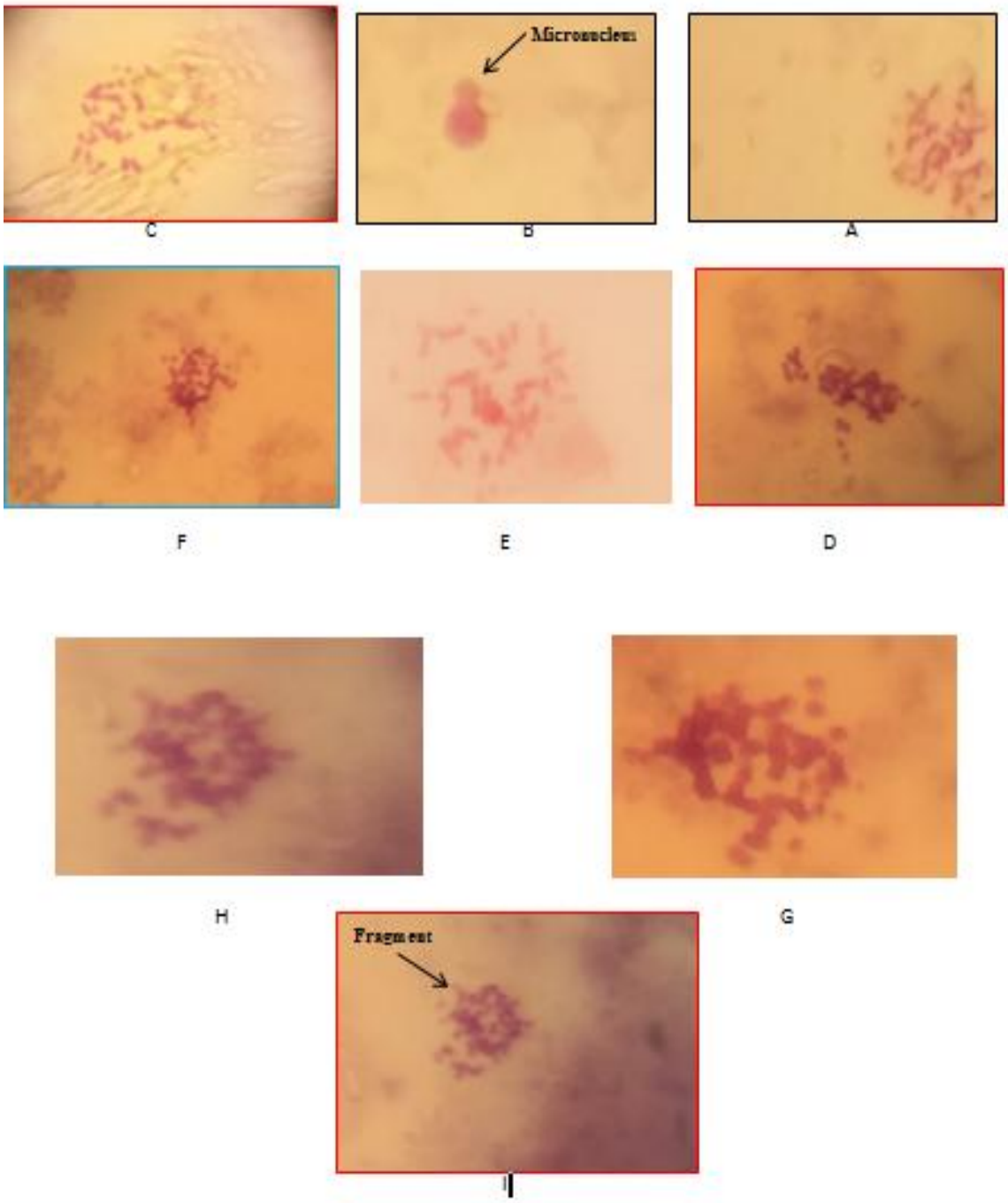
والتطورية Taxonomic and evolutionary relationships أكثر من الصفات المظهرية التقليدية، ولهذا حاولت الدراسة الحالية تقصي مثل هذه الادلة في التراكيب الوراثية من الرز والمدروسة بالاضافة الى ذلك واجهت الدراسة صعوبات آخرى تتعلق بعملية التحضير والتي لخصها Mujeeb-Kazi وآخرون (1994) بالنقاط الآتية :

**1**-ضعف إصطباغ الكروموسومات ومطها Poorly staine & stretched.

**2**- لزوجة الكروموسومات Chromosomes stickiness.

**3**- إصطباغ الارضية التي تنغمر فيها الكروموسومات Intense background staining rendering poor contrast مما يؤدي الى ضعف التغاير بينهما الامر الذي ينعكس سلباً على جودة الصور المأخوذة لها .

إنَّ هذه الحالات من الزيغ الكروموسومي قد تفسر إستناداً الى تأثير الظروف المحيطة والتي أشار Singh (2003) إلى دورها في التأثير على بعض الاطوار في عمليات الانقسام الخيطي او الاختزالي ، وإنَّ وجود الجسور والقطع الكروموسومية في بعض التراكيب الوراثية قد يعزى الى حدوث تكسّر بعض القطع الكروموسومية نتيجة للشد الذي تعانيه في أثناء عملية السحب.

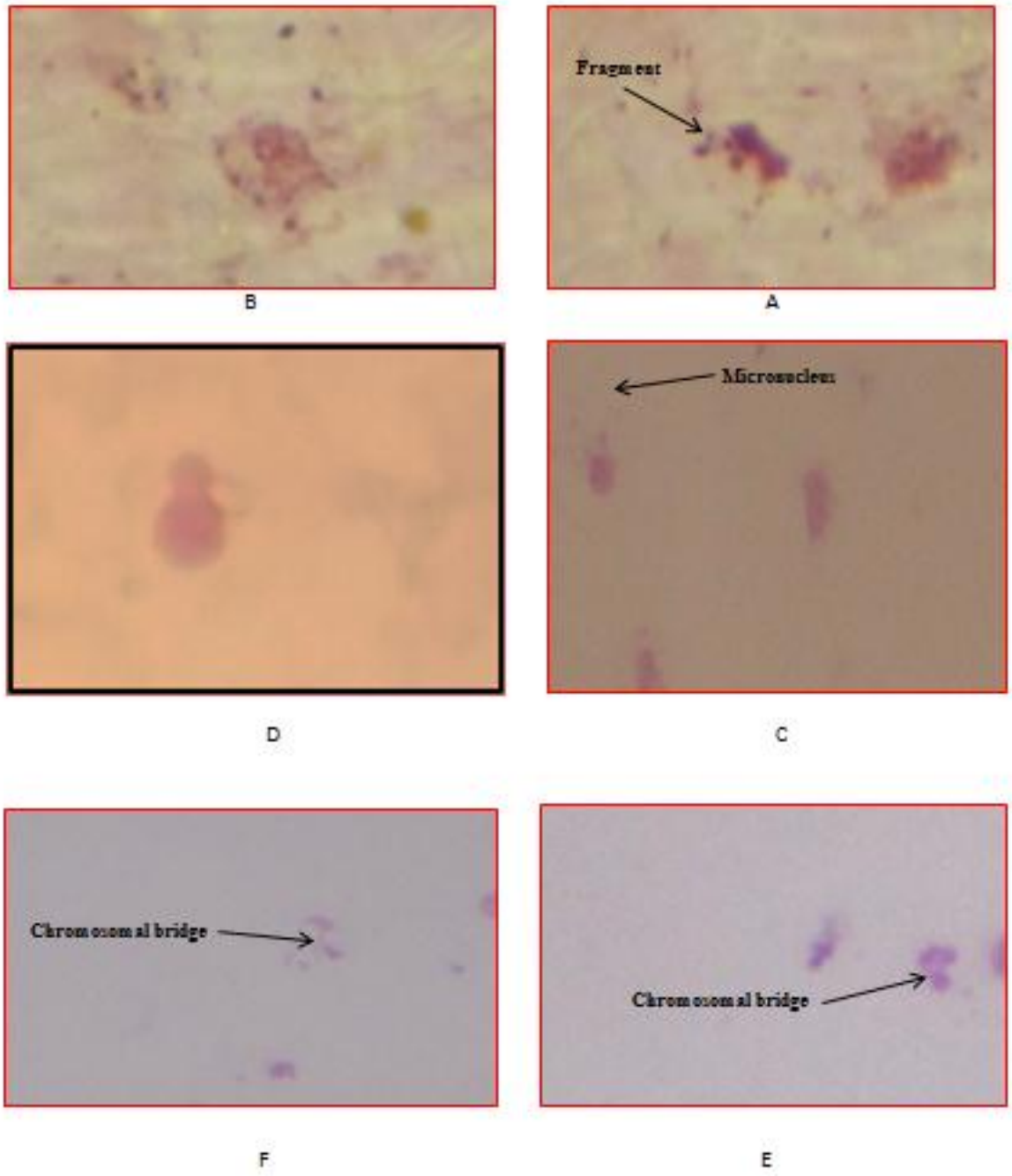



**شكل (5) العدد الكروموسومي (2n ) في الطور الاستوائي لخلايا القمم النامية في جذور نبات الرز (100x)**

**A = Gohar** **D= برنامج 4** **G = عنبر البركة**

**B =عنبر 33** **E= دجلة** **H = سومر**

**C= Neda** **F=غدير** **I = Dorfak**

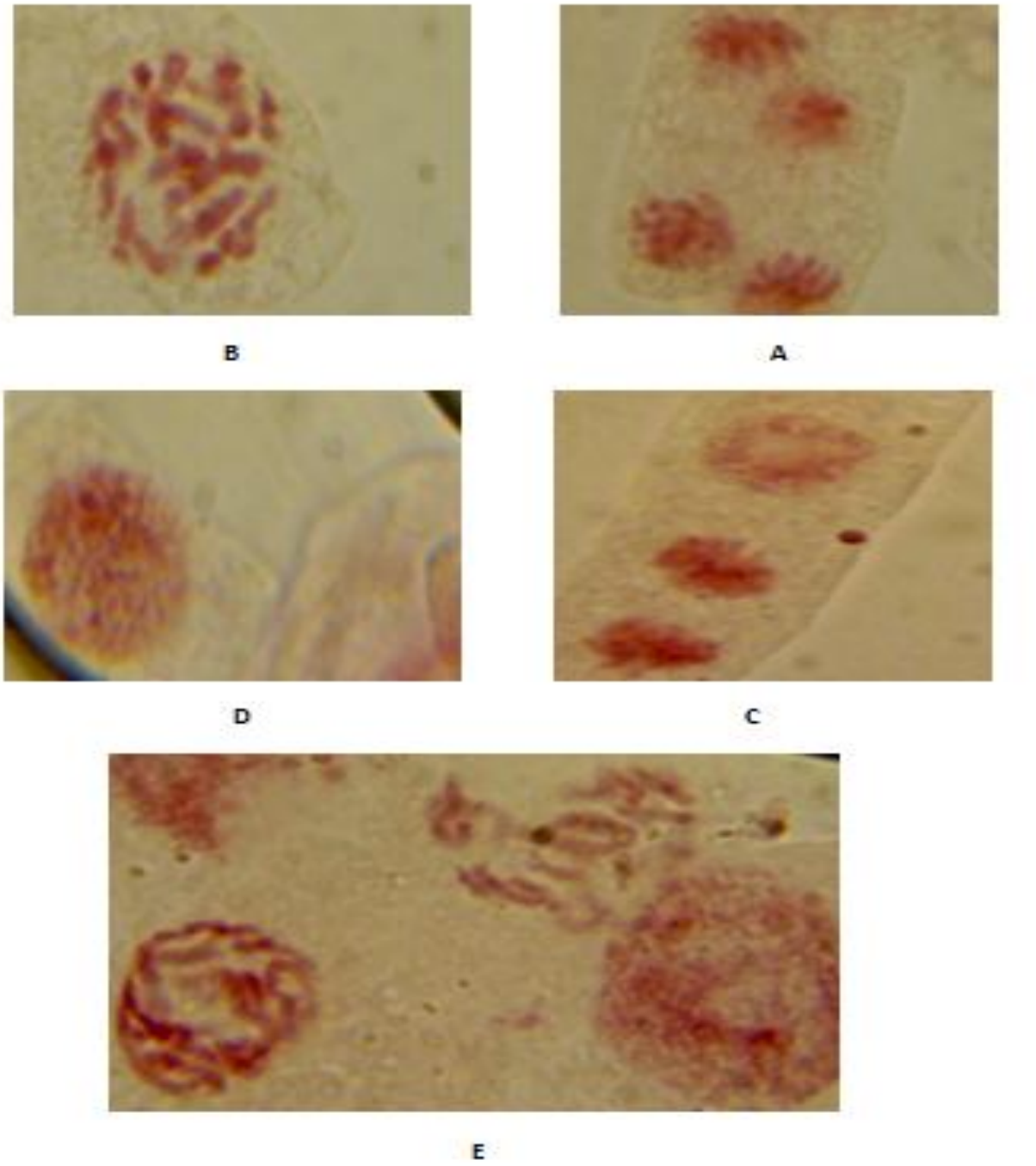



**شكل (6) بعض التشوهات الكروموسومية في الطورين الانفصالي والنهائي لخلايا القمم الناميه في جذور نبات الرز ( $40_X$ & $100_X$ )**

**A= قطع كروموسومية Khazar** **C= انوية صغيرة Nemat**

**B =عنبر 33** **D= انوية صغيرة غدير**

**E = جسور عنبر بغداد** **F = جسور Dorfak**




**شكل (7) حالات الانقسام في الخلايا المرستيمية للقمم النامية لجذورالرز ( 100x)**

**A= الطور الانفصالي Khazar C= الطور الاستوائي Nemat**

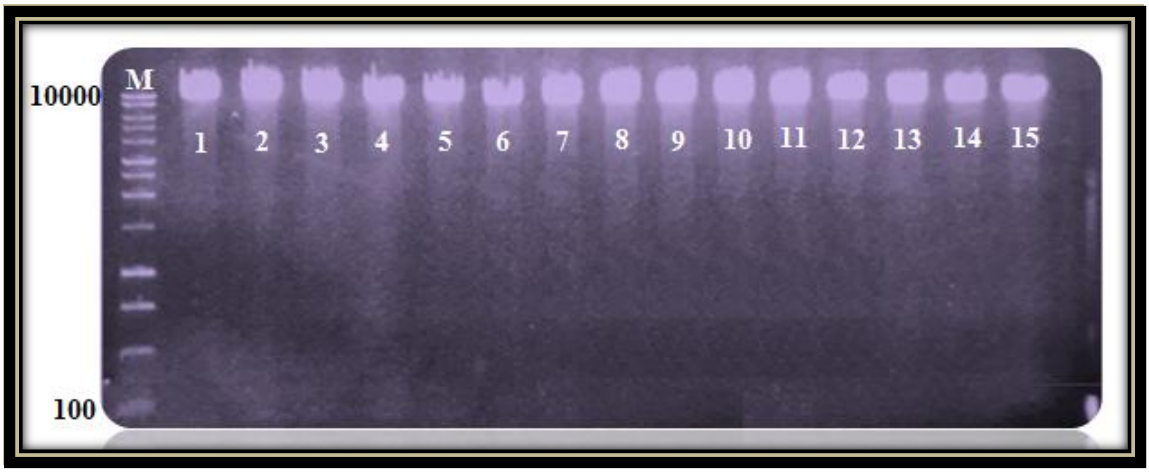
**B = عنبر مناذرة D= عدم التزامن ( برنامج 4 )**

**E= عدم التزامن (غدير)**

## 4-6-الدراسة الجزيئية Molecular study

### 4-6-1-عزل DNA المجيني Genomic DNA Isolation

تم استخلاص الدنا DNA من أوراق نبات الرز على وفق الطريقة الموصوفة بواسطة عدة استخلاص خاصة وجاهزة ، وكان DNA المستخلص مناسباً لتفاعلات PCR من حيث الكمية والنقاوة ، إذ تم الحصول على كمية جيدة منه لكل تركيب وراثي من التراكيب المستعملة في الدراسة، و تم تحديدها بالاعتماد على قراءة جهاز المطياف الضوئي Spectrophotometer وبطول موجي A 280/ A260 نانومتر. إذ تراوح تركيز الحامض النووي المعزول بين (100-400) نانوغرام/ مايكروليتر وبنقاوة قدرها (1.8-1.9) لأن الطريقة المتبعة في الاستخلاص هي الطريقة الكفوءة والملائمة لعزل الدنا من النباتات، وتمتاز بالسرعة والبساطة إذ تعمل المواد المكونة لمحاليل العزل على إزاحة مكونات الخلية غير المرغوبة والمحافظة على الحامض النووي المستخلص مما يساعد في إنتاج حزم واضحة وتتفق مع Xiaohua وآخرون (2010). وتم استعمال نسبة 1% من الاكاروز للترحيل الكهربائي وذلك لتقييم نوعية الحامض النووي المعزول، إذ يعمل جهاز الترحيل على فصل الحزم وحساب الاحجام الجزيئية، فالحزم ذات الحجم الجزيئي الصغير ترحل إلى مسافات أبعد وأسرع من الحزم ذات الحجم الجزيئي الكبير. وأظهرت نتائج الفصل الكهربائي إن الحزم اغلبها اقرب إلى أعلى الهلام مما يدل موقعها وشدتها إلى كونها ذات نوعية جيدة وإحجامها الجزيئية عالية، كما وقدرت نوعية الحامض النووي من خلال تألق العينات باستعمال صبغة الاثديوم بروماید Ethidium bromide ، شكل ( 8 ) .




شكل ( 8 ) عينات DNA المعزولة من التراكيب الوراثية للرز والمرحلة على هلام الاكاروز بتركيز 1 % مع ( M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ، والارقام تمثل التراكيب الوراثية 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7-دجلة 8-غدير9 –برنامج- 4 Dorfak-10 Gohar-11 Khazar -12 Shiroudi- 13 Nemat-15 Neda –14.

## 4-6-2-تحليل تقنية التكرارات التتابعية البسيطة SSR :

أجريت العديد من التجارب لتحسين ظروف تجربة PCR-SSR لـ (4) من بوادئ ال SSR مع DNA عدد من التراكيب الوراثية للرز، وجميعها أعطت نتائج تضاعف في مناطق متخصصة وانتجت حزم محددة ، واختلفت عدد الحزم وأحجامها الجزيئية باختلاف البادئ المستعمل ، وذلك لتكرارها أكثر من مرة بسبب وفرة المواقع المكملة لتسلسلات تلك البادئات مع وجود الجين المسؤول عن الصفة في التراكيب الوراثية قيد الدراسة ، ولغرض تسجيل البيانات وتحليلها تم ترحيلها على هلام الاكاروز بعد إكمال برنامج ال PCR وأظهرت الصور حزم متماثلة كحزمة واحده او متباينة كحزمتين، وقد تم تسجيل الملاحظات لكل مؤشر واعتماداً على

حجم ونوع موقع الحزم كونها Homozygote او Hetrozygote ، ولأن مؤشرات SSR تمتاز بسيادة مشتركة لذا فإنها متباينة الزيجة وتظهر بحزمتين متخصصة لموقعين ويمكن تحديدها بسهولة (Wu وآخرون، 2010) مما يزيد من كفاءتها ودقتها لإجراءات قياس الوراثة السكانية مقارنةً بالمؤشرات الأخرى (Wang وآخرون ،2009) . كشفت البادئات عن وجود تباينات وراثية وتغايرات شكلية Polymorphism ، ويرجع السبب الى وفرة تنوع المواقع المكملة للبادئات في التراكيب الوراثية المدروسة (Israt وآخرون ، 2014). اما في حالة عدم اعطاء البادئ لأي نتيجة يكون السبب غياب المواقع المكملة للبادئات ، بسبب حدوث طفرة Mutation في الموقع، إذ تثبط درجة التحام البادئ Pirmer Annealing (Chemutai واخرون 2016) وبالنسبة الى معدل التباين الذي تكشف عنه مؤشرات ال (SSR) فيعتمد على طول البادئات، اي عندما يكون طول البادئات أكثر من 20 زوج قاعدي فان هذا يؤدي الى كشف عن التباين بشكلٍ عالٍ (Wang واخرون ،2016) من خلال عرض نتائج البادئات يظهر تأثير درجة حرارة التلدن على ارتباط كل زوج بسبب قلة عدد المواقع loci المستهدفة من قبل مؤشرات SSR اوغياب المواقع المكملة لتسلسل البادئ ضمن مجين التراكيب الوراثية . وإنَّ قلة التنوع الوراثي ومحتوى التعدد الشكلي يعزى الى وجود اختلاف قليل بالتسلسل النيوكلوتيدي في جينوم التراكيب الوراثية، مما يؤثر في موقع ارتباط البادئات لذا تعد هذه البادئات غير كفؤة في دراسة التنوع الوراثي ( Chemutai واخرون ،2016) او يمكن أن تتأثر تقنية SSR من قبل عوامل مختلفة ، مثل تسلسل البادئ، ونوعية القالب وكميته ، وتركيز البلمرة polymerase ( Iqbal واخرون ، 2010). لذا سيتم توضيح نتائج البادئات التي أعتمدت في هذه الدراسة وكما يأتي :-

## 1- البادئ RM171 :

يستعمل هذا البادئ للكشف عن مواقع الصفات الكمية المرتبطة بصفة إعادة الخصوبة في جينوم الرز ويقع على كرموسوم رقم (10) ، جدول ( 6 ). إذ تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات المكملة له في DNA التراكيب الوراثية قيد الدراسة ، وأظهرت نتائج هذا التفاعل على هلام الاكاروز تبايناً واضحاً في العدد والحجم الجزيئي، إذ تراوحت إحجامها بين 324.082 –344.366 زوجا قاعديا والتي تتفق مع نتائج Lee واخرون (2011) و Grishma واخرون (2012) حول الاحجام الجزيئية لهذا البادئ ، شكل (9).

شكل (9 ) ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM171 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% (M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصف والارقام تمثل التراكيب الوراثية **1**-عنبر 33 **2**-عنبر البركة **3**-عنبر فرات **4**-عنبر بغداد **5**- عنبر مناذرة **6**- سومر **7**-دجلة **8**-غدير **9** –برنامج- 4 **10**-Dorfak **11**-Gohar **12**- Khazar **13**-Shiroudi **14**– Neda **15**-Nemat.

أما عدد الحزم المتضاعفة فبلغت 21 حزمة ممأأدى الى ارتفاع نسبة كفاءة البادئ لتصل الى 53.84% وسجل الحجم الجزيئي 324.082 زوجاً قاعدياً أعلى نسبة لتردد الاليل بلغت 0.2333 . اما عدد الأليلات الكلي بلغ 7 اليل وهذا انعكس على ارتفاع قيم التنوع الوراثي ومحتوى تعدد الإشكال والتي بلغت 0.8244 و 0.8006 على التوالي.

يعزى هذا الى وجود اختلافات بالتسلسل النيوكلوتيدي في جينوم التراكيب الوراثية مما يؤثر في مواقع ارتباط البادئات وتعود هذه الاختلافات عن استبدال زوج من النيوكلوتيدات Substitutionsاو الحذفDeletions او الادخال Insertions بسبب حدوث طفرات Mutation معينة (Fadoul واخرون ، 2013) .

تشير القيمة العالية لمحتوى التعدد الشكلي (PIC) ان البادئ المستعمل قد اظهر كفاءة عالية في ايجاد التنوع الوراثي لذا يفضل استعمال البادئ في دراسة التغايرات الوراثية للتراكيب في برامج التربية والانتخاب المعتمدة على المؤشرات الجزيئية ويتفق هذا مع Grishma واخرون (2012) .

بلغت قيم متباينة الزيجة لهذا البادئ 0.4000 هذا يعود الى ظهور الحزم المتعددة فقط في 12 من المواقع ، أما باقي الحزم كانت منفردة وتتفق مع دراسة Hashemi واخرون (2009). بالنسبة لعدد الأليلات النادرة فقد بلغ 3 اليل ، لذا استطاع هذا البادئ من إعطاء بصمة وراثية مميزة للتراكيب الوراثية عنبر بغداد وعنبر مناذرة وبرنامج 4 , Neda ، جدول ( 15 ) .

جدول ( 15 ) عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM171 وتمثل العلامة (+) وجود الحزمه و(-) غيابها والارقام تمثل التراكيب الوراثية: 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7-دجلة 8-غدير 9 –برنامج-4 Dorfak-10 Gohar-11 Khazar -12 Shiroudi-13 Neda –14 Nemat-15.

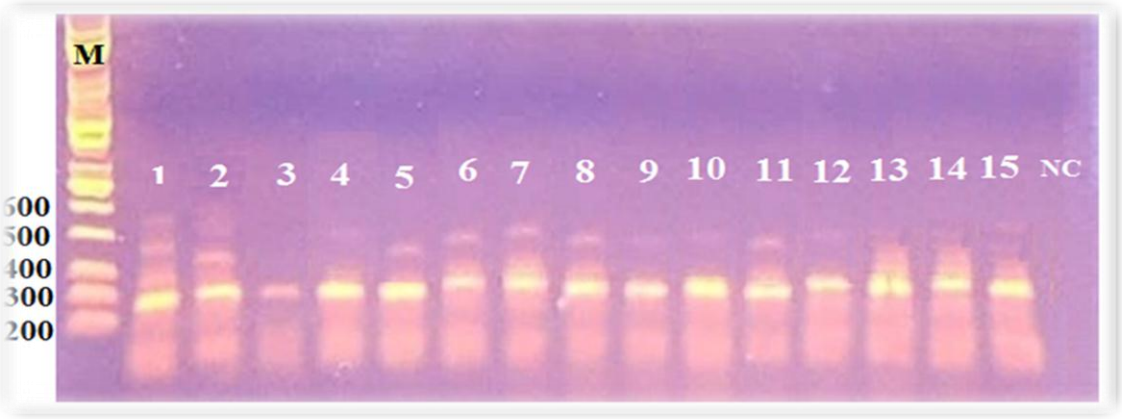
| | التراكيب الوراثية | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| الحجم الجزيئي (زوج قاعدي) | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 |
| 344.366 | + | + | - | - | - | - | + | + | + | + | - | - | - | - | - |
| 341.506 | - | - | - | - | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 338.634 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | + | + | + | - | - |
| 335.75 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | + | - |
| 332.853 | - | - | + | - | - | + | - | - | + | - | - | - | - | - | + |
| 327.02 | - | - | - | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 324.082 | + | + | - | - | - | - | + | + | - | + | - | - | - | - | - |
| عدد الحزم في كل تركيب | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 2 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |

## 2- البادئ RM216 :

يستعمل هذا البادئ للكشف عن مواقع الصفات الكمية المرتبطة بصفة إعادة الخصوبة في جينوم الرز ويقع على كروموسوم رقم 10 ، جدول (6 ) .

تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات المكملة له في DNA التراكيب الوراثية قيد الدراسة واظهرت نتائج هذا التفاعل على هلام الاكاروز تبايناً واضحاً في العدد والحجم الجزيئي، إذ تراوحت إحجامها بين 147.333–196.701 زوجاً قاعدياً والتي تتفق مع نتائج Hashemi واخرون (2009) ، شكل (10). أما عدد الحزم المتضاعفة فبلغت 18 حزمة مما أدى الى ارتفاع نسبة كفاءة البادئ لتصل الى 46.15% وسجل الحجم الجزيئي 158.113 زوجا قاعديا

أعلى نسبة لتردد الاليل بلغت 0.6000 ، اما عدد الاليلات الكلي بلغ 4 اليل هذا انعكس على ارتفاع قيم التنوع الوراثي ومحتوى تعدد الإشكال والتي بلغت 0.5711 و 0.5198 على التوالي.




شكل ( 10 ) ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM216 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% ( M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصـف والارقام تمثل التراكيب الوراثية 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7- دجلة 8-غدير9 –برنامج-4 Gohar-11 Dorfak-10 Nemat-15 Neda –14 Shiroudi-13 Khazar -12.

هذا يعزى الى وجود اختلافات بالتسلسل النيوكلوتيدي في جينوم التراكيب الوراثية مما يؤثر في مواقع ارتباط البادئات و تعود هذه الاختلافات عن حدوث طفرات معينة او استبدال زوج من النيوكلوتيدات او الحذف او الادخال (Fadoul واخرون ،2013) .

تشير القيمة العالية لمحتوى التعدد الشكلي( PIC ) ان البادئ المستعمل قد اظهر كفاءة عالية في ايجاد التنوع الوراثي ، لذا يفضل استعمال البادئ في دراسة التغايرات الوراثية للتراكيب في برامج التربية والانتخاب المعتمدة على المؤشرات الجزيئية يتفق مع Sai واخرون (2013).

و بلغت قيم متباينة الزيجة لهذا البادئ 0.2000 هذا يعود الى ظهور الحزم المتعددة فقط في 6 مواقع أما باقي الحزم كانت منفردة وتتفق مع دراسة Hashemi واخرون (2009) . أما عدد الاليلات النادرة بلغ 2 اليل ، لذا استطاع هذا البادئ من إعطاء بصمة وراثية مميزة للتركيبين الوراثيين عنبر 33 و Khazar ، جدول ( 16) .

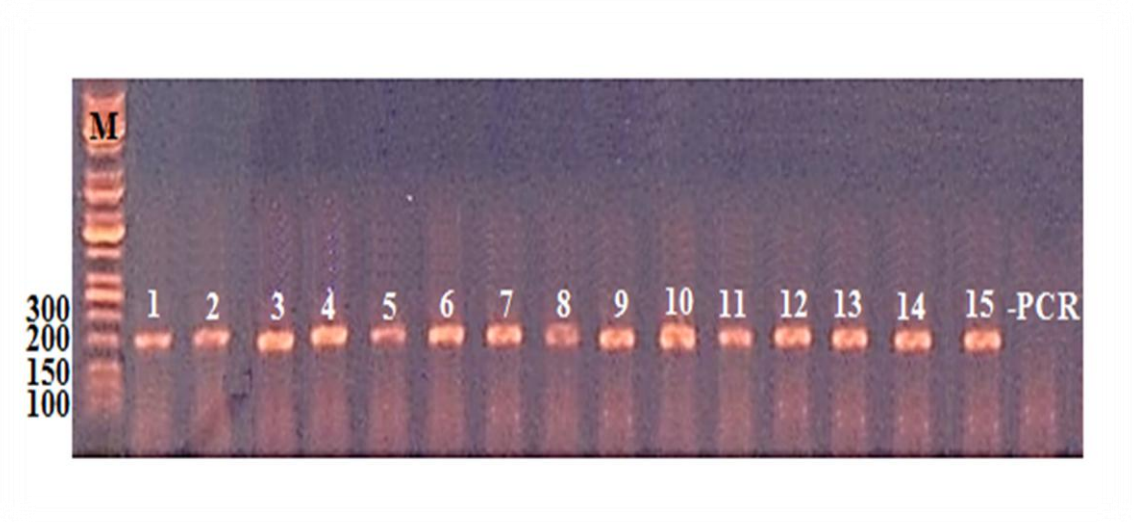
جدول ( 16 ) عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM216 وتمثل العلامة (+) وجود الحزمه و(-) غيابها والارقام تمثل التراكيب الوراثية: 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7-دجلة 8-غدير9 –برنامج-4 Dorfak-10 Gohar-11 Khazar -12 Shiroudi-13 Nemat-15 Neda –14.

| | التراكيب الوراثية | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| الحجم الجزيئي (زوج قاعدي) | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 |
| 196.701 | - | - | - | - | - | + | + | - | - | - | - | - | + | - | - |
| 175.072 | - | - | - | - | - | + | + | - | - | - | - | + | + | + | - |
| 158.113 | - | + | + | + | + | - | - | + | + | + | + | - | - | - | + |
| 150 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 147.333 | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| عدد الحزم في كل تركيب | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 2 | 1 | 1 |

## 3-البادئ RM585:

يستعمل هذا البادئ للكشف عن مواقع الصفات الكمية المرتبطة بصفة تحمل الملوحة لجينوم الرز ويقع على كروموسوم رقم 6 ، جدول رقم (6) .إذ تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات المكملة له في DNA التراكيب الوراثية قيد الدراسة وأظهر تباينا واضحاً في المواقع

والحجم الجزيئي إذ تراوحت إحجامها بين 162.138 – 224.99 زوجا قاعديا ، بلغ عدد الحزم المتضاعفة 18 حزمة ، لذا ارتفعت نسبة كفاءة هذا البادئ الى 54.54% وسجل الحجم 182.287 أعلى نسبة تردد لاليل بلغ 0.2333 ، شكل (11) .




شكل ( 11 ) ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM585 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% (M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصـف والارقام تمثل التراكيب الوراثية **1**-عنبر 33 **2**-عنبر البركة **3**-عنبر فرات **4**-عنبر بغداد **5**- عنبر مناذرة **6**- سومر **7**-دجلة **8**-غدير**9** –برنامج-4 Gohar-**11** Dorfak-**10** Khazar **-12** Shiroudi-**13** Neda –**14** Nemat-**15**.

بلغت عدد الاليلات الكلية لهذا البادئ 6 اليل وانعكس هذا على قيم التنوع الوراثي وقيم محتوى متعدد الأشكال والتي بلغت 0.8156، 0.7888 على التوالي.

يلاحظ ارتفاع قيم التنوع الوراثي ومحتوى تعدد الأشكال وهذا يعزى الى وجود اختلافات بالتسلسل النيوكلوتيدي في جينوم التراكيب الوراثية، مما يؤثر في مواقع ارتباط البادئات وقد تنتج هذه الاختلافات بسبب حدوث طفرات معينة او بعض الاختلالات.

تشير القيمة العالية لمحتوى التعدد الشكلي( PIC ) إلى أن البادئ المستعمل قد أظهر كفاءة عالية في ايجاد التنوع الوراثي للجينات المتحملة للملوحة (Niones ، 2004 ) لذا يفضل استعمال البادئ في دراسة التغايرات الوراثية للتراكيب في برامج التربية والانتخاب المعتمدة على المؤشرات الجزيئية (Nagy واخرون، 2012).

أوضحت نتائج تضاعف هذا البادئ وجود ستة حزم متعددة والباقي حزم مفردة لذا سجل نسبة متباينة الزيجة بلغت 0.2000 والتي تتفق مع نتائج Moniruzzaman واخرون (2012). أما عدد الاليلات النادرة بلغ 2 اليل ، لذا استطاع هذا البادئ من إعطاء بصمة وراثية مميزة للتركيبين الوراثيين سومر و Shiroudi ، جدول ( 17) .

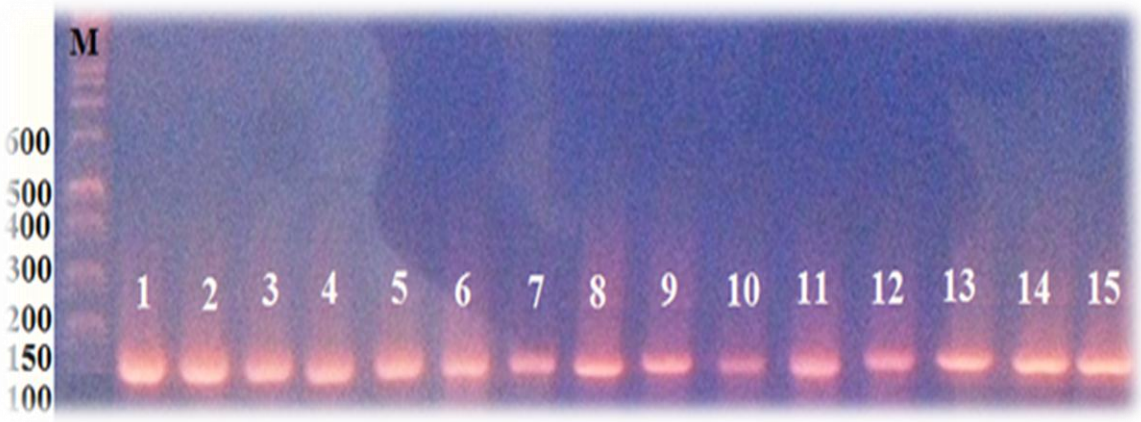
جدول ( 17 ) عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM585 وتمثل العلامة (+) وجود الحزمه و(-) غيابها والارقام تمثل التراكيب الوراثية: 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4- عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6-سومر 7-دجلة 8-غدير9 –برنامج-4 Dorfak-10 Gohar-11 -12 Khazar -13 Shiroudi –14 Neda -15 Nemat.

| | التراكيب الوراثية | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| الحجم الجزيئي (زوج قاعدي) | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 |
| 224.99 | - | - | - | - | - | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 216.064 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | + | - | + | - | + | - |
| 200 | + | - | - | + | - | - | - | + | - | - | - | - | + | - | - |
| 191.094 | - | + | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 182.287 | + | - | - | + | + | - | - | + | + | - | - | - | - | - | - |
| 162.138 | - | - | - | - | - | - | + | - | - | - | + | - | - | - | + |
| عدد الحزم في كل تركيب | 2 | 1 | 1 | 2 | 1 | 1 | 1 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |

### 4- البادئ RM 8085:

يستعمل هذا البادئ للكشف عن مواقع الصفات الكمية المرتبطة بصفة تحمل الجفاف لجينوم الرز ويقع على كرموسوم رقم (1) ، جدول ( 6 ) إذ تمكن هذا البادئ من التعرف على التتابعات المكملة له في DNA الجينوم للتراكيب الوراثية قيد الدراسة واظهر تباينا واضحا في المواقع والحجم الجزيئي، إذ تراوحت إحجامها بين 142.947-167.08 زوجا قاعديا ،

عدد الحزم المتضاعفة بلغت 15 حزمة ، لذا انخفضت نسبة الكفاءة لهذا البادئ لتصل الى 45.45% ، وسجل الحجم 158.037 زوج قاعدي أعلى نسبة لتردد الاليل بلغت 0.4667 ، شكل ( 12 ).






الشكل ( 12 ) ناتج ترحيل الـ PCR للبادئ RM8085 بواسطة مؤشرات SSR مع الدنا لعينات الرز على هلام الاكاروز بتركيز 1.5% (M الدليل الحجمي القياسي) فولتية 80 لمدة ساعة ونصف والارقام تمثل التراكيب الوراثية **1**-عنبر 33 **2** -عنبر البركة **3**-عنبر فرات **4**-عنبر بغداد **5**- عنبر مناذرة **6**- سومر **7**-دجلة **8**-غدير**9** –برنامج-4 **10**-Dorfak **11**-Gohar **12**- Khazar **13**-Shiroudi **14**– Neda **15** –Nemat.

بلغ عدد الاليلات الكلية 4 اليلات، انعكس هذا على قيم التنوع الوراثي وقيم محتوى تعدد الأشكال والذي بلغ 0.6844، 0.6358 على التوالي وهذا يعزى الى وجود اختلافات بالتسلسل

النيوكلوتيدي في جينوم التراكيب الوراثية ، مما يؤثر في مواقع ارتباط البادئات ويعود هذا الى الاختلافات عن استبدال زوج من النيوكلوتيدات او الادخال او الحذف او لحدوث طفرات معينة.

تشير القيمة العالية لمحتوى التعدد الشكلي (PIC) إن البادئ المستخدم قد أظهر كفاءة عالية في ايجاد التنوع الوراثي ، لذا يفضل استعمال البادئ هذا في برامج التربية والتحسين المستقبلية للتراكيب الوراثية من الرز والمعتمدة على المؤشرات الجزيئية هذه النتيجة لم تتفق مع Anandan وآخرون (2016) .

قد يرجع هذا التباين إلى اختلاف في المادة الوراثية التي تحتوي على المجين ، وبلغ عدد الاليلات االكلية 4 اليل ، أوضحت نتائج تضاعف هذا البادئ إلى عدم وجود حزم متعددة والباقي حزم مفردة فقط ، لهذا لم تسجل نسبة لقيم متباينة الزيجة Heterozygote لان كل الحزم كانت مفردة ، جدول ( 18 ).

جدول (18) عدد الحزم في التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وحسب أحجامها الجزيئية للبادئ RM8085 وتمثل العلامة (+) وجود الحزمه و(-) غيابها والارقام تمثل التراكيب الوراثية: 1-عنبر 33 2-عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7-دجلة 8-غدير9 –برنامج-4 Dorfak-10 Gohar-11 Khazar -12 Shiroudi-13 Nematt-15 Neda –14.

| | التراكيب الوراثية | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| الحجم الجزيئي (زوج قاعدي) | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 |
| 167.08 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | + | + | - | - |
| 158.037 | - | - | - | - | - | + | + | - | + | + | + | - | - | + | + |
| 150 | - | - | + | - | + | - | - | + | - | - | - | - | - | - | - |
| 142.947 | + | + | - | + | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| عدد الحزم في كل تركيب | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |

نستنتج من ذلك إن التطابق الوراثي يحدث عند عدم وجود تباين وراثي بين التراكيب الوراثية باستعمال عدد من البوادئ ، لكن عند استعمال عدد أكثر من البوادئ او المؤشرات الوراثية الاخرى فقد تختلف النتيجة وذلك حسب تسلسل البادئ المستعمل فالحزم المشتركة تدل على تشابه المادة الوراثية في تلك المنطقة من المجين للتراكيب الوراثية المدروسة الذي يمثل تشابه في الصفات المظهرية وصفات أخرى تكاثرية وغيرها او يكون التشابه في منطقة من المناطق الغير مشفرة أي التي ليس لها تعبير جيني وتعرف بـ Non-coding DNA ( ياسين ،2011).

إنّ الحجوم الجزيئية للحزم الناتجة كانت متنوعة لجميع التراكيب الوراثية من الرز تراوحت بين 142.947 و 344.366 زوج قاعدي إذ سجل البادئ RM8085 أقل حجم جزيئي أما أعلى حجم جزيئي فقد سجله البادئ RM171 ، ويعود السبب في تباين حجم الحزم الناتجة من استعمال كل بادئ الى الاختلاف في المواقع المكملة لذلك البادئ بين التراكيب الوراثية قيد الدراسة إنّ هذه النتيجة تتفق مع ماتوصل اليه Berilus وآخرون (2013) و Israt وآخرون (2014).

أوضحت النتائج ان هناك اختلافا في اعداد الحزم الناتجة لكل بادئ إذ سجل البادئ RM171 أعلى عدد للحزم المتضاعفة بلغت (21) حزمة أما أقل عدد للحزم كانت في البادئ RM8085 بلغت (15) حزمة، وإن هذا الاختلاف بين جميع التراكيب الوراثية يعود لسبب عدم التساوي في توزيع المواقع المكملة للبادئات بينها، فيما يدل العدد العالي من الحزم على وفرة المواقع المكملة للبادئات مما يودي الى زيادة عدد الحزم الناتجة من ارتباط البادئات مع تلك

المواقع، وإن معرفة هذه المواقع مهم في بناء الخرائط الوراثية والمساعدة في تحديد بعض الصفات مهمة كتحمل الجفاف االملوحة وغيرها (Salgotra وآخرون ، 2015)

بالنسبة لأعداد الاليلات فقد تراوحت من (4-7) اليل ، فيما بلغت عدد الاليلات الكلية 21 اليل وتم تحديدها في خمسة عشر تركيبا وراثيا ، وبمعدل 5.25 اليل لكل موقع ، وسجل كل من البادئان ( RM216 وRM8085 ) أقل عدد من اليلات بلغت 4 اليل أما أعلى عدد الاليلات بلغت 7 اليل سجله البادئ RM171 .

يعزى سبب هذا التباين الى التغاير بين التراكيب الوراثية المدروسة وتتفق هذه النتيجة مع Israt وآخرون ( 2014) أما عدد الاليلات النادرة فبلغت 8 اليل نادر، إذ سجل كل من البادئ RM216و البادئ RM585 اليلين نادرين ، بينما سجل البادئ RM171 أعلى عدد وبلغ 4 اليل نادر ، فيما لم يعطِ البادئ RM8085 أي بصمة وراثية مميزة لأي تركيب وراثي بسبب إمتلاكه لحزم منفردة ، جدول (19).

أكدت نتائج الدراسة الحالية أهمية مؤشرات ال SSR واستعمالها على نطاق واسع في دراسة علاقات النشوء والتطور وتحليل التنوع الوراثي بين التراكيب الوراثية للرز ورسم الخرائط (Zhang وآخرون ،2013). وتباينت البادئات فيما بينها بإعطاء بصمة وراثية مختلفة للتراكيب الوراثية قيد الدراسة، فقد امكن بواسطة كل من البوادئ RM171 وRM216 و RM585 من إعطاء بصمة مميزة لثمانية من التراكيب الوراثية، جدول ( 19 ).

**جدول ( 19 ) نتائج البادئات في أعطاء البصمة الوراثية المميزة للتراكيب الوراثية من الرز**

| ت | اسم البادئ | التراكيب الوراثية المميزه للبصمة الوراثية | عدد الاليلات النادرة |
|---|---|---|---|
| 1 | RM171 | عنبر بغداد ،عنبر مناذرة ، برنامج 4 Neda | 4 |
| 2 | RM216 | Khazar ، عنبر 33 | 2 |
| 3 | RM585 | Shiroudi ، سومر | 2 |
| 4 | RM8085 | 0 | 0 |

بينت النتائج جود تباين الى حد كبير ولجميع مؤشرات SSR في محتوى التعدد الشكلي (PIC) والذي يمثل انعكاس للتنوع الاليلي والتكرار الاليلي بين التراكيب الوراثية ، اذ تتراوح قيمته عادة بين الصفر والواحد وعندما تكون أعلى من (0.5) فتعد مفيدة جدا في دراسات التنوع الوراثي، أما إذ اقتربت من الصفر فيدل ذلك عن عدم كفاءة هذا البادئ في دراسات التنوع ( Chemutai وآخرون ، 2016 ) .

في الدراسة الحالية تراوحت قيمته بين 0.5198–0.8006 وسجل البادئ RM171 أعلى قيمة لمحتوى التعدد الشكلي، أما أقل قيمة فسجله البادئ RM216 وتتفق هذه النتيجة مع نتائج Pal واخرون (2004) و Grishma واخرون (2012).

أما قيم التنوع الوراثي فتراوحت بين 0.5711–0.8244 اذ سجل البادئ RM171 أعلى قيمة للتنوع الوراثي ، أما أقل تنوع وراثي فسجله البادئ RM216 ، جدول (20) . وإن سبب

انخفاض قيم التنوع الوراثي ربما يعود الى تشارك التراكيب الوراثية في المخزون او مايعرف بالفيض الجيني وهو عكس ما يحصل في برامج التحسين الوراثي والتي يتم فيها ادخال جينات جديدة الى التراكيب الوراثية. وتتفق هذه النتيجة مع نتائج Sadia واخرون (2012) .

نلاحظ من جدول (20) وجود علاقة طردية بين عدد الاليلات لكل بادئ ومعامل التنوع الوراثي ومحتوى التعدد الشكلي وإن القيم العالية لمحتوى التعدد الشكلي و التنوع الوراثي والتباين في عدد الحزم الناتجة وعدد الاليلات تعزى الى الاختلاف بالتسلسلات النيوكليوتيدية في المادة الوراثية للنبات وقد يكون بسبب ادخال زوج من النيوكليوتيدات او استبدالها او حذفها بسبب حدوث طفرة معينة (Mujaju وآخرون، 2013) .

فيما يخص الكفاءة النسبية للبادئات فقد حقق البادئان RM8085 ,RM216 أقل كفاءة نسبية بلغت 46.15 و45.45% على التوالي. أما أعلى كفاءة فبلغت 54.54 و 53.84 % سجلها كل من البادئان RM585 وRM171 .

من النتائج المهمة في هذه الدراسة التي تم التوصل اليها هو عدم وجود قيمة لمتباينة Heterozygote الزيجة وهو مؤشر خاص بالبادئ RM8085 و كذلك غياب الحزم المتغايرة والسبب يعود لعدم وجود المواقع المكملة لتسلسلات ذلك البادئ ضمن مجين التركيب الوراثي او قد يكون بسبب حدوث طفرة في الموقع مما يؤدي الى فقدان وظيفة الجين الطبيعية او حدوث الطفرة في مناطق بناء Binding Regions للبادئ إذ تثبط درجة التحام البادئ Pirmer Annealing وهذه النتيجة تتفق مع نتائج Chemutai وآخرون (2016).

أحرز البادئ RM171 أعلى قيم لمتباينة الزيجة وبلغت 0.4000 . وتعد متباينة الزيجة Heterozygot مقياساً واسع النطاق في دراسات التنوع الوراثي ، وأحد المقاييس الجيدة في تحديد البعد الوراثي وموقع التعدد الشكلي.

يلاحظ من ذلك كفاءة تقانة ال PCR-SSR في التمييز بين التراكيب الوراثية والتي لا يمكن التمييز بينها على المستوى المظهري ، إذ أظهرت النتائج بشكل عام وجود كمية عالية من الاختلافات الوراثية مما يؤكد فعالية هذة التقنية حتى عند وجود درجات منخفضة من الاختلافات الوراثية بين التراكيب الوراثية ، فهي قادرة على تحديد هوية تلك التراكيب الوراثية والتي تختلف عن بعضها البعض بحزمة واحدة على الاقل مما يساعد في الكشف عن العلاقة الوراثية بين هذه التراكيب الوراثية. قد يعزى الاختلاف بين التراكيب الوراثية الى اختلاف القاعدة الوراثية. علاوة على هذا يمكن انَّ يعطي أعدادَ الاليلات وقيم التنوع الوراثي فكرة عن القاعدة الوراثية الواسعة بين التراكيب الوراثية من الرز.

إنّ قدرة مؤشرات SSR في إعطاء عدد ممكن من الاليلات لكل موقع يساعد في معرفة التعدد الشكلي Polymorphism والتي تعد من الامور المهمة لمربي النبات وتتفق هذه النتيجة مع نتائج كل من Emanuelli وآخرون (2013) و Sohrabi واخرون (2012) و Das وآخرون (2013).

## 4-6-3-البعد الوراثي وشجرة العلاقة الوراثية :

تم تحديد العلاقة الوراثية بين التراكيب الوراثية باستعمال البعد الوراثي وان الاختلاف بين تركيبين يمكن أن يقدم تقديراً جيداً عن التباين الوراثي .

ان العلاقة الوراثية بين التراكيب الوراثية وضعت من قبل Nei (1972) واستعملت من قبل Yu وآخرون (2012) .

أوضحت النتائج في جدول ( 21 ) إن أقل بعد وراثي بلغ 0.13279 بين التركيبين الوراثيين Neda و Nemat وهذا يعني وجود تشابه وبنسبة عالية بلغت 86% يرجع السبب كون هذين التركيبين تعود الى أصل واحد هو ايراني، وذلك عند استعمال تقنية ال SSR وتتفق هذه النتيجة مع دراسة Hashemi وآخرون (2009).

إن التقارب الوراثي هذا يمكننا من المفاضلة بينهم عند الزراعة بالمقارنة مع صفاتهم الاخرى وهذا يعطي للمربي مجالاً أوسع للبحث عما هو أفضل لتكثير التراكيب الوراثية المتباعدة وراثياً ذات الإنتاجية والمواصفات العالية وإستبعاد التراكيب القريبة وراثياً من التراكيب المحلية ، فيما بلغ أعلى بعد وراثي 0.70353 بين التركيبين الوراثيين سومر وعنبر33 وهذا يدل على انخفاض التشابه بينهما لتصل الى نسبة 29% بسبب اختلاف الاصول الوراثية او بسبب برامج التحسين الوراثي التي تجرى على التراكيب الوراثية وبمرور الوقت (Singh ،2011).

تراوحت نسبة البعد الوراثي ولجميع التراكيب الوراثية بين 0.29647− 0.86721 اعتمادا على قيم الابعاد الوراثية والتي تراوحت بين ( 0.13279 − 0.70353 ) والتي تشير الى نسبة التنوع الوراثي الكبير الذي تراوح بين 29 −86 % بسبب ارتفاع قيم البعد بين التراكيب الوراثية ، وهذا يكشف عن تباين وراثي عالٍ بين التراكيب الوراثية مما يجعلها مصادر وراثية مهمة إذ يمكن انتخاب التراكيب التي سجلت أعلى بعد وراثي كأباء في برامج التربية المستقبلية لتحسين تراكيب الرز. تتفق الدراسة مع نتائج Israt وآخرون (2014) و Shahid وآخرون (2013).

أن التراكيب البعيدة وراثياً عن بعضها هي التي تشترك بأقل عدد من الحزم مع بعضها وذلك لوجود اختلاف في تسلسل النيكليوتيدات في المجين لتلك التراكيب الوراثية ( ياسين ،2011 ) او بسبب ارتفاع قيم البعد بين التراكيب الوراثية، وتبرز أهمية إيجاد البعد الوراثي لمربي النبات الذي يبغي الاستفادة من التحليلات الوراثية بين التراكيب الوراثية وعلى مستوى DNA.

على سبيل المثال يتم اختيار أبعد تركيبين وراثيين عن بعضهما وراثياً كآباء لإجراء عمليات التربية للسماح بالحصول على أكبر عدد ممكن من التغايرات Widest possible crosses ،وفي حالات أخرى فقد يرغب المربي إدخال صفة معينة يسيطر عليها جين أو مجموعة من الجينات لتركيب وراثي معين دون تغيير كبير في المادة الوراثية لذلك التركيب الذي يحوي صفات مرغوبة ففي هذه الحالة يتم إختيار اقرب تركيب وراثي يحمل تلك الصفة عن التركيب قيد الدراسة وذلك لأنه من الصعوبة إيجاد البعد الوراثي بين التراكيب الوراثية اعتماداً على الصفات المظهرية ( Smith واخرون ، 1992 و Mor واخرون ، 2008).

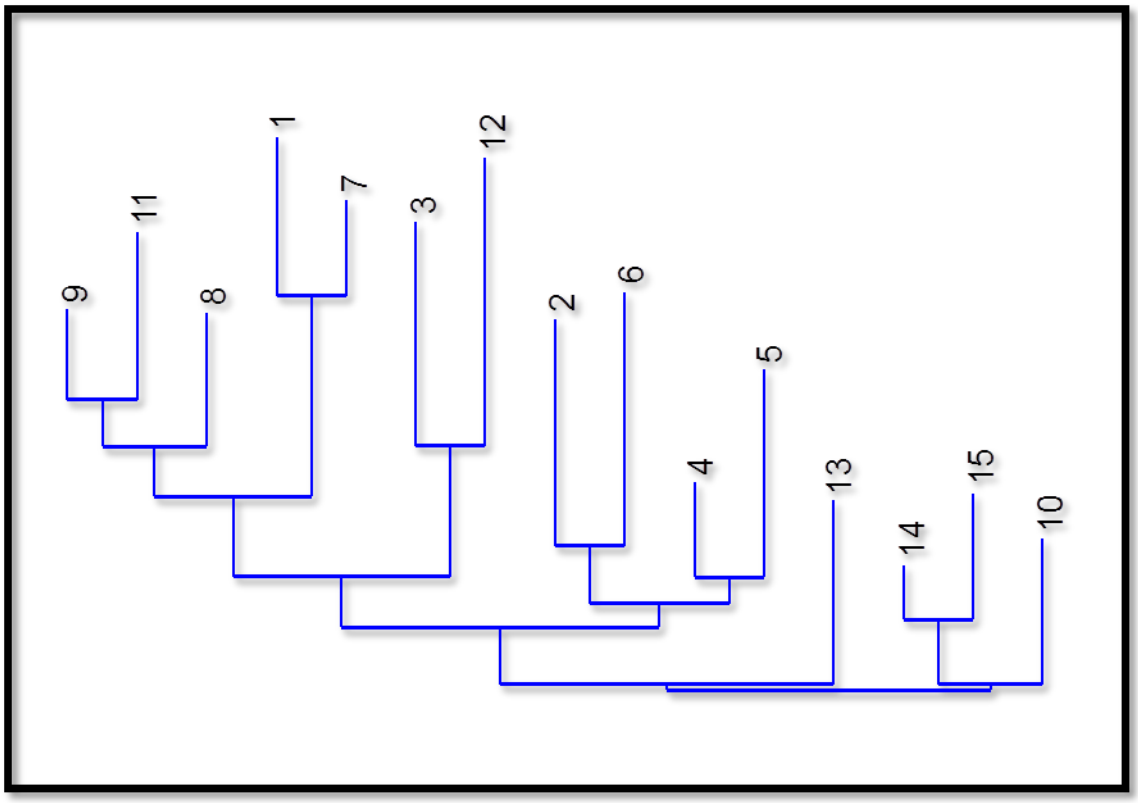
يكشف هذا عن تباين وراثي عالٍ بين التراكيب الوراثية مما يجعلها مصادر وراثية مهمة إذ يمكن انتخاب التراكيب التي سجلت أعلى بعد وراثي كأباء في برامج التربية المستقبلية لتحسين تراكيب الرز، وهذه النتيجة تتفق مع دراسة Israt وآخرون ( 2014) وShahid وآخرون (2013) وSadia وآخرون (2012) الذي يحدد القرب او البعد بين التراكيب الوراثية هو عدد الحزم المشتركة فكلما كثر عدد تلك الحزم قل البعد الوراثي والعكس صحيح اذ يتضح في هذه الدراسة دور استعمال بوادئ مختلفة تستهدف مناطق عدة من المجين وبذلك يظهر الاختلاف إن وجد بين التراكيب الوراثية وحسب تسلسل البادئ ودرجة الاختلاف بين مجينات التراكيب الوراثية المدروسة (ياسين،2011).

## 4-6-3-1-شجرة العلاقة الوراثية : Phylogenetic tree

كشف التحليل التجمعي Cluster analysis لبناء شجرة العلاقة الوراثية Dendrogram في شكل (13) والذي يعتمد على معامل البعد الوراثي والتكرار الاليلي لخمسة عشر تركيباً وراثياً من الرز و باستعمال (4) من مؤشرات ال SSR ان نتائج التحليل قسمت الى مجموعتين وراثيتين رئيستين واحدة كبيرة ضمت 12 تركيباً وراثياً وهي برنامج 4 ، Gohar ، غدير، عنبر33، دجلة، عنبر فرات ، Khazar ، عنبر البركة ، سومر ، عنبر بغداد، عنبر مناذرة ، Shiroudi وأخرى صغيرة ضمت 3 تراكيب وراثية هي Neda و Nemat و Dorfak .

المجموعة الرئيسة الكبيرة بدورها قسمت الى مجموعتين ثانويتين ضمت المجموعة A الأولى 11 تركيبا وراثيا وهي برنامج 4 وGohar وغدير وعنبر33 ودجلة وعنبر فرات و Khazarوعنبر البركة وسومر وعنبر بغداد وعنبر مناذرة ، فيما ضمت المجموعة الثانية B تركيب وراثي واحد وهو Shiroudi>

تشير المسافة بين المجموعة الواحدة مع المجموعات الاخرى الى درجة العلاقة بينهما ، إذ توضع المجموعة القريبة من بعضها في فروع قريبة ضمن المجموعة الواحدة ، وان وجود النسبة العالية من التشابه الوراثي بين التراكيب الوراثية يعود الى اشتراكهم بعدد الاليلات نفسها والتي انحدرت من سلف مشترك ancestor وعلى هذا الأساس تبنى العلاقة الوراثية ( Esselman واخرون ، 2000 و Priyanka واخرون ، 2013 ).




شكل ( 13 ) التحليل التجمعي لشجرة العلاقة الوراثية Neighbor -joining method لخمسة عشر تركيباً وراثياً من الرز باستعمال 4 من بوادئ ال SSR والارقام التالية تمثل التراكيب الوراثية **1**-عنبر 33 **2** -عنبر البركة **3**-عنبر فرات **4**-عنبر بغداد **5**- عنبر مناذرة **6**- سومر **7**-دجلة **8**-غدير **9** –برنامج-4 Dorfak-**10** Gohar-**11** Khazar **-12** Shiroudi-**13** Neda –**14** Nemat– **15**.

عند مراجعة الصفات المظهرية لبعض التراكيب الوراثية وجد بأنهم يشتركون بالعديد من الصفات المظهرية مثلا ارتفاع النبات، المساحة الورقية ومن هذا يستنتج بأن وجود الصفات المظهرية المشتركة تسهم في زيادة نسبة التشابه الوراثي بين العينات المدروسة باستعمال هذه المؤشرات وتتفق هذه النتيجة مع ما وجده Bai واخرون (1997).

أظهرت شجرة العلاقة الوراثية أن بعض التراكيب الوراثية ترتبت ضمن مجموعة واحدة وهذا يعود الى إصولها المشتركة كما في التركيبين الوراثيين Neda و Nemat اللذين يعودان الى

أصول ايرانية ، أن التراكيب الوراثية المنحدرة من أسلاف مختلفة في الموقع نفسه قد يكون بسبب تكيفها وراثياً مع الظروف البيئية السائدة في ذلك الموقع ، لذا فان المادة الوراثية تتشابه بعض الشئ مما أدى الى انعكاسها في عدد الحزم المشتركة بينها، او قد يكون لها قاعدة وراثية مشتركة ومن ثَمَّ يمكن أن تتدفق الجينات بين التوزيع الجغرافي المختلف (محمود ،2012) و (Singh وSengar ،2015).

يعود التمييز بين التراكيب الوراثية من البلدان المختلفة او الاصول المختلفة الى كفاءة مؤشر ال SSR في الكشف عن التنوع الوراثي (Singh ، 2011 ) وقدرتها في بناء شجرة العلاقة الوراثية مما يدل على اهميتها في تحديد القرابة الوراثية بين التراكيب الوراثية من الرز واختيار الاباء الداخلة في برنامج التربية والانتخاب المعتمدة على المؤشرات الوراثية (Marker–assisted selection) وتتفق هذه النتيجة مع نتائج كل من Das وآخرون 2013 و Babu واخرون (2014) وZhang واخرون (2014).

نلاحظ من شكل ( 1 ) عدم تطابق شجرة العلاقة الوراثية المعتمدة على الصفات المظهرية مع شجرة العلاقة الوراثية المعتمدة على المؤشرات الجزيئية PCR-SSR شكل (13) وربما يعود السبب الى ان الصفات المظهرية عرضة للتأثر وبشدة بالظروف البيئية ، لذا لا تعطي إنعكاسا حقيقيا عن التباين والتنوع الوراثي بين التراكيب الوراثية .

ان دراسة التنوع الوراثي المعتمد على المادة الوراثية باستعمال المؤشرات الجزيئية يعطي انعكاساً حقيقياً للتنوع الوراثي بين التراكيب الوراثية بسبب عدم تداخل العوامل البيئية ؛ لذا يستحسن استعمالها في دراسة التنوع الوراثي.

## 4-7-تحديد تسلسل القواعد النيتروجينية لل DNA (DNA sequencing)

استعملت في الدراسة الحالية مؤشرات وراثية لتقييم التنوع الوراثي والتشخيص الجزيئي لتراكيب وراثية من الرز، وكذلك تحديد التماثل بين التراكيب الوراثية الخمسة عشر قيد الدراسه وهي (تسعة محليه وستة مستقدمة من دولة ايران ) اظهرت نتائج استخلاص الحامض النووي (DNA) من التراكيب الوراثية وتعريضه الى تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) إمكانية مضاعفة حزم نواتج الحامض النووي الـ DNA (PCR products) للبادئ المختار وهو مؤشر الرز الوراثي RM171 للكشف عن جينات إعادة الخصوبة Restorer genes في الرز وبالحجم المتوقع ~344 زوج قاعدة نايتروجينية base pairs ( bp ) وباستعمال كلاً من البوادئ الامامية والخلفية Forward and Reverse primers المتخصصة .

تم اجراء تحديد تتابع القواعد النيتروجينيه لنواتج الحامض النووي ( PCR-products) للمنطقة الجينية المستهدفة بعد ارسالها الى شركة Macrogen الكورية ، وبعد ادخال تسلسلات القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف في قاعدة البيانات المتوفرة في المركز الوطني لمعلومات التقنية الحيوية National Center for Biotechnology Information (NCBI) وحللت التتابعات النيوكلوتيدية باستعمال برنامج Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).

أثبتت نتائج تحليل التتابع النيوكليوتيدي بأن التراكيب الوراثية من الرز تعود الى النوع *Oryza sativa*، وأظهرت نتائج تحليل مقارنة تسلسل التتابع النيوكلوتيدي او القواعد النيتروجينية (Nucleotide sequence analysis) لحزمة الحامض النووي المضاعف وجود اختلافات وراثية واضحة في المنطقة الجينية المضاعفة ، وذلك لمعرفة التباين والاختلاف الوراثي

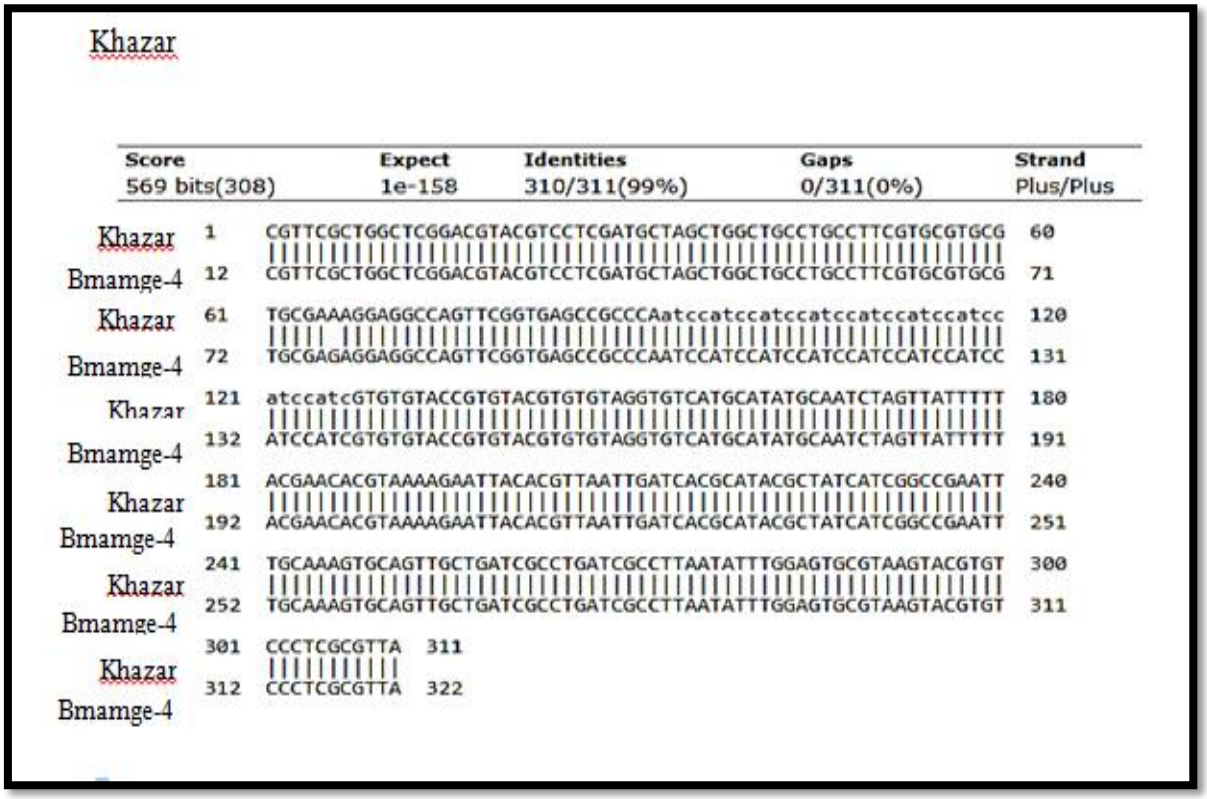
في التسلسلات بين التراكيب الوراثية نفسها وبينها وبين التراكيب الوراثية المسجلة سابقا في المركز الوطني لمعلومات التقنية الحياتية (NCBI) والعائدة لتراكيب الرز الوراثية نفسها والمشخصة عالميا. فضلاً عن معرفة درجة التشابه والاختلاف في تسلسلات القواعد النيتروجينية للحوامض النووية المضاعفة من الحامض النووي للتراكيب الوراثية من الرز.

لوحظ من خلال مقارنة تسلسل القواعد النيتروجينية أنَّ أعلى نسبه تشابه وراثي كانت بين التركيبين الوراثيين عنبر 33 و Gohar وبلغت 99%، في حين كانت أكثرها تباعداً وراثياً التركيبين الوراثيين غدير وعنبر33 والتي أعطت نسبة تشابه بلغت 26% ، جدول (22). فيما تراوحت نسبة التشابه بين التراكيب الوراثية في هذه الدراسة والتراكيب الاخرى فيما بينها بنسبة تشابه تراوحت بين (27–100) % .

جدول (22) معامل التشابة الوراثي للتراكيب الوراثية من الرز باستعمال تحليل التسلسل لناتج تضاعف الحامض النووي للبادئ RM171 لجين إعادة الخصوبة $Rf_4$ ، والارقام تمثل التراكيب الوراثية التالية: وهي 1-عنبر 33 2 -عنبر البركة 3-عنبر فرات 4-عنبر بغداد 5- عنبر مناذرة 6- سومر 7-دجلة 8-غدير9 –برنامج-4 Dorfak-10 Gohar-11 Khazar -12 13- Shiroudi 14– Neda 15– Nemat.

| | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | | | | | | | | 0 | 1 |
| | | | | | | | | | | | | 0 | 30 | 2 |
| | | | | | | | | | | | 0 | 99 | 31 | 3 |
| | | | | | | | | | | 0 | 99 | 98 | 30 | 4 |
| | | | | | | | | | 0 | 99 | 100 | 99 | 31 | 5 |
| | | | | | | | | 0 | 100 | 99 | 100 | 99 | 31 | 6 |
| | | | | | | | 0 | 99 | 99 | 98 | 99 | 100 | 30 | 7 |
| | | | | | | 0 | 98 | 98 | 98 | 97 | 98 | 98 | 29 | 8 |
| | | | | | 0 | 98 | 100 | 99 | 99 | 98 | 99 | 100 | 30 | 9 |
| | | | | 0 | 99 | 98 | 99 | 100 | 100 | 99 | 100 | 99 | 31 | 10 |
| | | | 0 | 28 | 27 | 26 | 27 | 28 | 28 | 27 | 28 | 27 | 99 | 11 |
| | | | 0 | 28 | 100 | 99 | 98 | 99 | 100 | 100 | 99 | 100 | 99 | 31 | 12 |
| | | 0 | 100 | 28 | 100 | 99 | 98 | 99 | 100 | 100 | 99 | 100 | 99 | 31 | 13 |
| | 0 | 99 | 99 | 27 | 99 | 100 | 98 | 100 | 99 | 99 | 98 | 99 | 100 | 30 | 14 |
| 0 | 99 | 100 | 100 | 28 | 100 | 99 | 98 | 99 | 100 | 100 | 99 | 100 | 99 | 31 | 15 |
| 15 | 14 | 13 | 12 | 11 | 10 | 9 | 8 | 7 | 6 | 5 | 4 | 3 | 2 | 1 | |

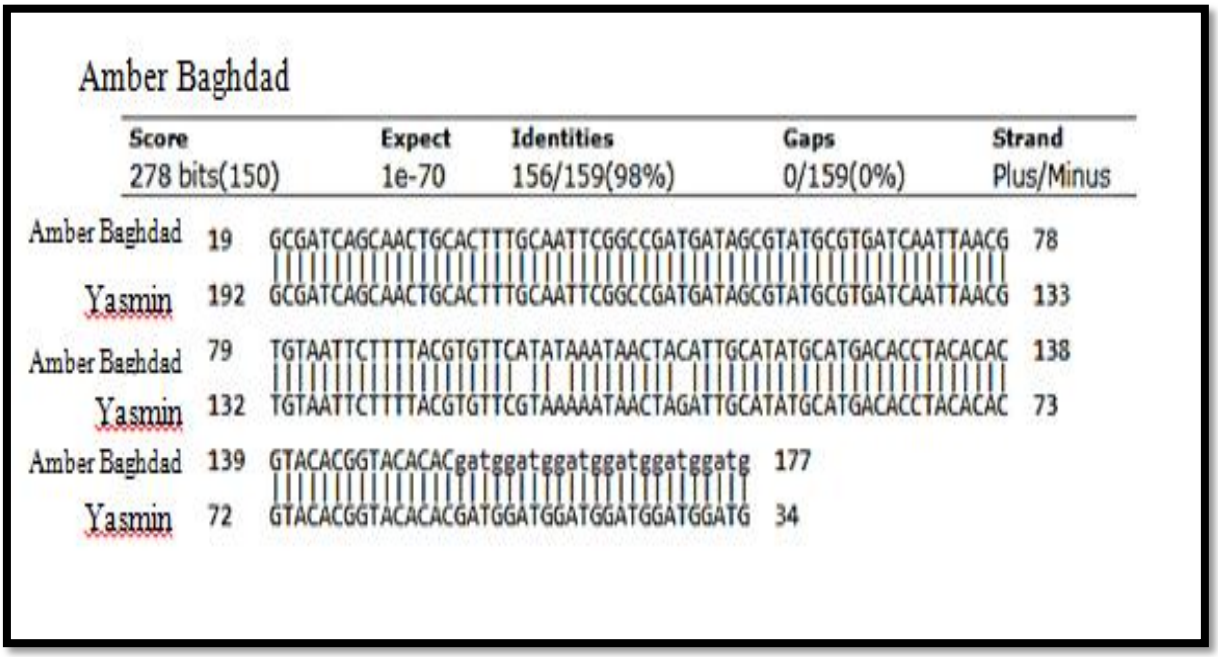
أجريت المحاذاة Alignment بين التسلسلات ولكل تركيب وراثي وذلك للكشف عن العلاقه بين التراكيب الوراثية قيد الدراسة والتراكيب المسجلة في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية ، أظهرت النتائج أنّ أعلى نسبة تشابه كانت بين التركيبين الوراثيين Khazar قيد الدراسة وبرنامج 4 المسجل في NCBI وبنسبة تشابه بلغت (99)% مع اختلاف واحد بين القواعد (G/A) ، شكل ( 14 ).



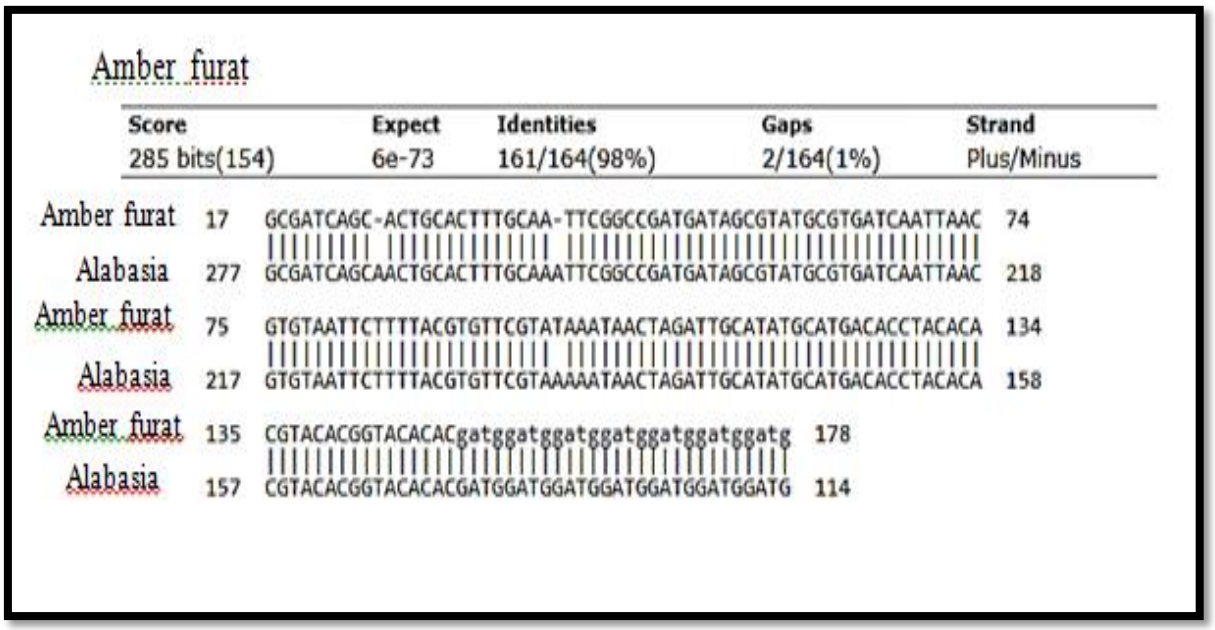

شكل ( 14 ) محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ (RM171) للتركيب الوراثي Khazar قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي برنامج 4 والمسجل في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية (NCBI ).

يليها التركيب الوراثي عنبر بغداد مع الياسمين وبنسبة تطابق بلغت (98) %، مع وجود ثلاثة اختلافات بين (G/A) ، (A/T) و (G/C)، شكل (15). وعند محاذاة التركيب الوراثي

عنبر فرات مع العباسية لوحظ وجود نسبة تشابه بلغت (98)% اذ أن الفرق بينهما (1) % تضمن فجوتين و ثلاثة طفرات انتقالية بين ( T/A ) ، شكل (16) .

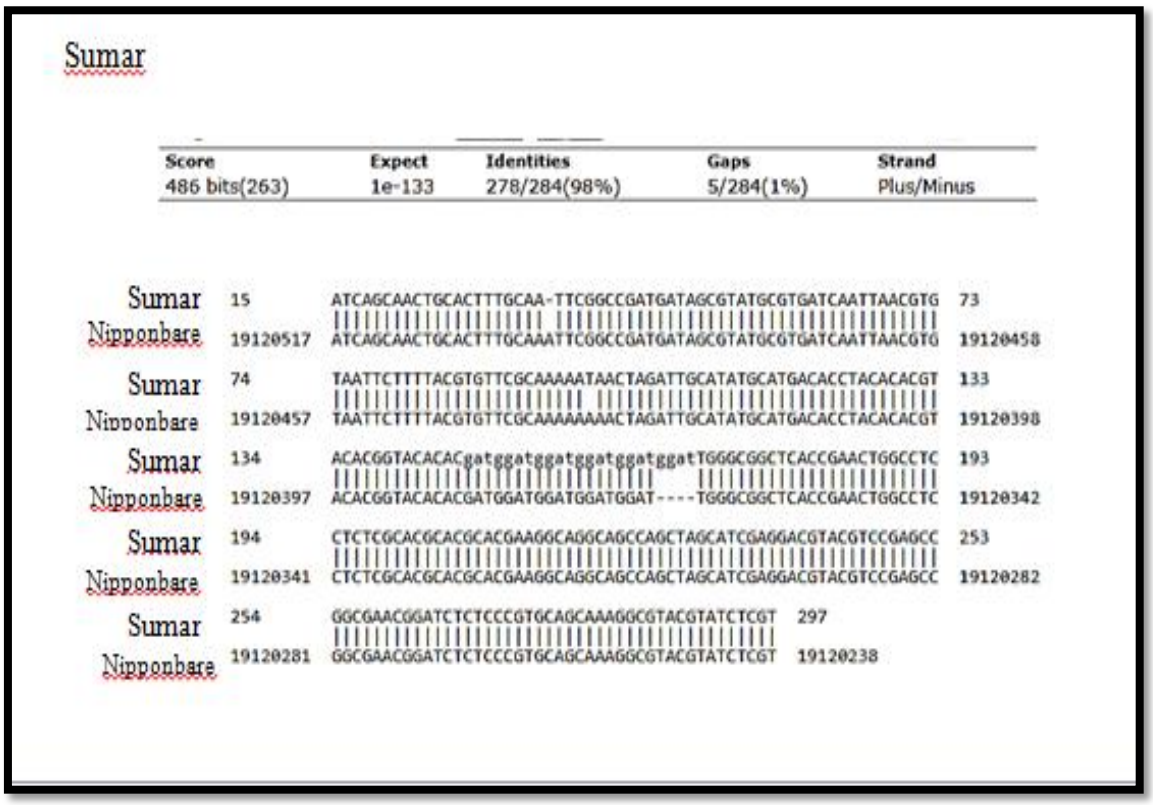



شكل ( 15 ) محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ (RM171) للتركيب الوراثي عنبر بغداد قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي ياسمين والمسجل في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية (NCBI ).



شكل ( 16 ) محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ (RM171) للتركيب الوراثي عنبر فرات قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي العباسية والمسجل في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية (NCBI ).

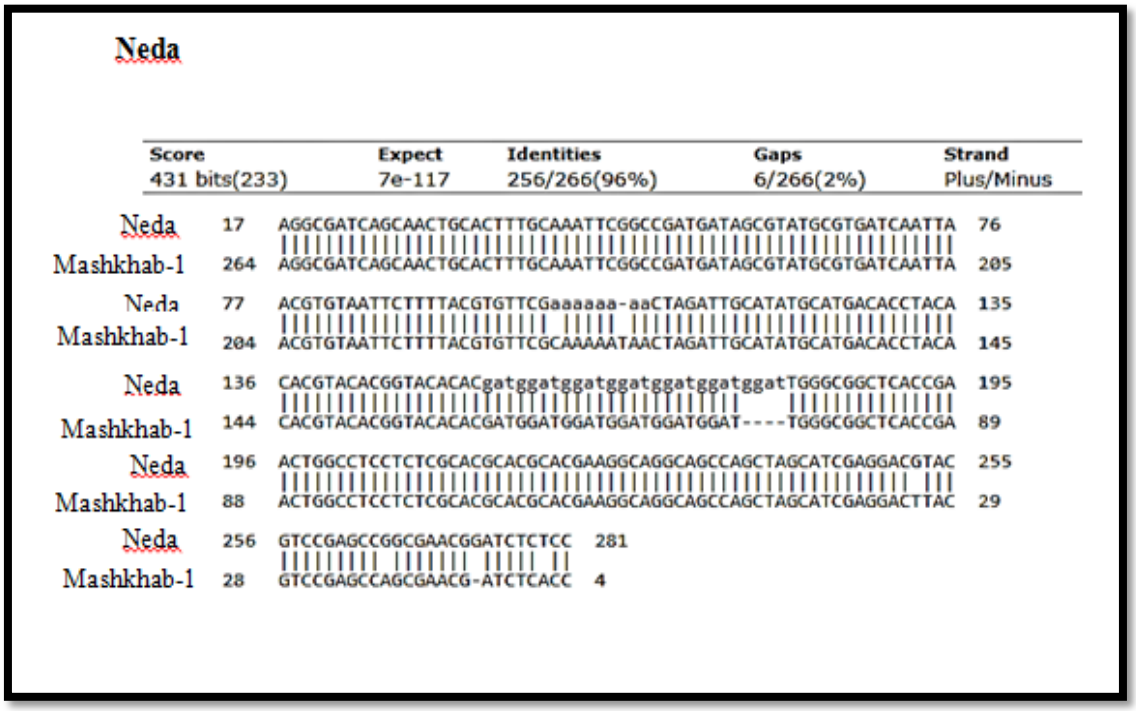
عند محاذاة التركيب الوراثي سومر مع Nipponbare لوحظ كذلك نسبة تشابه بلغت (98) % مع وجود 5 فراغات او مواقع وستة اختلافات او طفرات انتقالية بين ( T/A ) ، شكل (17 ).




شكل ( 17 ) محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ (RM171) للتركيب الوراثي سومر قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي Nipponbare والمسجل في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية (NCBI ).

عند محاذاة التركيب الوراثي Neda مع المشخاب1 لوحظ وجود نسبة تطابق بلغت (96)% ونسبة الفجوات (2)% والذي تضمن (6) فجوات ،اضافه الى وجود الفجوات تم تحديد ثلاثة

طفرات تبادلية هي (A/C ) و ( G/T) و ( G/A) مع طفرة انتقالية واحدة ( T/A )، شكل (18).




شكل ( 18 ) محاذاة تسلسل القواعد النيتروجينية لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئ (RM171) للتركيب الوراثي Neda قيد الدراسة ضد التركيب الوراثي مشخاب- 1 والمسجل في المركز الوطني للمعلوماتية الحياتية (NCBI ).

أسهمت طريقة التشخيص الجزيئي بالاعتماد على الاختلافات الموجودة في تتابع الحامض النووي لمنطقة الـ RM171 (Region Microsatillete) كفاءة عالية في تشخيص التباينات بين التراكيب الوراثية بينها وبين التراكيب المسجلة مسبقا في (NCBI) لنبات الرز.

يستنتج من نتائج هذه الدراسة أنَّ جميع التراكيب الوراثية الخمسة عشر كانت مختلفة وراثياً فيما بينها وكذلك بين البعض منها وبين التراكيب الوراثية الاخرى المسجلة سابقاً في المركز

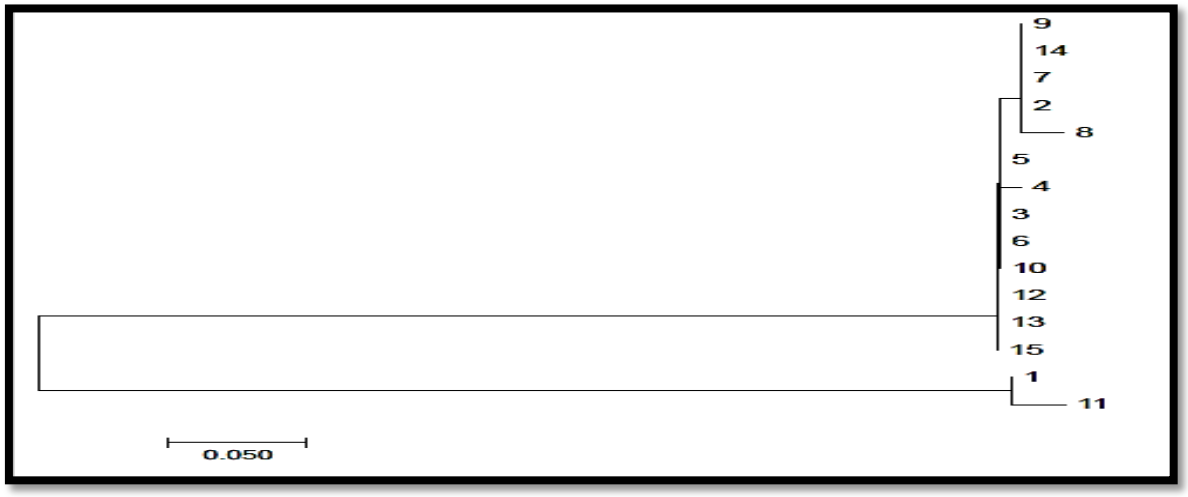
الوطني لمعلومات التقنية الحيوية NCBI ، فيما كانت الأغلبية منها مطابقة ومشابهة تماماً مع التراكيب المسجلة سابقا في المركز أعلاه وبنسبة تطابق 100% ، ملحق جدول (4).

أثبتت نتائج تحديد التسلسل النيوكليوتيدي أن خمسة من التراكيب الوراثية وهي سومر وعنبر فرات وKhazar وNeda وعنبر بغداد جديدة غير معروفة سابقا في العالم، لذا تم تسجيلها في المركز الوطني للمعلومات التقنية الحياتية NCBI وتحت ارقام الادخال Accession number في البنك الجيني GenBank وهي MK419157 ، MK419158 ، MK419159 ، MK419160 وMK419161 على التوالي.

## 4-7-1 تحليل الشجرة التطورية Phylogenetic tree للتراكيب الوراثية للرز :

باستعمال برنامج MEGA 6 وبالاعتماد على ناتج تحديد تسلسل القواعد النتروجينية لل PCR التقليدي لجين RM171 للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة . أثبتت النتائج ان هناك بعض التشابه والاختلاف لاصطفاف القواعد النتروجينية للتراكيب الوراثية قيد الدراسة فيما بينها ، شكل ( 19 ).

أتضح من خلال علاقات النشوء والتطور ان التشابه الوراثي تراوح بين (26-100)% إذ قسمت التراكيب الوراثية الخمسة عشرة من الرز قيد الدراسة الى مجموعتين رئيستين إعتماداً على الأصل الجغرافي والاسلاف المنحدرة منها وصفاتها العطريه ويمكن استعمال النتائج المستحصله من هذه الدراسه في برامج تربية الرز وتحسينه المستقبلية. شكل (20) شجرة التحليل الوراثي.




شكل ( 20 ) شجرة التحليل الوراثي Phylogenetic tree تبين العلاقة الوراثية بين التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة فيما بينها وبطريقة (Neighbor-Joining tree) استنادا لناتج تحديد التسلسل النيوكليوتيدي لناتج الحامض النووي المضاعف للبادئRM171

تم توضيح علاقات البعد الوراثي بين التراكيب الوراثية للرز قيد الدراسة فيما بينها وبين المسجلة عالميا في موقع بنك الجينات Genebank التابع للمركز الوطني لمعلومات التقنية الحياتية NCBI ، تم ايضا رسم شجرة العلاقة الوراثية للتراكيب الوراثة من الرز قيد الدراسة مع العينات القياسية والمسجلة في NCBI، ملحق جدول (5).

إنَّ الغرض من تحديد تسلسل DNA هو تأكيد لنتائج التشخيص الجزيئي للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة بالاضافة الى معرفة مع من يكون تشابهها من بين التراكيب الوراثية العالمية ، والكشف عن وجود طفرات جينية او عدمها، وهذه النتائج تؤكد صحة تشخيص التراكيب الوراثية قيد الدراسة الحالية مع مقارنتها مع تراكيب وراثية قياسية عالمية لمعرفة تسلسل القواعد

النتروجينية لمورثة جين إعادة الخصوبة $RF_4$ والتي تمثل المورثة المرجعية ( Refrence gene) لتشخيص التراكيب الوراثية .

يعد إحداث الطفرات في النبات مصدراً مستمراً للتباين للحصول على سلالات جديدة ، والطفرة تتناول مختلف الصفات المورفولوجية والفسيولوجية والبيوكيميائية للنبات.

الطفرة هي تركيب وراثي جديد قد يميز النبات بصفات اقتصادية مهمة وهذا التركيب الجديد ينتج عن تغير اصطناعي في التركيب الفيزيائي او الكيميائي للنيوكليوتيدات المكونة للجينات اونتيجة لإعادة تركيب الكروموسومات من جديد بعد حدوث كسور او قطع كروموسوميه Fragments.

إنّ التشخيص الدقيق على المستوى الجزيئي المتمثل بمعرفة التشابه ل DNA التراكيب الوراثية له فائدة تشخيصية فضلاً عن إمكانية استعمال بعضٍ من هذه التراكيب الوراثية في التطبيقات العملية أو في استعمالها لدراسات الوراثة الجزيئية ، لاسيما انّه لاتوجد دراسات سابقة حول تحليل تتابع القواعد النتروجينية لهذه التراكيب الوراثية من الرز في العراق ، عدا دراسة ( Al-kazaz ،2014) لعشرة من التراكيب الوراثية للرز .

لقد اصبحت بيانات الدراسة الحالية هي الثانية من نوعها ولكن بصورة تفصيلية أكثر، في تحديد التسلسل النيوكليوتيدي لناتج الحامض النووي المضاعف والخاص بجين اعادة الخصوبة للرز، ومن ثَمَّ امكانية الاستفادة منها كقاعدة بيانات ضمن موقع ال NCBI الخاص ببنك الجينات العالمي في رفد البرنامج الوطني في تربية وتحسين محصول الرز المستقبلية .

# الاستنتاجات والتوصيات

# CONCLUSIONS

# AND

# RECOMMENDATIONS

# الاستنتاجات والتوصيات
# Conclusions and Recommendations

## الاستنتاجات :

1- وجدت تغايرات وراثية بين التراكيب الوراثية المدروسة للرز وذلك من خلال الاختلافات في نتائج الدراسة المظهرية والخلوية والجزيئية ، وظهرت تباينات مظهرية ووراثية ونسب توريث عالية لعدد من صفات النمو الخضري والحاصل ومكوناته ؛ لذا فإن فرص الانتخاب لتحسين هذه الصفات في محصول الرز ستكون أكبر.

2- تميز التركيب الوراثي Gohar بصفة الحاصل العالي وعدد من الصفات الاخرى، ومنها دليل الحصاد ، اذ يمكن إعتماده كدليل إنتخابي وذلك لتحقيقه أعلى ارتباط وراثي ومظهري مع حاصل الحبوب.

3- أكدت الدراسة الخلوية الاستقرار والثبات الوراثي للتراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة وذلك من خلال دراسة الهيئة الكروموسومية والسلوك الكروموسومي.

4- تحديد العلاقة الوراثية بين التراكيب المدروسة استناداً إلى درجة التشابه الوراثي المعتمدة على قيم البعد الوراثي بين تلك التراكيب الوراثية مما يساعد المربي بالاختيار المناسب للآباء بالاعتماد على المؤشرات الوراثية ، مثل مؤشرات (SSR) في تحديد البصمة الوراثية المميزة لأغلب التراكيب الوراثية قيد الدراسة والتي تعد بمثابة الهوية الوراثية (التوثيق الجيني) تستعمل في التشخيص والتوصيف الجزيئي، إذ تمكن البادئ RM171 من إعطاء أعلى بصمة وراثية مميزة لأربعة من التراكيب الوراثية هي عنبر بغداد ، عنبر مناذرة ، برنامج 4 و Neda فيما تباينت البادئات الأخرى في إعطاء البصمة الوراثية.

5- أثبتت نتائج تحليل تسلسل القواعد النايتروجينية لنواتج الحامض النوويPCR products المضاعفة بواسطة تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) ان التراكيب الوراثية من الرز قيد الدراسة هي تعود الى النوع *Oryza sativa* L. ، وكشفت عن وجود بعض الطفرات التي يمكن استعمالها كقاعدة بيانات في برامج تربية الرز المستقبلية و تحسينها.

6- أثبتت نتائج تحديد التسلسل النيوكليوتيدي أن خمسة من التراكيب الوراثية وهي سومر وعنبر فرات وKhazar وNeda وعنبر بغداد جديدة غير معروفة سابقا في العالم، لذا تم تسجيلها في المركز الوطني للمعلومات التقنية الحياتية NCBI وتحت ارقام الادخال Accession number في البنك الجيني GenBank وهي: MK419157 ، MK419158 ، MK419159 ، MK419160 و MK419161 على التوالي.

## التوصيـــــات :

1- تميز التركيب الوراثي Gohar في صفات عديدة ومنها الحاصل العالي للحبوب وعليه نوصي باستعمال هذا التركيب الوراثي في برامج الانتخاب والتهجين لتطوير الصفات التي إمتاز بها في تطوير التراكيب الوراثية الاخرى، كذلك إدخال التراكيب الوراثية المتفوقة والتي إمتازت بصفة الحاصل العالي مثل غدير ودجلة وسومر في تهجينات وإجراء الانتخاب لها في الاجيال اللاحقة وإعتماد دليل الحصاد كمعيار انتخابي لتحسين حاصل حبوب الرز واستنباط أصناف كفوءة.

2- التاكيد على إجراء دراسات الهيئة الكروموسومية والانقسام الاختزالي وبيان سلوك التراكيب الوراثية فيه واستعمالها كدلالات وراثية لتحديد مدى الاستقرار للتراكيب الوراثية المحلية

والمدخلة او الناتجة من عمليات التهجين او التشعيع والتي يمكن استعمالها في تمييز التراكيب الوراثية .

3- استعمال عدد أكبر من بادئات ال SSR للكشف او التفريق بين الأصول المختلفة للتراكيب الوراثية المجهولة ، وزيادة عدد التراكيب الوراثية واستعمال التراكيب الوراثية التي سجلت أعلى بعد وراثي فيما بينها باعتمادها في برامج التربية كإباء أي تفعيل التهجين اعتماد على المؤشرات الوراثية ، لإجراء عمليات التربية الناجحة.

4- إكمال التجارب الحقلية للتراكيب الوراثية التي تحوي على اليلات الجينات مثل إعادة الخصوبة والمتحمله للاجهادات كالجفاف والملوحة لغرض الاستفادة منها في برامج التربية المستقبلية، من خلال إعادة تقييمها حقلياً ولسنوات عدة وتحت ظروف الاجهاد البيئي كالملوحة والجفاف والحصول على الصفات المرغوبة و التي تلائم البيئة العراقية و إطلاقها للزراعة.

5- إكمال إجراء تحليل التتابعات النيوكليوتيدية للجينات الاخرى كالملوحة والجفاف لما لها من أهمية في التأكيد على نتائج التشخيص الجزيئي للتراكيب الوراثية من الرز والكشف عن الطفرات إن وجدت لما لها من أهمية في نقل الصفات المرغوبة في برامج تربية الرز وتحسينه.

# المصادر

# REFERENCE

## المصادر العربية :


-التميمي، نهاية نعمة حسين .(2000). دراسة السلوك الكروموسومي في الخلايا المولدة لحبوب اللقاح في بعض اصناف الحنطة .رسالة ماجستير. كلية العلوم.الجامعة المستنصرية.

- الجبوري، فليح عبد جابر و خضر عباس حميد و عايد كاظم مسير. (2015 ). تقييم أستعمال الاسمدة العضوية السائلة في تسميد محصول الرز. مجلة القادسية للعلوم الزراعية، 1(5):64-77.

- الجهاز المركزي للاحصاء. (2017) .تقرير انتاج الشلب وزهرة الشمس لسنة 2016 . مديرية الإحصاء الزراعي وتكنولوجيا المعلومات. المجموعة الإحصائية السنوية (2012-2017) / وزارة التخطيط ، بغداد. 12ص.

-الطاهر، فيصل محبس مدلول. (2013) . تأثير موعد الزراعة في نمو وحاصل تراكيب وراثية من الرز . مجلة القادسية للعلوم الزراعية . العدد (1) . مجلد (3) : 12 – 23 .

-الطائي ، حلمي حامد.( 1979). تأثير عمر الشتلات والتنافس بين النباتات في السطر على الحاصل ومكوناته للرز صنف عنبر33. رسالة ماجستير . كلية الزراعة. جامعة بغداد

-الطائي، علي عباس خريبط .(2000). تأثير مواعيد الحصاد في حاصل ونوعية بعض اصناف الرز. رسالة ماجستير. جامعة بغداد.

-العذاري ، عدنان حسن . (1992) . تربية المحاصيل الحقلية . دار الكتب للطباعة والنشر ، جامعة الموصل ع ص 504 .

-العتابي ، صباح درع. (2003) . تأثير البوتاسيوم والنايتروجين في نمو وحاصل صنفيين عطريين من الرز. رسالة ماجستير. كلية الزراعة. جامعة الانبار.

-العتابي ، صباح درع عبد. (2008). الثبات المظهري لعدة اصناف من الرز. اطروحة دكتوراه. كلية الزراعة. جامعة بغداد.

-العناوي ، اياد وعد عباس. (2015). الاحتياجات الحرارية لبعض أصناف الرز بتأثير موعد الزراعة . رسالة ماجستير . كلية الزراعة . جامعة القاسم الخضراء.

-العيساوي، سعد فليح حسن.( 1998). تأثير كميات البذار في بعض صفات النمو والحاصل ومكوناته لتسعة تراكيب وراثية من الرز. رسالة ماجستير. كلية الزراعة. جامعة بغداد.

-العيساوي، سعد فليح حسن. (2004). تقدير بعض المعلمات الوراثية وتحليل معامل المسار في الرز . اطروحة دكتوراه. كلية الزراعة. جامعة بغداد.

-العيسى ، نغم عيسى عبودي.(2001). دراسة السلوك الكروموسومي في نباتات الحنطة رباعية المجموعة الكروموسوميه ذات كروموسومات اضافية. رسالة ماجستير .كلية التربية للبنات . جامعة بغداد.

-الغامدي ، صالح ؛ الطاهر ، عثمان أحمد والحسين ، جعفر محمد (1994 ).مدخل علم الوراثة . دار المريخ للنشر ، السعودية , 303 صفحة.

-المالكي، رياض جبار منصور .(2013) . تأثير مواعيد الزراعة في سلوك صفات أصناف من الرز مجلة القادسية للعلوم الزراعية . العدد (1) . مجلد (3) : 24 – 35 .

-المختار ، كواكب عبد القادر ؛ العطار، عدنان عبد الامير والعلاف، سهيلة محمود.(1982). التحضيرات المجهرية.الطبعة الاولى .الدار الوطنية للطباعة والنشر 352 صفحة.

- المشهداني ، احمد شهاب. (2003). تأثير طريقة الري والتسميد النايتروجيني في نمو وحاصل الرز. رسالة ماجستير. كلية الزراعة. جامعة بغداد

-المشهداني، أحمد شهاب أحمد.( 2010). تأثير عمر الشتلات ومسافة الشتال في نمو وحاصل بعض اصناف الرز .أطروحة دكتوراه . كلية الزراعة . جامعة بغداد .

-اليونس، عبد الحميد احمد. (1993). انتاج وتحسين المحاصيل الحقلية. وزارة التعليم العالي والبحث العلمي، جامعة بغداد.

-اليونس، عبد الحميد احمد؛ محمد، محفوظ عبد القادر والياس، زكي عبد. (1987). محاصيل الحبوب. جامعة الموصل ص: 160-170.

-الكاتب ، يوسف منصور . (2000) .تصنيف النباتات البذرية . دار الكتب للطباعة والنشر ،جامعة الموصل ،الطبعة الثانية ع.ص.584.

- داؤد ،خالد محمود ، صدام حسين عباس ، فليح عبد جابر و خضر عباس حميد. (2010). دراسة معلمات الاستقرارية لصفات الحاصل ومكوناته في اصناف من الرز . مجلة جامعة كركوك - الدراسات العلمية . المجلد( 6 ) العدد (1) .

-حسن، سعد فليح .(2011). الرز زراعته وإنتاجه في العراق . نشرة ارشادية . الهيأة العامة للإرشاد والتعاون الزراعي . وزارة الزراعة. بغداد .

-حسن ،أحمد عبد المنعم .(2005). تحسين الصفات الكمية .الدار العربية للنشر والتوزيع . القاهرة.مصر ع.ص 251 .

-حميد، خضر عباس، فليح عبد جابر و رزاق لفتة اعطية. 2014. استجابة صنفين من الرز لرش أربع مواد عضوية نباتية سائلة. مجلة جامعة كربلاء العلمية، 12(1): 308-318.

-عطية ، حاتم جبار وكريمة محمد وهيب. (1989). فهم انتاج المحاصيل. الجزء الاول. دار الحكمة للطباعة والنشر. وزارة التعليم العالي والبحث العلمي . جامعة بغداد، مترجم .

-عيسى، طالب احمد. (1990). فسيولوجيا نباتات المحاصيل. مطبعة الموصل (مترجم).

-ستانسفيلد، وليم .(1969) الوراثة. ترجمة : عبد السلام علي زين العابدين وعبد التواب فتحي . دار ماكجروهبل للنشر ، نيويورك, 395 صفحة.

-كشكول، حيدر رزاق . (2014) . تأثير فترات الري وعمر الشتلات في نمو وحاصل صنفين من الرز . رسالة ماجستير . كلية الزراعة . جامعة بابل .

- كاظم ، عبد الكريم ، شذى يوسف ، فليح جابر ، جساب عليوي و حسين كاظم. (2008). تاثير معاملات الري على نمو وحاصل صنفي الرز عنبر بغداد وعنبر مناذرة. دراسات، العلوم الزراعية، المجلّد ،35 العدد (3):97 -102.

- محمود، لقاء حسين (2012). تحديد العلاقة الوراثية لعشرة اصناف من الزيتون ( *Olea europaea* L.). رسالة ماجستير، معهد الهندسة الوراثية والتكنولوجيا الحيوية للدراسات العليا، جامعة بغداد.

- مسير، عايد كاظم . (2014) . تأثير مستوى المادة العضوية في نمو وحاصل صنفين من الرز عنبر33 و ياسمين . مجلة القادسية للعلوم الزراعية . العدد (2) . مجلد (4) : 116 – 125 .

-مهدي ، علي سليم وشاهر فدعوس نويهي ومحمد حسن كاظم ومضر محمد علي (2001). تقويم اصناف رز ناتجة من التهجين بين العنبر المحلي وصنفين مدخلين . مجلة الزراعة العراقية .6 (1): 36-44.

-ياسين، معن حسن صالح. (2011). تحديد التباين الوراثي لعدد من اصناف نخيل التمر في العراق باستخدام مؤشرات RAPD وISSR . رسالة ماجستير/ كلية العلوم-جامعة تكريت.

**المصـــادر الأجـنـبـيـــــة :**

-Abarshahr, M., B. Rabiei, H. S. Lahigi.(2011). Genetic Variability, Correlation and Path Analysis in Rice under Optimum and Stress Irrigation Regimes. Notulae Scientia Biologicae; 3(4):134-142.

-Abou-Khadrah, S.H., M.I. Abo-Youssef , E. M Hafe and A. A. Rehan. (2014). Effect of planting methods and sowing dates on yield and yield attributes of rice varieties under D.U.S. experiment. Scientia. Agriculturae. 8 (3) : 133-139.

-Abou-khalifa, A.A.B., A.N. Misra and A.K.M. Salem. (2008). Effect of leaf cutting on physiological traits and yield of two rice cultivars . African Journal of Plant Science . 2 (12) : 147-150.

-Abou khalifa, A.A.B.( 2009). Physiological evaluation of some hybrid rice varieties under different sowing dates. Australian Journal of Crop Science. 3(3):178-183.

-Abou-Khalif, A.A.B.( 2009). Evaluation of some hybrid rice varieties under different sowing times. African Journal of Plant Science. 3 (4): pp. 053-058.

-Abou Khalifa, A.A.A and I. M. El-Rewainy. (2012). Study some physiological characters, yield and yield component for five new rice varieties under different sowing dates. Advances in Applied Science Research, 3 (1):440-445.

-Abou Khalifa, A.A., W. ELkhoby and E.M. Okasha. (2014). Effect of sowing dates and seed rates on some rice cultivars African Journal of Agricultural Research. 9(2); 196-201.

-Adams, M.W. (1967). Basis of yield components compensation in crop plant with special reference to the field bean , *Phaseols vulgaris* L. Crop Sci. 7: 505-510.

-Adams, M.W and Grafius, J.E. (1971). Yield components compensation: alternative interpretation. Crop Science. 11: 33-35.

-Aditya , J. P . and A. Bhartiya .(2013). Genetic variability, correlation and path analysis for quantitative characters in rainfed upland rice of uttarakhand hills. Journal of Rice Research; 6( 2): 24-34.

-Ahasanu, H.; Shamsun, N. B. and Lutful, K. .(2014).Genetic diversity assessment of rice (*Oryza Sativa L*) germplasm using SSR markers. J. Res. Agric.. 1,( 1): 37-46.

-Ahmadikah, A. (2010). Study on selection effect, genetic advance and genetic parameters in rice. Annals of Biological research, 1(4): 45-51.

-Ahmadikhah A, Karlov GI, Nematzadeh GH, GhasemiBezdi K.(2007). Inheritance of thefertility restoration and genotyping of rice lines at the restoring fertility (Rf) loci using molecular markers. Int J Plant Prod 1(1):13–21.

-Akinwale, A.G., Gregorio, G., Nwilene, F., Akinyele, B.O., Ogunbayo S.A. and Odiyi, A.C. (2011). Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (Oryza sativa L.). African Journal of Plant Science. 5: 207-212.

-Akhtar, N., Nazir, M.F., Rabnawaz, A., Mahmood, T., Safdar, M.E., Asif, M and Rehman, A. (2011). Estimation of heritability, correlation and path coefficient analysis in fine grain rice. The Journal of Animal and Plant Sciences 21 (4): 660-664.

-Akram, H.M., A. Ali, M.A. Nadeem and M.S.Iqbal. (2007). Yield and yield components of rice varieties as affected by transplanting date. J. Agric. Res. 45(2), : 105-111.

-Al-Bermani, A. K. (1991). Taxonomical, Cytogenetic and Breeding Relationships of *Festuca rubra sensu lato*. Ph.D. Thesis. Univ. of Leicester, England .

.

- Ali, A.; Aziz, M.; Hassan, S.; Asif, M.; Ahmad, S.; Mubeen, M. and Yasin, M.(2013). Growth and yield performance of spring sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrid under semi-arid conditions of Sargodha, Pakistan.Sci.Int.,(Lahore).25(2):341-344.

-Ali, M. A., Islam, M. S., Mandal, S. K., Zulia, Nasrin, Rahman, M. M., Kuddus, R. H. and Prodhan, S. H., (2014). Genetic diversity

among salt-tolerant rice (*Oryza sativa* L.) landraces cultivated in the coastal districts of Bangladesh. J. BioSci. Biotech., 3 (1): 15-22.

-Alice Xalxo, Prabha R. Chaudhari, Deepak Sharma, Ritu R. Saxena, Satyapal Singh and Aashish Tiwari.( 2017). Identification of Rice Hybrids and Restorer Line Using Microsatellite Markers. Int.J.Curr. Microbiol .App.Sci 6(11): 3405-3411.

-Al-Kazaz, A.A. (2014). Sequence Variation and Phylogenetic Relationships Among Ten Iraqi Rice Varieties Using RM171 Marker. Iraqi Journal of Science, 55(1): 145-150.

-Allard, R. W. (1960). Principles of plant breeding. John Wiley and Sons. Inc. New York. London pp: 485.

-Al-Sudani, M. A. (2002). Study of Morphological, Chromosomal Behavior and Protain Analysis of Hybrids Between Wheat (*Triticum aestivum* L.) and Triticale (X. Triticosecale Wittmack). Ph.D. Thesis. Univ. of Mustansiriya. (in Arabic).

-Alvarez, R. C. F., Crusciol, C. A. C., & Nascente, A. S. (2012). Growth analysis and yield of traditional, intermediate and modern upland rice cultivars. Pesquisa Agropecuária Tropical, 42, 397-406. http://dx.doi.org/10.1590/S1983-40632012000400008.

-Amin , A .K. M and M. A. Haque. (2009). Seedling age Influence in Rice (*Oryza sativa* L.) performance. Philippine Journal of Science 138(2) : 219-22.

-Anandan, A. ; Anumalla, M. ; Pradhan, S.K. and Ali, J. (2016). Population Structure, Diversity and Trait Association Analysis in Rice (*Oryza sativa L.*) Germplasm for Early Seedling Vigor (ESV).Using Trait Linked SSR Markers. j. PLoS ONE 11(3):1-22.

-Anis,G,A.El-Sabagh,A.Ghareb and I.ElRewiny.(2016).Evaluation of promising lines in rice (*Oryza sativa* L.) to agronomic and genetic performance under Egyptian conditions.International Journal of Agronomy and Agricultural Research (IJAAR),8(3):52-

57.

-Anonymous, (2016). World Agricultural Production. United States Department of Agriculture (USDA). Foreign Agricultural Circular Series, WAP 7-16 July 2016.

- Anonymous, (2017). World Agricultural Production USDA, AS, Circular Series WAP 06-17, June.

-Ansari, M. R., Shaheen, T., Bukhari S. A. and Husnain, T., (2015). Genetic improvement of rice for biotic and abiotic stress tolerance. Turk. J. Bot., 39: 911-919.

- Araullo, E. V., Depadua, and M. C. Graham. (1976). Rice post harvest Technology soil and plant physiology, 26: 253- 257.

-Ashfaq M, Khan AS, Khan SHU, Ahmad R . (2012). Association of various morphological traits with yield and genetic divergence in Rice (*Oryza sativa* L.). Int. J. Agric. Biol. (14):55–62.

-Ata-Ul-Karim S T, Zhu Y, Yao X, Cao W X. (2014). Determination of critical nitrogen dilution curve based on leaf area index in rice. *Field Crops Research*, **167**, 76–85

-Babaei, A., Nematzadeh, G.A. and Hashemi, H.( 2011). An evaluation of genetic differentiation in rice mutants using semi-random markers and morphological characteristics. Aust J Crop Sci, 5: 1715-1722.

-Babu, V.R., Shreya, K., Dangi, K.S., Usharani, G. and Shankar, A.S. (2012). Correlation and path analysis studies in popular rice hybrids of India. Int. J. of Scientific and Rese. Publications. 2(3): 1-5.

-Babu, N. N. ; Vinod, K. K. ; Krishnan, S. G.; Bhowmick, P. K.; Vanaja, T.; Krishnamurthy, S. L.; Nagarajan, M. ; Singh, N. K. ; Prabhu, K.V.; Singh, A. K.( 2014). Marker based haplotype diversity of Saltol QTL in relation to seedling stage salinity tolerance in selected genotypes of rice. Ind J. Genet Plant Breeding, 74(1): 16–25.

-Badr, A. ; Ghareeb, A. and El- Din, H. M. (1992). Cytotoxicity of some pesticides in mitotic cells of *Vicia faba* roots. Egypt. J. Applied Sci. 7: 457- 468.

-Bai, D.; Brandle, J. and Reeleder, R. (1997). Genetic diversity in North American ginseng (*Panax quinquefolius* L.) grown in Ontario by RAPD analysis. Genome. 40: 111-115.

-Balan, A., A.R. Muthial and S.N. Boopathi. (2000). Genetic variability, correlation and path coefficient analysis in upland early rice genotypes. Madras Agricultural Journal 86(1): 7-9.

-Bargaz, A.; Zaman, A. M. ; Farissi, M.; Lazali, M.; Drevon, J.J.; Maougal, R.T.and Georg, C. (2015). Physiological and molecular aspects of tolerance to environmental constraints in grain and forage legumes. Int. J. Mol. Sci. 16:18976-19008.

-Becker, W.M.; Klem smith, L.J & Hardin, J. (2003). The world of the Cell 5th Edition. Benjamin Cummings Publishing Compay, Inc. New York, pp.802.

-Berilus S. R.; Pattanayak, A. and Ram, G.( 2013). Analysis of Genetic Variability in Rice Cultivars of Arunachal Pradesh (India) Using Microsatellite Marker, African J. Biotechnology,. 12, ( 8), 798- 810.

-Birhane, A. (2013). Effect Of Planting Methods On Yield And Yield Components Of Rice (*Oryza Sativa* L.) Varieties In Tahtay Koraro Wereda, Northern Ethiopia .International journal of technology enhancements and emerging engineering research, vol 1, ISSUE 5.

-Bonhomme,R., M. Derieux, G.O. Edmeades. (1994). Flowering of diverse maize cultivars in relation to temperature and photoperiod in multilocation trials. Crop Sci., 34:156-164.

-Brar, D.S and Khush, G.S., (2003). Utilization of wild species of genus *Oryza* in rice improvement. In: Monograph on Genus *Oryza* (J.S. Nanda and S.D. Sharma, eds.), pp. 283-309, Oxford & IBH Publishing Co. Pvt. Ltd., New Delhi

-Chang, T.T. (2003). Origin, domestication and diversification. In C.W.

Smith (Ed.), Rice: Origin, history, technology and production. John Wiley & Sons, Inc.

-Chao, Y., C. Chen, H. Chen, T. Chow, M. Chung, J.S Hsieh and Y.I. Hsing, (2003). Rice structural and functional genome research in ASPGC, academia sinica. J. Genet. Molecul. Bio., 14(4): 201-206.

-Chauhan, L. K. S. ; Saxena, P. N. ; Sundararaman, V. and Gupta, S. K. (1998). Diuron induced cytological and ultrastructure alterations in the root meristem cells of Allium cepa Pesticide Biochem and Physiol.62:152-163.

- Chemutai, L.R. ; Musyoki, M.A. ; Kioko, W.F. ; Mwenda, N.S. ; Muriira, K.G. (2016) .Genetic Diversity Studies on Selected Rice (Oryza sativa L.) Genotypes based on Gel Consistency and Alkali Digestion. J. Rice Res 4 ( 172):1-6.

- Chen, S. F. Zeng, Z. Pao, and G. Zhang. (2008). Characterization of high-yield performance as affected by genotype and environment in rice. Journal of Zhejiang University Science, 9(5): 363-370.

-Cheng, Zhukuan , C. Robin Buell, Rod A. Wing, Minghong Gu and Jiming Jiang. (2001). Toward a Cytological Characterization of the Rice Genome . Cold Spring Harbor Laboratory Press ISSN 1088-9051/01 , 11:2133–2141.

-Choudhury B.I. ; M.L. Khan ; S. Dayanandan .(2014). Rice Science. 21(2): 90-98.

- Cruz, R.P.; S.C.K. Milach and L.C. Federizzi (2008). Inheritance of Panicle Exsertion in Rice. Sci. Agric. (Piracicaba, Braz.), 65(5): 502-507.

-Darlington, C. D. and Mc-Leish , J. (1951). Action of malic hydrazide on the cell . Nature .167: 407-408.

-Darlingtion, C. D. and Wylie, A.P. (1961). Chromosome Atlas of Flowering Plants. London, George Allen and unwin. 4D. 71 – 74.

-Das, B. ; Sengupta, S. ; Parida, S.K . ; Roy, B.; Ghosh, M. ; Prasad, M. (2013). Genetic diversity and population structure of rice

landraces from Eastern and North Eastern States of India. J. BMC Genet.;14(1):71-76.

-Das, G. C., Samanta, S. C., Biswas, P., Saha, N. K. & Bhattacharya, J. (2015). Effects of Sowing Methods on Yield Attributes and Yield of Aus Rice under the Tidal Ecosystem. Journal of Bioscience and Agriculture Research, 04(01):01-09.

-Datta, D., Gupta, S., Chaturvedi, S. K. and Nadarajan, N., (2011). Molecular markers in plant improvement. Indian Institute of Pulses Research. Annual Publication: 1-80.

-David, C. C. and Otsuka, K. (1994). Modern rice technology and income distribution in Asia. Lynne Reinner Publishers, Boulder and London.

-Davis, P. H. and V. H. Heywood. (1973). Principles of Angiosperm Taxonomy. Robert. E. Krieger publishing Company Huntington, New York. 558 pp.

-Donald, C.M.(1962). In search of yield.J.Aust.Inst.Agric.Sci.28:171–178.

-Donald, C.M. and J. Hamblin. (1976). The biological yield and harvest index of cereals as agronomic and plant breeding criteria. Adv. in Agron. 28: 361-405.

-Duan, C. ; Jiang, X. ; Wen, C. and Wang, Y. (1998). Genotoxicity of water samples from Dianchi lake detected by the *Vicia faba* micronucleus test . Environ. and Molecular Mutation. 426(2):121-125.

-Dutta,P.,P.N.Dutta and P.k.Borua.(2013).Morphological traits as selection indices in rice:A statistical view.Universal Journal of Agricultural Research.1(3):83-96.

- Dutta, R.K. M.A. Baset Mia and S. Khanam, (2002). Plant architecture and growth characteristics of fine grain and aromatic rices and their relation with grain yield. IRC Newslett., 51: 51–56.

- El-Hendawy, S.E.; Y. Hu; G.M. Yakout; A.M. Awad; S.E. Hafiz and U. Schmidhalter. (2005). Evaluating salt tolerance of wheat genotypes using multiple parameters. Europ. J. Agron.,

22:243–253.

- Emanuelli F. ; Lorenzi S. ; Grzeskowiak L. ; Catalano V, Stefanini M. ; Troggio, M. ; Myles, S. ; Martinez, J.M. ; Zyprian ,E. ; Moreira, F.M. ; Grando, M.S. (2013). Genetic diversity and population structure assessed by SSR and SNP markers in a large germplasm collection of grape. J. BMC Plant Biology 13:39.

- Esselman, E. J.; Crawford, D. J.; Brauner, S.; Stuessy, T. F.; Anderson, G. J. and Mario Silva, O. (2000). RAPD markers diversity within and divergence among species of Dendroseris (Asteraceae: Lactuceae). Am. J. Bot. 87 (3): 591-609.

- Fadoul, H. E.; El Siddig, M. A.; and El Hussein, AA.(2013).Assessment of genetic diversity among Sudanese wheat cultivars usingRAPD markers. Int J Curr Sci. 6:51-57.

- Fagade,S.O. and S.K.DeDatta. (1971). Leaf area index, tellering capacity and grain yield of tropical rice as affected by plant density and nitrogen level . Agron. J.,63:503-506.

- Fageria , N.K., V.C.Baligar and C.A.Jones. (1997). Growth and Mineral Nutrition of Field Crops. Marcel Dekker, Inc.

-Faghani, R., H.R. Mobasser, A.A. Dehpor and S.T. Kochaksarai (2011). The effect of planting date and seedling age on yield and yield components of rice (*Oryza sativa* L.) varieties in North of Iran. African Journal of Agricultural Research. 6 (11): 2571-2575.

-Falconer, D. S. (1981). Introduction to quantitative genetics, Longman Group, Limited, London.

-Falconer , D.C. and T. F.C. Mackay . (1996) . Introduction to Quantitative Genetic 4th ed . John Wiley and Sons . New York .

-Fatherlrahman,S.A.,A.Alsadiq and Y.I.Dagash.(2015).Genetic variability in rice genotypes (*Oryza sativa* L.) in yield and yield components under semi-arid zone (Sudan).Journal of Forest Production & Industries.4(2):21-32.

-Fischer, K.S. (1996). Research approaches for variable rainfed systems- Thinking globally, acting locally. In : Plant Adaptation and Crop Improvement (eds. M. Copper and G.L. Hammer).

-Ford, M.D., Delaney, K.A. and Ling, L.J. (2002).Clinical Toxicology. Saunders Company, Philadelphia : 455-456.

-Freshtch, M., M. Esmail, H.Pirdashti and A. Fallah. (2004). study on the physiological and morphological indices among the modern an old rice genotypes. Iran Rice Res . Inst. Amol. Iran.

-Ganesan, K.N. (2000). Characters association in rice hybrids involving CMS Lines. J. Ecobiol. 12(2): 153-16.

-Ganie SH., Upadhyay P, Das S, Sharma, MP., (2015). Authentication of medicinal plants by DNA markers. Plant Gene 4:83-99.

-Garris, A.J.; Tai, T.H.; Coburn, J.R.; Kresovich, S. and McCouch, S.R.(2005). Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. Genetics, March. 169 (3) : 1631-1638.

-Gautam, R.C. and K.C. Sharma . (1987). Dry matter accumulation Under different planting schemes and plant densities of rice . Indian J.Agric. Res.21 (2) : 101-109.

-Goff, S.A. (1999). Rice as a model for cereal genomics. Curr. Opin. Plant Biol. 2: 86-89.

-Golaszewska,K.;Upadhyaya,M.K.and Golaszew,K.J.(2003).The effect of UVB-radiation on plant growth and development .J. Plant Environ. , 49(3):135-140p.

-Goodenough, Ursula & Levine, Robert Paul. (1974). Genetics, Published by Holt, Rinehart and Winston. New York.

-Goto, H. E. (1982). Studies in biology ( Animal Taxonomy), Published by Eduard Arnold limited, London.

-Graham, J. and McNicol, R. J. (1995). An examination of the ability of RAPD markers to determine the relationships within and between Rubus spp. Theo. Appl. Gene., 90: 1128-1132.

-Grandón, N.; Moreno, M.; Scorcione, M.; Gieco, J.; Alvarez,M D.Paniego, N. and Heinz, R. (2015). Characterization of sunflower inbred lines (Helianthus annuus L.) for high oleic acid content using SSR markers. ISSN On line 1851-4987.

-Grishma Shah., Sasidharan, N., Sudeshna Chakraborty., Ruchi Trivedi., Rallapalli Ravikiran and Deepti Davla (2012).Genetic diversity and molecular analysis for fertility restorer genes in Rice (*Oryza sativa* L.) for wild abortive (WA) cytoplasm using microsatellite markers. Journal of Agricultural Technology 8(1): 261-171.

-Grishnaa, S.;Sasidharan, N., Sudeshna, C.; Ruchi T., Rallapalli R. and Deepti D. (2012).Genetic diversity and molecular analysis for fertility restorer gene in rice (*Oryza sativa* L.) for wild abortive (WA) cytoplasm using microsatellite marker. Journal of Agricultural Technology. 8 (1) : 261-271.

-Grist, D.H. (1975). Rice. Whitstable Litho Ltd , Whitstable. Kent. U. K.

-Guo, X.P., Qin, R.Zh., and Chen, X., (2002). Factors Affecting Production of Autotetraploid Rice, J. Plant Genet. Resour. 3: 30–33.

-Hairmansis A., Kustianto B., Supartopo, Suwarno .(2010). Correlation analysis of agronomic characters and grain yield of rice for tidal swamp areas. Indonessian J Agric Sci. 11(1):11-15.

-Hammer, D., A. Harper, P. Ryan. (2001). PAST: Paleontological Statistics: 1-31.

- Hao, W.and Lin, H.X. (2010). Toward understanding genetic mechanisms of complex traits in rice. J. Genet. Genomics.37(10): 653-66.

-Haque, M. M., and E. Pervin . (2015). Interaction Effect of Different Doses of Guti Urea Hill-1 on Yield and Yield Contributing Characters of Rice Varieties (*Oryza sativa* L.). International Journal of Agriculture, Forestry and Fisheries, 3(2): 37-43.

-Haryanto, T.A.D., Suwarto. and Yoshida, T. (2008). Yield stability of aromatic upland rice with high yielding ability in Indonesia. Plant.Prod. Sci. 11: 96-103

-Hashemi, S.H.; Mirmohammadi-Maibody, S.A.M; Nematzadeh, G.A. and Arzani, (2009). Identification of rice hybir ds using microsatellite and RAPD marker. African Journal of Biotechnology. 8 (10) : 2094-2101.

-Hasanpour, J. ;Arabsalmani, K. , Panahi, M. and Sadeghi Pour Marvi, M.(2012). Effect of inoculation with vamycorrhiza and azotobacter on grain yield,LAI and protein of wheat on drought stress condition. Inter. J. of Agriscience, 2(6): 466-476.

-Hay, R.K.M. (1995). Harvest index: a review of its use in plant breeding and crop physiology. Ann. Appl. Biol., 126 : 197-216.

-Hilu, K. (2004). Phlogenetics and chromosomal evolution in the Poaceae (grasses). Australian J. Bot. 52: 13-22.

-Hiroyuki , S.Y., Ohdaira and J. Takanashi.( 2004). Relationship between dry weight and spikelet number of cach tiller at heading in rice plants . National Agric . Res.Centre. Tsukuba Ibaraki, Japan . 305-316.

-Hossain. M.M., Srikant. Kulkarni, Hegde. Y. R. and Angadi, V.V (2002).Effect ofnitrogen levels on the incidence of blast and yield levels of rice under upland conditions of Karnataka. Plant Pathology Newsletter. 20: 17-19.

-Hossain, M.B., M.O. Islam and M. Hasanuzzaman. (2008). Influence of different nitrogen levels on the performance of four aromatic rice varieties. Int. J. Agric. Biol., 10: 693–696.

- Hossain, S.; M.D. Maksudul Haque and J. Rahman (2015). Genetic Variability Correlation and Path Coefficient Analysis of Morphological Traits in some Extinct Local Aman Rice (*Oryza sativa* L). J. Rice Res., 4:1.

- Idris, A.E. ; Hamza, N. B.; Yagoub, S. O.; Ibrahim , A.I.A. and El-Amin, H. K.A. (2012) .Maize (*Zea mays* L.) Genotypes Diversity Study by Utilization of Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers . Australian Journal of Basic and Applied

Sciences, 6(10): 42-47.

-Iqbal,A.; Sadaqat,H.A.; Khan,A.S. and Amjad,M.(2010). Identification of sunflower (Helianthus annuus, Asteraceae) hybrids using simple-sequence repeat markers.G. M. R. 10 (1): 102-106.

-Irgs. (2005).The map-based sequence of the rice genome . J. Nature. ; 436(7052):793–800

-IRRI. (2007). Article: A Hybrid History, by Adam Baclay. Rice Today, 6 (4) : 22-25.

- Isa, M. D., Sh. Ch. Ghosh, A. AL-Asif, S. M. Ahsan, S. Akram, S. Shahriyar, and A. Ali. (2015). Performances of short growing photo-insensitive rice varieties to evade cyclonie hazard in the coastal region during aman season. Asian J. Med. Biol. Res. 1(2), 304-315.

-Israt, N.; A.K.M. Mohiuddin ; S. Sultana and Jannatu, F. ( 2014). Diversity analysis of indica rice accessions (*Oryza sativa* L.) using morphological and SSR markers . J.Annals Biological Research, , 5 (11):20-31.

-Jackson, M.T. (2000). Managing the worlds largest collection of rice genetic resources. Proceedings of the International symposium on Rice Germplasm Evaluation and Enhancement. Pp. 22-28.

Jain, S., Jain, R.K. and McCouch, S.R. (2004). Genetic analysis of Indian aromatic and qualityrice (*Oryza sativa* L.) germplasm using panels of fluorescently-labeled microsatellite markers. Theoretical and Applied Genetics 109 : 965-977.

-Jamal, I.H.K., A. Bari, S. Khan and I. Zada . (2009). Genetic variation for yield and yield components in rice . ARPN Journal of Agricultural and Biological Science . 4. (6) : 60-64.

-Jayasudha, S., and D. Sharma. (2010). Genetic parameters of variability, correlation and path coefficient for grain yield and physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under shallow lowland situation. Electronic J. Plant Breed., 1(5): 1332-1338.

-Jena KK. (2010). The species of the genus *Oryza* and transfer of useful genes from wild species into cultivated rice, *Oryza sativa*. Breed.Sci. 60: 518-523.

-Jeong,Y. Jeom-Ho Lee, Jeong, E., Hong, H., Paek, J. Lee, K.Yang, S. and Lee, Y. (2005).Inheritance and Relationship of Grain Weight in Rice. *Korean J. Breed*. 37(3):147~151 National Institute of Crop Science, RDA, Suwon 441-100, Korea.

-Jiang, G.Z.,T.Hirasaw and K.Ishiha.(1988). Physiological and ecological characteristics of high yielding varieties in rice .plant 1: Yield and dry matter production . Japan J. Crop Sci.57(1)132-138.(cited from Biological Abstracts. 85(12):16.

-Jing, C., A. Kustani, M. Toyota, and K. Asanuma. (2000). Studies on the varietal difference of harvest index in rice –relationship between harvest index and dry matter production. Japan J. Crop Sci, 69 (3): 351-358.

-Jing, R.; X.; Yi, P. and Zhu, Y. (2001). Mapping fertility- restoring gene of rice WA Cytoplasmic male Sterility using SSLP markers. *Bot. Bu.Acad.Sin*.42 : 167-177.

-Johnson G. M.; H.F. Robinsons and R.E. Comstock (1955). Estimates of Genetic and Environmental Variability in Soybean. Agronomy Journal, 7: 314-318.

-Joshi, S.P.; Gupta, V.S.; Aggarwal, R.K.; Ranjekar, P.K. and Brar, D.S. (2011). Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. Theor. A:l. Genet. 100: 1311-1320.

-Kalia, R. K.; Rai, M. K.; Kalia, S.; Singh, R. and Dhawan, A. K. (2011). Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants.j. Euphytica, 177: 309-334.

-Kamoshita A, Babu R C, Boopathi N M, Fukai S. (2008). Phenotypic and genotypic analysis of drought-resistance traits for development of rice cultivars adapted to rainfed environments. J. Field Crops Res, 109: 1–23.

-Kang, D.J., Futakuchi, K., Dumnoenngam, S. and Ishii, R. (2007). High-yielding performance of a new rice variety, IR53650 in mildly improved acid sulfate soil conditions. Plant Prod. Sci. 10: 64-67.

- Kato, A., J. M. Vega, F. Han, J. C. Lamb and J. A. Birchler (2005). Advances in plant chromosome identification and cytogenetic techniques. Current Opinion in Plant Biology, 8: 148-154 .

-Kato, T., and K. Takeda. (1996). Association among characters related to yield sink capacity in space planted rice. Crop Sci. 36: 1135-1139.

-Kaul, M. L. H. (1988). Male Sterility in Higher Plants (10). 105. pp.

-Khan, A.S., Imran, M and Ashfaq, M. (2009). Estimation of genetic variability and correlation for grain yield components in rice. American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci. 6 (5): 585-590.

-Khatum, M. T., M. M. Hanafi, M. R. Yusop, M. Y. Wang, F. M. Salleh and J.Ferdous.(2015).Genetic variation, heritability and diversity analysis of upland rice (*Oryza sativa* L.) genotypes based on quantative traits.Bio Med Research International, 7 : (1-5)

-Kienet J.M., and S. Lutts.(2001) . Effect of salt and osmoyic stresses on germination in durum Wheat . Plant and soil . 243-254.

-Kimber, G.(1983). Cytogenet 1cs of crop plants Macmillan. The B genome of wheat. P.213-224 in Swaminathan, gupta P.K. and Sinha, U.(Eds).India.new Delhi.

-Kiniry, J. R., G. McCauley, Y. Xie, and J. G. Arnold. (2001). Rice parameters describing crop performance of four U.S. cultivars. Agronomy Journal 93:1354–1361.

-Khush, G.S. (1996). Prospect of and approaches increasing genetic yield potential of rice. chapter.4. In Rice Res Inst Asia progress and properties. Isted.CAB Inter Walling Ford U.K.pp:59-71.

-Khush GS. (1997). Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. Plant Mol. Biol. 35: 25-34.

-Kobayashi, A., K. Ebana, S. Fukuoka and T. Nagamine. (2006). Microsatellite markers revealed the genetic diversity of an Old Japanese Rice Landrace Echizen'. J. Genetic Resources and Crop Evolution, 53: 499-506

-Kumar, R.M., K.Surekha, Ch. Padmavathi, L.V. S.Rao, V.R.Babu, S.P.Singh, S.V.Subbaiah, P.Muthuraman, R.C. Viraktamath . (2007). Technical Bulletin on system of rice intensification-Water saving and Productivity enhancing strategy in irrigated rice. Diectorate of rice research , Indian council of agricultural research, Rajendranagar, Hyderabad, India.

-Kumar, P.; Gupta, V. K.; Misra, A. K.; Modi, D. R. and Pandey, B. K. (2009). Potential of molecular markers in plant biotechnology. Plant Omics J., 2(4): 141-162.

-Kumar, A.; N.R. Rangare, and V. Vidyakar (2013). Study of Genetic Variability of Indian and Exotic Rice Germplasm in Allahabad Agro climate. Genetics and Plant Breeding, 8(4): 1445-1451.

-Kurata, N.; Omura, T. and Iwata, N. (1981). Studies on centomere, chromomere and nucleolus in pachytene nuclei of rice (*Oryza sativa* L.) microsporocytes. Cytologia, 46: 791-800.

-Kusterer, B.; Rozynek, B.; Brahm, L.; Prüfe, M.; Tzigos, S.; Horn, R. and Friedt, W. (2004). Construction of a Geneticmap and Localization of Major Traits in Sunflower (*Helianthus annuus* L.). HELIA, 27 (40) : 15-24.

-Lack, S., N. M. Marani and M. Mombeni . (2012). The Effects of Planting Date on Grain Yield and Yield Components of Rice Cultivars. Advances in Environmental Biology, 6(1): 406-413.

Lakshmi, M.V.; suneetha,Y.; Yugandhar,G.; N.V. Lakshmi.(2014). Correlation studies in rice (*Oryza sativa* L.). International Journal of Genetic Engineering and Biotechnology, 5(2), 121-126.

-Lawley, P. D. and Brookes, P. (1963). Further studies on then alkylation of nucleic acids and their constituent nucleotides. Biochem. J. (89):137-138.

-Lee, H.H., Neoh, P.P.N., Bong, W.S.T., Puvaneswaran, J., Wong, S.C., Yiu, P.H. and Rajan, A.(2011). Genotyping of Sarawak Rice Cultivars Using Microsatellite Markers. Pertanika J. Trop. Agric. Sci. 34 (1): 123 – 136.

-Li, X. and Wu , C. ( 2014). Rice Meiotic Chromosome Spread Preparation of Pollen Mother Cells. Bio-protocol LLC. 4 ( 14) :1-3.

-Li S., Yang G., Li S, Li Y., Chen Z., Zhu Y. (2005). Distribution of fertility-restorer genes for wild-abortive and Honglian CMS lines of rice in the AA genome species of genus *Oryza*. Ann. Bot., 96: 461- 466.

-Limochi, K. and H. Eskandari . (2013). Effect of Planting Date on the Performance of Flag Leaf Stomata and Grain Yield of Rice Cultivars. International Journal of Agronomy and Plant Production . 4 (4): 769-773.

-Linh, L. H., Khanh, T. D., Luan, N. V., Cuc, D. T. K., Duc, L. D., Linh, T. H.,Ismail, A. M., and Ham, L. H., (2012). Application of marker assisted backcrossing to pyramid salinity tolerance (Saltol) into rice cultivarBac Thom 7. VNU Journal of Science, Natural Sciences and Technology, 28: 87-99.

- Liu XQ, Xu X, Tan YP, Li SQ, Hu J, Huang JY, Yang DC, Li YS, Zhu YG. (2004). Inheritance and molecular mapping of two fertility restoring loci for Honglian gametophytic cytoplasmic male sterility in rice (*Oryza sativa* L.). Mol. Gen. Genomics 271: 586-594.

-Liu, K. and Muse, S.V. (2005) .Power Marker: Integrated analysis environment for genetic marker data; Bioinformatics. 21: 2128–2129.

-Liu X, Li Y. (2016). Varietal difference in the correlation between leaf nitrogen content and photosynthesis in rice (*Oryza sativa* L.) plants is related to specifc leaf weight. Journal of Integrative Agriculture, 15: 2002–2011.

- Lu JY, Zhang WL, Xue H, Pan Y, Zhang CH, He XH, Liu M .(2010) Changes in AFLP and SSR DNA polymorphisms induced by short- term space flight of rice seeds. Biol Plantarum, 54 (1): 112-

116.

-Makenn, D. G. (1973). Introduction to biology 5th ed. Printed in Great Britain by Jarrold and Sons, LTD, Norwich.

-Mallik, A., and B.S. Vegara. (1989). Genetic and path analysis of sink components for high density rice grain. Philippine J. Crop Sci. 14(1): 40.

-Mannan, M. A., M.S.U. Bhuiya ,S.M.A. Hossain and M.I.M. Akhand. (2009). Study on phenology and yielding ability of Basmati fine rice genotypes as influenced by planting date in aman season . Bangladesh J. Agril. Res. 34(3) : 373-384.

-Manonmani, S.,T.B. Rangathan and R. Narasimman. (2000). Interrelationships between earliness and yield component in rice. Madras Agric. J. 86(1): 124-126

-Masojc, P. (2002). The application of molecular markers in the process of selection. Cellular and Molecular Biology Letters 7: 499-509.

-McCouch, S. (2005). The complex history of the domestication of rice. Annals of Botany 100: 951 – 957.

- McCouch, S.R., L. Teytelman, Y. Xu, K.B. Lobos,K. Clare, M. Walton, B. Fu, R. Maghirang, Z. 33 Li, Y. Xing, Q.Zhang, I. Kono, M. Yano, R. Fellstrom, G. DeClerck, D. Schneider, S. 34 Cartinhour, D. Ware, and L. Stein. (2005). Development and mapping of 2240 new SSR 35 markers for rice (*Oryza sativa* L.). DNA Res. 9:199-207.

-Md, F. R. M. ; Mohammad, M. R. ; Jyoti, H. ; Sayda, R. ; Shamsunnahar, B.and Mirza, M. I. (2015). Genetic diversity and SSR marker assisted salt screening of rice (Oryza sativa L.). J. Biosci Bioeng Commun;( 1): 29-37.

-Menete, M.Z.L., H.M. van Es, R.M.L. Brito, S.D. DeGloria and S. Famba .(2008). Evaluation of system of rice intensification (SRI) component practices and their synergies on salt-affected soils. Field Crops Research 109 : 34–44.

-Miah, G.; Rafii, M. Y.; Ismail, M. R.; Puteh, A. B.; Rahim, H. A.; Islam,K. N., and Latif, M. A. (2013). A review of microsatellite markers and their a:lications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. International J. Molecular Sciences, 14: 22499- 22528 .

- Miri, K. (2011). Yield and yield attributes of rice cultivars as influenced by transplanting dates in sarbaz region. Intl. J. Agri. Crop Sci, 3(3): 72-75.

-Mohammed, T., W. Deva and Z. Ahmad. (2002). Genetic variability of different plant and yield characters in rice. *Sarhad J. Agric.*, 18: 207–210.

- Mohammed, K.A. , Ibrahim, A.E.S. , A.M. Mustafa.(2012). Genetic variability and heritability of yield and yield components in some rice genotypes. Gezira Journal of Agricultural Science, 10 (1), 1-14.

-Mohammed, Rasha K. and Ibrahim, Kadhim M. (2017). Cytological Effects of Mutagenic Agents and NaCl on Mitotic Division in Two Iraqi Rice (*Oryza sativa* L.) Genotypes. J of Al-Nahrain Univ..20 (1): 114-119.

-Molekularno, G. ; Markeri, K. O.Za ;Personalizovanu, M.( 2014). Molecular Genetic Markers As A Basis For Personalized Medicine J . Med Biochem 33: 8–21.

-Mondal, M.M.A., A.F.M. Islam and M.A. Siddique, (2005). Performance of 17 modern transplant aman cultivar in the northern region of Bangladesh. *Bangladesh* J. Crop Sci., 16: 23–29.

-Mondini, Linda.; Arshiya, Noorani.;And Mario, A .Pagnotta.(2009). Assessing Plant Genetic Diversity By Molecular Tools. Diversity. 1:19-35; Doi:10.3390/D1010019.Aqw.

-Moniruzzaman, M. ; M.S. Alam ; J.A. Rashid ; S.N. Begum and M.M. Islam.(2012).Marker-Assisted Backcrossing For Identification Of Salt Tolerant Rice Lines. Int. J. Agricl. Res. Innov. and Tech. 2 (2): 1-8.

-Morales, M.; Decker, V. and Ornella, L. (2010). Analysis of genetic diversity in Argentinian heterotic maize populations using molecular markers. Cien. Inv. Agric., 37(1): 151-160.

-Mor, V.S.; Deswal, D.P.; Mann, A.; Dahiya, B.S. and Beniwal, B.S. (2008). Characterization of marigold (*Tagetes* spp.) genotypes using SDS-PAGE and RAPD markers. Seed Science and Technology, 36 (3): 757-766.

-Mudgal, V., Madaan, N., and Mudgal, A. (2010). Biochemical mechanisms of salt tolerance in plants: a review. Int. J. Bot. 6: 136–143.

-Mujaju, C. ; J. Sehic and H. Nybom. (2013). Assessment of EST-SSR Markers for evaluating genetic diversity in watermelon accessions from Zimbabwe . American J. Plant Sciences. 4: 1448-1456.

- Mujeeb-Kazi, A., Q. Jahan and A. A. Vahidy (1994) Application of a somatic and meiotic cytological techniques to diverse plant genera and species in the Triticeae. Pak. J. Bot., 26(2): 353-366.

-Mulato ,B.M.; Moller ,M.; Zucchi, M.I.; Quecini, V. and Pinheiro, J. B. (2010).Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers , Pesq. agropec. bras., Brasilia,45(3):276- 283.

-Munns, R. (2002).Comparative physiology of salt and water stress. Plant Cell Environ., 25: 239-250.

-Naguib, M., Akhenaten, S., Gamal E., and Omar F. H. (2016). Identification of rice hybrids and their parental lines using total soluble protein and fertility restorer gene markers. 5 (3) : 675-688.

-Nagy, E.; Gyulai, G.; Szabo, Z.; Hegyi, Z. and Marton, L. (2012). Application of morphological description and genetic markers to analyse polymorphism and genetic relationship in maize (*Zea mays* L.). Acta Agronomica Hungarica, 51(3): 257-265.

-Nanjaareddy, Y.A.,T.G. Prasad and M. Udayakumar. (1995). Constraints

in bioproductivity of high and low LAI types of rice during wet seasons. Indian J. Plant Physiol. 38(2):173-174.

- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. American Naturalist, 106: 283-292.

-Nei, M. and W. Li. (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endow nucleases. Yadav Proc. Nat. Acad. Sci. 76: 5269-5273.

-Nematzadeh G., 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 J. Biotechnology 9: 6273-6277.

-Nepal, R. C. (2011). Study on System of Rice Intensification in transplanted and direct-seeded versions compared with standard farmer practice in chitwan, Nepal. Thesis submitted to the tribhuvan university (agronomy).

-Ni, Junjian; Colowit, Peter M. and Mackill, David J. (2002). Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. Crop Science, March-April, 42 (2) : 601-607.

-Niones, JM. (2004). Fine mapping of the salinity tolerance gene on chromosome 1 of rice (*Oryza sativa* L.) using near-isogenic lines. MSc. Dissertation, University of the Philippines Los Baños College, Laguna, Philippines, p. 78.

-Niroula , R.K., Subedi, L.P. and M.P. Upadhya . (2009). Cytogenetic Analyses of Intragenomic Rice Hybrids Derived from *Oryza sativa* L. and O. nivara Sharma et Shastry . Botany Research International 2 (4): 277-283 .

-Nitika S.; Anshuman, S.; Shalabh, D.;Ma, T. S. C.; Paul, C. 1.; Rajinder ,K.J. and Arvind, K. (2014).Identification and ma:ing of stable QTL with main and epistasis effect on rice grain yield under Upland drought stress. J. BMC Genetics, 15:63.

-Ohmido , N. and K . Fukui. (1995). Cytological studies of African cultivated rice, *Oryza glaberrima* . Theor Appl Genet 91:212-217.

-Okamura, M., Hirose, T., Hashida, Y., Yamagishi, T., Ohsugi, R., Aoki, N., (2013). Starch reduction in rice stems due to a lack of OsAGPL1 or OsAPL3 decreases grain yield under low irradiance during ripening and modifies plant architecture. Funct. Plant Biol. 40: 1137–1146.

-Ovung, C. Y., Lal, G. M. and Prashant, K. R. (2012). Studies on genetic diversity in Rice (*Oryza sativa* L). *Journal of Agricultural Technology* 8(3): 1059 – 1065.

-Padmaja, D., Radhika, K., Subba Rao, L.V. and Padma, V. (2008). Studies on variability, heritability and genetic advance for quantitative characters in rice (*Oryza sativa* L.). Journal of Plant Genetic Resources 21(3):196 - 198.

- Pal S, Jain S, Saini N, Aarti N, Jain RK. (2004). Identification of microsatellite markers for differentiating some Basmati and non-Basmati rice varieties. Indian J Biotechnol. 3:519–526.

-Palaniswamy, K.M., and K.A. Gomez. (1971). Length-width method for estimating leaf area of rice. Agron. J. 66: 430-433.

-Patel, JR. (2000). Effect of water regime, variety and blue green algae on rice (*Oryza sativa* L.). Indian J. Agron.;45(1):103-106.

-Patel, A., Prabha, R. C. and Satish, B. (2012). Analysis of genetic variability, heritability and genetic advance for yield and yield components in rice (*Oryza sativa* L.) under different water regimes Plant Archives 12 (1): 425 – 435.

-Peng, S., R. C. Laza, R. M. Visperas, A. L. Sanico, K. G. Cassman, and G. S. Khush. (2000). Grain yield of rice cultivars and lines developed in the Philippines since 1966. Crop Science 40:307–314.

-Perera, PCD and Dahanayake, Nilanthi. (2016). Chromosome Observation of Rice Root Tip and Effect of Callus Colour Variation and Texture in Different Colchicine Concentrations on the Induction of Rice Polyploids. Universal Journal of Agricultural Research 4(2): 56-59.

-Portes, T. A., & Carvalho, S. I. C. (2009). Crescimento e alocação de fitomassa de cinco gramíneas forrageiras em condições de cerrado. Revista de Biologia Neotropical, 6, 1-14.

-Premkumar R.; R.P. Gnanamalar and C.R. Anandakumar (2016). Correlation and Path Coefficient Analysis of Grain Quality Traits in Rice (*Oryza sativa* L.). Indian J. Agric. Res., 50 (1): 27-32.

-Priyanka, M.; Devendra, J.; Sumita, K. and Kothari, S. (2013). Analysis of genetic diversity among Tagetes patula L. cultivars based on RAPD markers. Indian Journal of Horticulture, 70 (4): 549-554.

-Radford, A. E., Dickison, W. C., J. R. Massey and C. R. Bell (1974) Vascular Plant Systematics. Harper and Row, Publisher. USA. pp. 167- 187.

-Rahman, M.M.; M.G. Rasaul; M.A. Hossain; K.M. Iftekharuddaula; H. (2012). Hasegawa, Parent selection for transplanted aman rice breeding by morphological, physiological and molecular diversity analysis," J. Crop Improv., 6(2):244-257.

-Ramadan, E. A.; Elmoghazy A. M.; El-Mowafi H. F..(2015).Molecular Markers based Genetic Diversity Analysis for Drought Tolerance in Rice (*Oryza sativa, L.)* Using SSR arkers . J. Scientific Research in Agricultural Sciences, 2(Proceedings), : 137-146.

-Ramakrishnan, S. H., C. R. Anandakumar, S. Saravanan and N. Malini (2006). Association Analysis of Some Yield Traits in Rice. J. Applied.

-Rampant OF., Bruschi G., Abbruscato P, Cavigiolo S, Picco AM, Borgo L., Lupotto E, Piffanelli P. (2011). Assessment of genetic diversity in Italian rice germplasm related to agronomic traits and blast resistance (*Magnaporthe oryzae*). Mol Breeding, 27: 233-246.

-Rana, m.m. Md. Abdullah Al Mamun, AfruzZahan, Md. Nayeem Ahmed, -Md. Abdul Jalil Mridha. (2014). Effect of planting methods on the yield and yield attributes of short duration aman

rice. American Journal of Plant Sciences., 5: 251-255.

-Rank, J. (2003). The method of Allium anaphase-telophase chromosome aberration assay. Ecol. 1: 38-42.

-Rao, S. A., M. A. Khan, T.M. Neilly and A.A. Khan. (1997). Causes and effect relation of yield and yield components in rice (*Oryza sativa* L.). J. Genet. & Breed. 51: 1-5.

-Rao, M., Grithlahre, S., Bisen, P., Singh, N.K., Dar, M.H., Singh, U.S. and Singh, P.K. 2016. Genetics of marker assisted backcross progenies of the cross HUR 105 X SwarnaSUB1. International Journal of Agriculture, Environment&Biotechnology, 9: 499-505. doi: 0.5958/2230732X.2016.00066.8.

-Reddy, M. A, Rose Mary, Francies, Rasool, S. N. and Reddy, V. R. P., (2014).Breeding for tolerance to stress triggered by salinity in rice. IJABPT,5(1): 167-176.

-Redfern, S.K.; Azzu, N.; Binamira, J.S. (2012). Rice in Southeast Asia: facing risks and vulnerabilities to respond to climate change. Build Resilience Adapt Climate Change J. Agri Sector.;23:295-299.

-Reinert,K. and D.H. Huson, (2007). Bioinformatics Support for Genome- Sequencing Projects. In T. engauer, editor, Bioinformatics Genomes to Therapies, Vol. 1., pages 25-56, Wiley-VCH Verlag.

-Revathi, P., PavaniMedoju, Arun Kumar Singh, R. M. Sundaram, SravanRaju, P.,Senguttuvel, K., B. Kemparaju, A. S. Hariprasad, M. S. Ramesha, C. N. Neeraja, N. Shobha Rani and B. C. Viraktamath. 2013. Efficiency of molecular markers in identifying fertility restoration trait of WACMS system in rice. Indian J. Genet., 73(1): 89-93.

-Roy , K.S., M.Y. Ali, M.S. Jahan, U.K. Saha and M.S. Ahmad Hamdani. (2014). Evaluation of growth and yield attributing characteristics of indigenous Boro rice varieties. Life Science Journal ;11(4), : 122-126.

- Roy,P.S.; Rao, G.J.N. ; Jena, S. ;Sama, R; Patnaik, A. ; Patnaik, S.S.C. (2016) Nuclear and Chloroplast DNA Variation Provides Insights into Population Structure and Multiple Origin of Native Aromatic Rices of Odisha, India .J. PLos. 11(9):1-20.

-Sabar, M.;and Arif, M. . (2014). Phenotypic response of rice *(Oryza sativa* L.) genotypes to variable moisture stress regimes. Int. J. Agric.Biol, 16: 32–40.

- Sabouri, H. and Sabouri, A., (2009). New evidence of QTLs attributed to salinity tolerance in rice. African J. of Biotechnology 7 (24):4376-4383.

-Sadeghi, S.M. (2011). Heritability, phenotypic correlation and path coefficient studies for some agronomic characters in land race rice varieties. WorldApplied Sciences Journal. 13 (5): 1229 - 1233.

-Sadeghi, S. M. and R.K. Danesh .( 2011). Effects of water deficit role at different stages of reproductive growth on yield compoents of rice. World Applied Sciences Journal 13 (9) : 2021-2026.

-Sadia, M. ; M. Ashrafuzzaman ; M.d. M. Islam ; S. U. Sikdar and A. Zobayer. (2012). Molecular marker based (SSR) genetic diversity analysis in deep water rice germplasms of Bangladesh. J. Biosciences. 10(2): 64-72.

-Saikumar, S.; Gouda, P.K.; Saiharini, A.; Varma, C.M.K.; Vineesha, O.; Padmavathi, G.; Shenoy, V.V.( 2014). Major QTL for enhancing rice grain yield under lowland reproductive drought stress identified using an *O. sativa* /*O. glaberrima* introgression line. J. Field Crops Res., 163: 119–131.

- Sai Harini A.1, Sai Kumar S.1, Padma Balaravi 2, Richa Sharma1, Ayyappa Dass M.1 and Vinay Shenoy (2013). Evaluation of rice genotypes for brown planthopper (BPH) resistance using molecular markers and phenotypic methods. Academic J. 12 (19) : 2515-2525.

-Saker, M.M.; Youssef, S.S.; Abdallah, N.A.; Bashardy, and ElSharkawy, A.M. (2005). Genetic Analysis of some Egyptians

rice genotypes using RAPD, SSR and AFLP. African J. Biotechnol. 4 (9) : 882-890.

-Saleem, M. Y., J. I. Mirza and M. A Haq, (2008): Heritability, Genetic Advance and Heterosis in Line X Tester Crosses of Basmati Rice. J.Agric. Res., 46 (1) : pp.15-27.

-Salgotra, R. K.; Gupta, B. B.; Javaid, A. ; Sandeep, S.(2015).Genetic Diversity and Population Structure of Basmati Rice (*Oryza Sativa* L.) Germplasm Collected from North Western Himalayas Using Trait Linked SSR Markers. J. pone 1(8):1-19.

-Salunkhe, A.S., R. Poornima, K.S. Prince, P. Kanagaraj, J.A. Sheeba, K. Amudha, K.K. Suji, A. Senthil and R.C. Babu. (2011) Fine Mapping QTL for Drought Resistance Traits in Rice (*Oryza sativa* L.) using bulk segregant analysis. Molecular Biotechnology 49: 90-95.

-Samadia, D.K. (2005). Genetic variability studies in Lasora (Cordia myxa Roxb.) Indian J. Plant Genet. Resour. 18(3): 236-240.

-Sambrook J., and Russel DW. (2001). Molecular Cloning: A Laboratory manual 3rd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, NY.

-Sanjay, K. S. ; S. Sharma; G .K. Koutu ; D. K. Mishra ; P. Singh; . P. Kumar and Namita, P. (2014). Genetic Diversity in NPT Lines Derived from indica x japonica Sub-species Crosses of Rice (*Oryza sativa L.*) Using SSR Markers. J. Agricultural Science, 4(3) : 121-132 .

-San-oh, Y., Y. Mano, T. Ookawa, and T. Hirasawa. (2008). Comparison of dry matter production and associated characteristics between direct-sown and transplanted rice plants in a submerged paddy field and relationships to planting patterns. *Field Crops Research* 87:43–58.

-Santos, A. B., Stone, L. F., & Vieira, N. R. A. (2006). Rice crop in Brazil. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão.

-Sarker. M. D. Manik, L. Hassan, M. .l Islam, M. D. M. Rashid, and S. Seraj (.2015). Correlation and path coefficient analysis of some

exotic early maturing rice (*Oryza Sativa* L.) lines. Journal of Bioscience and Agriculture Research; 1(1): 1-7.

-Sasaki, T. (2002). Rice genomics to understand rice plant as an assembly of genetic codes. Current Science 83(7): 834-839.

-Sasaki, T.a., and Sedoroff, R. (2003). Genome studies and molecular genetics The rice genome and comparative genomics of higher plants. Current Opinion in Plant Biology 6: 97-100.

-Sasaki A, Ashikari M, Tanaka MU, Itoh H, Nishimura A,Swapan D., Ishiyama K, Saito T, Kobayashi M, Khush GS, Kitano H, Matsuoka M. (2002). A mutant of gibberellin synthesis gene in rice. Nature 416: 701-702.

-Sasson, A. (2012.) Food security for Africa: An urgent global challenge. Agriculture and Food Security 1(2):1-16.

-Sattari M, Kathiresan A, Gregorio G, Virmani SS. (2009).Comparative genetic analysis and molecular mapping of fertility restoration genes for WA Dissi, and Gambiaca cytoplasmic male sterility systems in rice. Euphytica 160: 305-315.

-Saqib, Z.A.; Akhtar, J.; Ul-Haq ,M.A. and Ahmad ,I. (2012). Salt induced changes in leaf phenology of wheat plants are regulated by accumulation and distribution pattern of Na+ ion. Pak. J. Agri. Sci., 49: 141-148.

-Schulmann, A.H., (2007). Molecular markers to assess genetic diversity. J. Euphytica, 158 (3) : 313-321.

-Sedeek, S. E. M. and S. M. EL-Wahsh. (2015). Performance of some agronomic traits of selected rice breeding lines and its reaction to blast disease. J. Agric. Res. Kafr El-Sheikh Univ., 41(1): 118-134.

-Sedeek, S. E. M., S. A. A. Hammoud, M. H. Ammar and T. F. Metwally. (2009). Genetic variability, heritability, genetic advance and cluster analysis for some physiological traits

Selvaraj, I., Nagarajan, P., Thiyagarajan, K., Bharathi, M. and Rabindran,

R. (2011).Genetic parameters of variability, correlation and path coefficient studies for grain yield and other yield Attributes among rice blast disease resistant genotypes of rice (*Oryza sativa* L.). African Journal of Biotechnology. 10(17):3322-3334.

-Semagn K, Ndjiondjopd MN, Cissoko M. (2006). Microsatellites and agronomic traits for assessing genetic relationships among 18 New Rice for Africa (NERICA) varieties. Afr. J. Biotechnol. 5: 800-810.

-Seyoum, M., Alamerew, S. and Bantte, K. (2012). Genetic variability, heritability, correlation coefficient and path analysis for yield and yield related traits in upland rice *(Oryza sativa* L.). J. of Plant Sci. 7(1):13-22.

- Siddiq, E.A., Vemireddy, L.R., Nagaraju, J. (2012). Basmati rices: Genetics, breeding and trade. Agric. Res. 1:25–36.

-Simpson, M. G. (2006). Plant Systematics. Elsevier Academic Press. Canada. pp. 212-219.

-Singh, R.J. (2003). Plant Cytogenetics. CRC Press, Boca Raton, 488 pp.

-Singh, R. K. and B. D. Chaudhary, (2007). Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. Kalyani Publisher, New Delhi. 318p.

-Singh, D. I., and N. C. Stoskof.( 1971). Harvest Index in cereal. Agron. J., 63(1): 224- 226.

-Singh, D.N., A. Bhattacharya and K.L. Linra. (1974). Plasticity of dwarf Basmati on grain and straw yield of upland rice. Indian J. Agron. 25(4): 73-74.

-Singh, R. K. and B. D. Chaudhary. (1985). Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. Rev. ed. Kalyani Publishers Ludhiana, India.,178:223-23.

-Singh, Y. (2011). Molecular approaches to assess genetic divergence in rice. J. GERF Bulletin of Biosciences 2: 41-48.

-Singh, A.K., N. Chandra and R. Bharti . (2011). Effects of Genotype and Planting Time on Phenology and Performance of Rice (*Oryza sativa* L). ICAR Research Complex for Eastern Region, Patna 800014, Bihar India , 25 (1) : 151-156.

-Singh, A., Saini, R., Singh, J., Arya, M., Ram, M. and Singh, P.K. (2015). Genetic diversity studies in rice (*Oryza Sativa* L.) using microsatellite markers. International Journal of Agriculture, Environment & Biotechnology, 8: 143-152. doi: 10.5958/2230-732X.2015.00019.

-Singh, A. and Sengar, R.S. (2015). DNA Fingerprinting Based Decoding of Indica Rice *(Oryza sativa* L.) Via Molecular Marker (SSR, ISSR,& RAPD) in Aerobic Condition. J. Adv Crop Sci Tech. 3 (2) : 1-8.

Shannon, M.C.., C.M>Grieve.,L.E.Francois.(1994). Whole-Plant response to salinity . Plant environment interaction. Eds. E.Robert , R.G.D. and M.D> Wilkinson Inc. New York.pp.199-234.

- Shariar, H., Robin, A.H.K. and Hoque, A. (2014). Diversity assessment of yield, yield contributing traits and earliness of advanced T-aman rice (*Oryza sativa* L.) lines. Journal of Bioscience and Agricultural Research, 1(2): 102-112.

-Shahid, M. S. ; Shahzad, A. N. and Muhammad A .(2013). Genetic diversity in basmati and non-basmati rice varieties based on microsatellite markers. J. Bot., 45 (S1): 423-431.

-Sharma, A.K.and Sharma,A.(1980).Chromosome techniques theory and practice(3rded.).ButterWorths.London.,711pp.

-Sharma, S.N., Sain, R.S., Sharma, R.K. (2003). The genetic control of the flag leaf length in normal and late sown durum wheat. The Journal of Agricultural Science; 141(3 - 4):323331.

-Sharma, A. K. and R. N. Sharma (2007). Genetic variability and-character association in early maturing rice. *Oryza*. 44(4): 300-303.

-Sharma, A.K. and Sharma, A. (2014) Chromosome Techniques: Theory and Practice. Butterworth-Heinemann, Oxford,724 p.

-Shannon, M.C., C.M.Grieve.,L.E.Francois.(1994). Whole-Plant response to salinity . Plant environment interaction. Eds. E.Robert , R.G.D. and M.D.Wilkinson Inc. New York.pp.199-234.

-Sheeba N. K., Viraktamath B. C., Sivaramakrishnan S., Gangashetti M. G.,Pawan Khera and Sundaram R. M. (2009). Validation of molecular markers linked to fertility restorer gene (s) for WA-CMS lines of rice. Euphytica, 167: 217-227.

-Shemahonge , M.I. (2013). Improving upland rice (*Oryza sativa* L.) performance through enhanced soil fertility and water Conservation methods at UkiriguruMwanza, M.Sc. Thesis, University of Agriculture. Morogoro, Tanzania.

-Smith, O. S.; Smith, J. S.; Bowen, S. L. and Tenborg, R. A. (1992). Numbers of RFLP probes necessary to show associations between lines. Maize Genetics Cooperation Newsletter, 66: 66-71.

-Soltani A., and Galeshi S. (2002). Importance of rapid canopy closure for wheat production in a temperate sub-humid environment: Experimentation and simulation. Field Crops Research, 77: 17–30.

-Sohrabi, M. ; M.Y. Rafii; M.M. Hanafi; A.S.N. Akmar; M.A. Latif. (2012). Genetic Diversity of Upland Rice Germplasm in Malaysia Based on Quantitative Traits. J. Scientific World, : 12: 1-9.

-Stace ,C. A. (1980). Plant taxonomy and biosystematic. Edward Arnold. London. 279 pp.

-Stebbins, G.L. (1950). Variation and evolution in plants. Columbia univ. press. America 643 pp.

-Steel, R. G. and Torrie, J. H. (1984). Principle and Procedure of Statistics, A biometrical Approach. Seconded Mc Claw-Hill Book Co. Inc., New York. 633pp

- Stroppiana D, Boschetti M, Confalonieri R, Bocchi S, Brivio P A. (2006). Evaluation of LAI-2000 for leaf area index monitoring in paddy rice. Field Crops Research, **99**: 167–170.

- Tahir, N. A. (2014).Genetic Variability Evaluation Among Iraqi Rice (*Oryza sativa* L.) Varieties using RAPD Markers and Protein Profiling. Jordan Journal of Biological Sciences, 7(1): 13 – 18.

-Talia, P.; kamasu, V.; Hopp, H.; Heinz, R. and Paniego, N. (2010). Genetic mapping of EST-SSRs, SSR and InDels to improve saturation of genomic regions in a previously developed sunflower map. Electronic Journal of Biotechnology. 13 (14).

- Tidke SA, Kiran S, Harke SN. (2014). Analysis of genetic diversity in 20 cotton germplasm lines using random amplified polymorphic DNA marker. Asian J. Plant Sci. 13(4-8):184-189.

-Thaura, G. H. ; Duina, P. D.; Iris, P.A.; Gelis, T. N. ; Alejandro, J. P.; César, P. M.; Joe, M. T.( 2008). Assessment of genetic diversity in Venezuelan rice cultivars using simple sequence repeats markers. J. Biotechnology . 11 (5 ):0717-3458

-Turkoglu, S. (2007). Genotoxicity of five food preservatives tested on root tips of Allium cepa . Mut. Res. / Genetic Toxicol. and Environ.Mut. 626 (1-2):4 – 14.

- Ullah, H., P. Luc, D. Gautam, A. Datta.( 2018 ). Growth, yield and Silicon upkake of rice (Oryza sativa L.) as influenced by dose and timing of Silicon application under water-deficit stress. Archives of Agronomy and Soil Science, 46(3): 318-330.

Vanisree,S.,K.Anjali,Ch.D.Raju,S.RajaandM.Sreedhar.(2013).Variability, heritability and association analysis in scented rice. Journal of Biological& Scientific Opinion.1(4):347-352.

-Varshney RK, Thiel T, Sretenovic-Rajicic T, Baum M, ValKoun J, Guo P, Grando S, Ceccarelli S, Graner A.(2008). Identification and validation of a core set of informative genic SSR and SNP markers for assaying functional diversity in barley. Mol Breed 22: 1-13.

-Vaughan DA., Morishima H., Kadowaki K. (2003). Diversity in the

*Oryza* genus. Curr. Opin. Plant Biol. 6: 139-146.

-Vegare, B.S., B.Venkateswarlu, M.Janoria, J.K.Ahani, J. K. Kim and R. M. Visperas. (1991). Rational for alow tillering rice plant type with high density grain. Indirect seeded rice in the tropics selected papers from the IRRC, Losbanos. IRRI. pp: 39-53.

-Venuprasad, R.; Bool, M. E.; Quiatchon, L.; Sta ,M. T.; Cruz, M. ;Amante and G. N. Atlin .(2012), "A Large-Effect QTL for Rice Grain Yield Under Upland Drought Stress on Chro-mosome .J. Molecular Breeding, 30( 1): 535-547.

-Venkata Subbaiah,P.; Reddy Sekhar,M.; Reddy, K.H.P. and N.P. Eswara Reddy. (2011).Variability and genetic parameters for grain yield and its components and kernel quality attributes in CMS. based rice hybrids (*Oryza sativa* L.). International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology, 2(3): 603-609.

-Venkateswarlu, B., and T.Y. Maddulety.( 1976). Changing source and sink relationships in rice (*Oryza sativa* L.) through different canopy profiles under field conditions. Indian J. Pl. Physiol. 19(2): 194-201.

-Vig, B. K. (1971). An increase induced by colchine in the incidence of somatic crossing over in glycine max. Theor. Appl. Genet. (41): 145-149.

-Vieira MLC., Santini L., Diniz AL., Munhoz CF. (2016). Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. Genet. Mol. Biol. 39(3):312-328.

-Vikram, P. ;Swamy, B.; Dixit, S.; Ahmed, H.U.; Cruz, M.T.S.; Singh, A.K.; Kumar, A. (2011). qDTY1.1, a major QTL for rice grain yield under reproductive-stage drought stress with a consistent effect in multiple elite genetic backgrounds. BMC Genet 12:89.

-Wang, M. L.; Barkley, N. A. and Jenkins, T. M. (2009). Microsatellite markers in plants and insects. Part I. A:lications of biotechnology. Genes, Genomes Genomics, 3: 54–67.

-Wang L, Jiao S, Jiang Y, Yan H, Su D, Sun G, et al. (2013). Genetic

diversity in parent lines of sweet sorghum based on agronomical traits and SSR markers. Field Crops Res. 149: 11-19.

-Wang, Y., Zhao, J., Li, W., Zhang, X., Hong, X. and Zhu, X., (2016). Development of a multiplex microsatellite PCR assay based on microsatellite markers for the mud carp, *Cirrhinus molitorella*. *Journal of the World Aquaculture Society*, 47 (2) :

-Weeden, N. F.; Timmerman, G. M.; Hemmat, M.; Kneen, B. K. and Lodhi, B. A. (1992). Inheritance and reliability of RAPD markers, application of RAPD technology to plant breeding. Crop Sci. Soc. Amer: 12-17.

-Weigand, F.; Baum, M. and Udupa, S. (1993). DNA molecular marker technique, Technical Manual No.20 International Center for Agricultural Research for Dry Areas, Aleppo, Syria.

-Weihua, X.; Yi, X.; Jingjing, Z. ;Wu, Y.; Lu, Z.;Vanessa, H.; Zhi, W.; Hua, Z.; Jianguo, L.; Stephen, P.; Ling, J.; Yang, X,; Xuewei, S.;Enming, R.; Fei, L.; Xiaoke, W.; Gretchen, C. ; and Zhiyun, O.(2017).Strengthening protected areas for biodiversity and ecosystem services in China J.PNAS . 114 (7):1601–1606.

-Wiangsamut, B. P. Umnat, M. Koolpluksee, and W. Kassakul.( 2015). Effects of number of seedlings on growth, yield, cost and benefit of 2 rice genotypes in transplanted fields. Journal of Agricultural Technology, 11(2): 373-389.

-Williams, J. G.,Kubelik A. R.,Livak K. J.,RafalskiJ. A. and Tingey S. V.(1990). DNA poly-morphis-ms amplified by arbit-rary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*., 18: 6531–6535.

- Wu, M.; Jia, X.; Tian, L. and Lv, B. (2010). Rapid and reliable purity identification of F1 hybrids of maize (*Zea may* L.) using SSR markers. Molecular Plant Breeding, 4(3): 381-384.

-Xiaohua, W. ; Honglang, X. ; Xin, Z. ; Caizhi, L.; Juan, R. ;Fang, W. and Lei, P. (2010). Isolation of High-Quality DNA from a Desert Plant Reaumuria soongorica Genetic Diversity in Plants, Edited By Mahmut Calişkan .1-10.

- Xing, Y., Zhang, Q. (2010). Genetic and molecular bases of rice yields. Annual Review of Plant Biology, 61: 421-442.

-Xue L H, and Yang L Z. (2008). Recommendations for nitrogen fertiliser topdressing rates in rice using canopy reflectance spectra. *Biosyststems Engineering*, **100**: 524–534.

-Yadav, S.K., Pandey, P., Kumar, B. and Suresh, B.G. (2011). Genetic architecture, interrelationship and selection criteria for yield improvement in rice. Pakistan Journal of Biological Sciences. 14 (9): 540-545.

-Yadav, S.K., Suresh, B.G., Pandey, P and Kumar, B. (2010). Assessement of genetic variability, correlation and path association in rice. J. bio-sci. 18: 1-8.

-Yadaw, S. ; Singh, A. ; Singh, M. R. ; Goel, N.; Vinod, K. K.; Mohapatra, T. and Singh, A. K. (2013). Assessment of genetic diversity in Indian rice germplasm (Oryza sativaL.): use of random versustrait-linked microsatellite markers .J. Genet., 92 ( 3):455-476.

- Yang,W.; Kang,X.; Yang,Q.; Lin,Y. and Fang,M.(2013).Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity.journal of animal science and biotechnology, 4 (2): 1-6.

-Yang, J.C., Zhang, J.H., (2010). Grain-filling problem in ‘super' rice. J. Exp. Bot. 61, 1–4.

-Yaqoob M, Anjum R, Hussain M, Shah MJ.(2012). Genetic diversity analysis and character association in some Chinese hybrid rice under dry conditions. Pakistan J. Agric. Res. 25(4): 249-256

- Yoshida , S. (1972). Physiological aspects of grain yield. Ann .Rev, Pl. Physiol. 23:437-464 .

-Yoshida , S., and F. T. Parao. (1971). Performance of improved rice varities in the tropics with special perfernce to tillering capacity Exp. Agric. 8 : 203-212.

-Yoshida S., (1981). Fundamentals of rice crop science. Internaitonal Rice Research Institute, Los Baños,Philippines.

-Yoshinaga, S., Takai, T., Arai-Sanoh, Y., Ishimaru, T., Kondo, M., ( 2013). Varietal differences in sink production and grain-filling ability in recently developed high-yielding rice (*Oryza sativa* L.) varieties in Japan. Field Crops Res. 150: 74–82.

-Yu, R. H.; Wang, Y. L.; Sun, Y. S. and Liu, B. L. (2012). Analysis of genetic distance by SSR in waxy maize. Genet. J.Mol. Res., 11(1):254-260.

-Zeng, S., and M.Shannon. (2000).Effects of salinity on grain yield and yield components of rice at different seeding densities. Agron. J. 92: 418-423

-Zhang, P.; Liu, X.; Tong, H.; Lu, Y.; Li, J. (2013). Association Mapping for Important Agronomic Traits in Core Collection of Rice (*Oryza sativa* L.) with SSR Markers. J. PLoS One. 9 (10): 81-103.

-Zhang, Q. , and Wing, R.A.(2013). Genetics and Genomics of Rice. XV,402 p. 51 illus., 40 illus. in color., Hardcover.

-Zhao, K.; M. Wright; J. Kimball; G. Eizenga; A. McClung; M. Kovach; W. Tyagi; M.L. Ali; C.W. Tung and A. Reynolds.(2010). Genomic diversity and introgression in O. sativa reveal the impact of domestication and breeding on the rice genome. J. PLoS One, 5(5):5 -10.

# الملاحق

# APPENDICES

## ملحق جدول (1) : تحليل التباين لصفات النمو والحاصل ومكوناته لتراكيب وراثية من الرز بمتوسطات المربعات (M.S.)

| مصادر التباين (S.O.V) | درجات الحرية DF | عدد الايام من الزراعة الى 50% تزهير | عدد الايام حتى النضج الفسلجي | ارتفاع النبات (سم) | دليل المساحة الورقية | طول الدالية (سم) | عدد الافرع/ الدالية | عدد الداليات/م$^2$ | عدد الحبوب / الدالية | نسبة عدم الخصب (%) | وزن 1000 حبة (غم) | الحاصل البايولوجي (كغم/ه) | دليل الحصاد (%) | حاصل الحبوب ( كغم/ه) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| المكررات | 2 | 15.76 | 7.62 | 8.16 | 9.63 | 5.64 | 0.59 | 455.3 | 1447 | 50.61 | 7.27 | 4453129 | 51.72 | 719796 |
| التراكيب الوراثية | 14 | 150.66** | 128.80** | 663.31** | 107.83** | 19.87 | 11.63** | 10657** | 7655** | 98.21** | 21.13** | 9730076** | 129.51** | 2426113** |
| Error | 28 | 3.68 | 5.36 | 50.16 | 7.72 | 11.31 | 0.62 | 761.3 | 412 | 29.07 | 0.81 | 812724 | 7.79 | 243672 |
| المجموع | 44 | | | | | | | | | | | | | |

** عالية المعنوية على مستوى احتمالية 1%

**ملحق جدول (2): معدلات درجات الحرارة العظمى والصغرى ومعدلاتها الشهرية في محافظة النجف الأشرف (حزيران- كانون الأول 2018)**

| الشهر | درجة الحرارة العظمى | درجة الحرارة الصغرى | المعدل |
|---|---|---|---|
| **حزيران** | 45.27 | 22.18 | 33.72 |
| **تموز** | 47.85 | 22.41 | 35.13 |
| **آب** | 47.12 | 22.69 | 34.90 |
| **أيلول** | 46.14 | 19.94 | 33.04 |
| **تشرين الأول** | 41.49 | 8.29 | 24.89 |
| **تشرين الثاني** | 30.13 | 8.59 | 19.36 |
| **كانون الأول** | 21.79 | 3.84 | 12.81 |

المصدر: بيانات محطة الإرصاد الجوي الزراعي في محطة ابحاث الرز في المشخاب

**ملحق جدول (٣) : تحليل التباين لصفات عدد الخلايا الكلية والمنقسمة ومعامل الانقسام الخلوي للتراكيب الوراثية من الرز بمتوسطات المربعات**

| | درجات الحرية DF | معدل عدد الخلايا الكلي | معدل عدد الخلايا المنقسمة | معامل الانقسام الخلوي (MI) |
|---|---|---|---|---|
| التراكيب الوراثية | 14 | 7143.10** | 55.242** | 6.5254** |
| Error الخطأ | ٦٠ | 970.9 | 2.807 | 0.8077 |
| المجموع | ٧٤ | | | |

** عالية المعنوية على مستوى احتمالية ١%

## ملحق جدول ٤ :

## شكل (١) محاذاة التركيب الوراثي عنبر ٣٣ مع التركيب الوراثي فرات بنسبة تطابق ١٠٠% لناتج تسلسل البادئ RM171

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030447.1 **Length:** 291 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 38 to 275** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Prev

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 440 bits(238) | 9e-120 | 238/238(100%) | 0/238(0%) | Plus/Plus |

```
Query  1    CGTTCGCCGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCTTCGTGCGTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  38   CGTTCGCCGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCTTCGTGCGTGCG  97

Query  61   TGCGAGAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAatccatccatccatccatccatccatcG  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  98   TGCGAGAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCG  157

Query  121  TGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATCTAGttttttttCGAACACG  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  158  TGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATCTAGTTTTTTTTCGAACACG  217

Query  181  TAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCATCGGCCGAATTTGCAAAG  238
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  218  TAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCATCGGCCGAATTTGCAAAG  275
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
CGTTCGCCGG CTCGGACGTA CGTCCTCGAT GCTAGCTGGC TGCCTGCCTT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
CGTGCGTGCG TGCGAGAGGA GGCCAGTTCG GTGAGCCGCC CAATCCATCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
ATCCATCCAT CCATCCATCG TGTGTACCGT GTACGTGTGT AGGTGTCATG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        160        170        180        190        200
CATATGCAAT CTAGTTTTTT TTCGAACACG TAAAAGAATT ACACGTTAAT
....|....| ....|....| ....|....| ....|...
        210        220        230
TGATCACGCA TACGCTATCA TCGGCCGAAT TTGCAAA
```

شكل (٢) محاذاة التركيب الوراثي عنبر البركة مع التركيب الوراثي عنبر بنسبة تطابق ١٠٠% لناتج تسلسل البادئ RM171

**100%** Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030446.1 **Length:** 316 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 102 to 264** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Pre

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 302 bits(163) | 3e-78 | 163/163(100%) | 0/163(0%) | Plus/Minus |

```
Query  19   GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  78
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  205

Query  79   GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGaaaaaaaaCTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  138
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  204  GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGAAAAAAAAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  145

Query  139  GTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatT  181
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  144  GTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATT  102
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
TACTGGATCT CGTATCCTGC GATCAGCAAC TGCACTTTGC AAATTCGGCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
GATGATAGCG TATGCGTGAT CAATTAACGT GTAATTCTTT TACGTGTTCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
AAAAAAAACT AGATTGCATA TGCATGACAC CTACACACGT ACACGGTACA
....|....| ....|....| ....|....| .
         160        170        180
CACGATGGAT GGATGGATGG ATGGATGGAT T
```

**شكل ( ٣ ) محاذاة التركيب الوراثي عنبر فرات مع التركيب الوراثي العباسية بنسبة تطابق ٩٨ % لناتج تسلسل البادئ**

98% Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence

Download GenBank Graphics

Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030451.1 **Length:** 331 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 114 to 277** GenBank Graphics Next Match Previous Ma

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 285 bits(154) | 6e-73 | 161/164(98%) | 2/164(1%) | Plus/Minus |

```
Query  17   GCGATCAGC-ACTGCACTTTGCAA-TTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  74
           ||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  277  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  218

Query  75   GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTATAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACA  134
           |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  217  GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACA  158

Query  135  CGTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatg  178
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  157  CGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATG  114
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
AAAAGAATCT GTTTCTGCGA TCAGCACTGC ACTTTGCAAT TCGGCCGATG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
 ATAGCGTATG CGTGATCAAT TAACGTGTAA TTCTTTTACG TGTTCGTATA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
AATAACTAGA TTGCATATGC ATGACACCTA CACACGTACA CGGTACACAC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         160        170        180        190        200
GATGGATGGA TGGATGGATG GATGGATGAC AGAGATTTCA TCCTTGTGAG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         210        220        230        240        250
```

```
ATTGCCCATT TTGTACCAGA GGCGTACGTA TCTCGTCTTG CTGATCATTT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260        270        280        290        300
TTTTTTCTGC ATCTCCTTTC AGGAAAAATT ACCCCGATCA ACTTCAAACT
....|....| ....|....| .
         310        320
TCAAAGGCGT ACGTAACTCG T
```

**شكل ( ٤ ) محاذاة التركيب الوراثي عنبر بغداد مع التركيب الوراثي ياسمين بنسبة تطابق ٩٨%**

98% Oryza sativa Indica Group cultivar Yasamin microsatellite RM171 sequence

Download GenBank Graphics

Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030455.1 **Length:** 197 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 34 to 192** GenBank Graphics Next Match Pre

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 278 bits(150) | 1e-70 | 156/159(98%) | 0/159(0%) | Plus/Minus |

```
Query  19   GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACG  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACG  133

Query  79   TGTAATTCTTTTACGTGTTCATATAAATAACTACATTGCATATGCATGACACCTACACAC  138
            |||||||||||||||||||| || ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  132  TGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  73

Query  139  GTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatg  177
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  72   GTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATG  34
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
AGGGGGATCT GATATCCTGC GATCAGCACT GCACTTTGCA ATTCGGCCGA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
TGATAGCGTA TGCGTGATCA ATTAACGTGT AATTCTTTTA CGTGTTCATA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
TAAATAACTA CATTGCATAT GCATGACACC TACACACGTA CACGGTACAC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        160        170        180        190        200
ACGATGGATG GATGGATGGA TGGATGGATG AATGATATTT CCTCCTTGTG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        210        220        230        240        250
```

```
AGATTGCCCA TTTTGTACCA GAGGCGTACG TATCTCGTCT TGCTGAGCAT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260        270        280        290        300
TTTTTTTTCA ACATCTTCTT TCAGGAAAAA TTACCCCGAT CAACTTCAAA
....|....| ....|....| ...
         310        320
CTTCAAAGGC GCACGTATCT CGT
```

**شكل ( ٥ ) محاذاة التركيب الوراثي عنبر مناذرة مع التركيب الوراثي Al-aila بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence

Secure | https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi#alnHdr_532759743

Download GenBank Graphics Sort by: E value

Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030453.1 **Length:** 325 **Number of Matches:** 2

**Range 1: 102 to 265** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Prev

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 303 bits(164) | 2e-78 | 164/164(100%) | 0/164(0%) | Plus/Minus |

```
Query  22   CGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACG  81
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265  CGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACG  206

Query  82   TGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  141
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205  TGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  146

Query  142  GTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggGTTG  185
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  145  GTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGGTTG  102
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
AAGATTCTAC GCTATACTAG TCGATCAGCA ACTGCACTTT GCAAATTCGG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
CCGATGATAG CGTATGCGTG ATCAATTAAC GTGTAATTCT TTTACGTGTT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
CGTAAAAATA ACTAGATTGC ATATGCATGA CACCTACACA CGTACACGGT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        160        170        180        190        200
ACACACGATG GATGGATGGA TGGATGGATG GGTTGAACAC GTTAAACAAT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        210        220        230        240        250
TACACGTTAA TTGATCACGC ATACACTATC ATCGGGCGAA TTTGCAAAGT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        260        270        280        290        300
```

```
GGGGATGCTG ATCGCCTGAT CGCCTTAATA TTTGGAGTGC GGAAAAGGCT
....|....|  ....|
         310
GACCTCCCGT TTAAA
```

**شكل ( ٦ ) محاذاة التركيب الوراثي سومر مع التركيب الوراثي Nipponbare بنسبة تطابق ٩٨%**

98% Oryza sativa Japonica Group DNA, chromosome 10, cultivar: Nipponbare, complete sequence

Oryza sativa Japonica Group DNA, chromosome 10, cultivar: Nipponbare, complete sequence

**Sequence ID:** AP014966.1 **Length:** 23207287 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 19120238 to 19120517** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 486 bits(263) | 1e-133 | 278/284(98%) | 5/284(1%) | Plus/Minus |

**Features:** 3597 bp at 5' side: Os10g0501401
9487 bp at 3' side: Os10g0501500

```
Query  15        ATCAGCAACTGCACTTTGCAA-TTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACGTG  73
                 ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120517  ATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAACGTG  19120458

Query  74        TAATTCTTTTACGTGTTCGCAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACACGT  133
                 ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120457  TAATTCTTTTACGTGTTCGCAAAAAAAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACACGT  19120398

Query  134       ACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatTGGGCGGCTCACCGAACTGGCCTC  193
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120397  ACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGAT----TGGGCGGCTCACCGAACTGGCCTC  19120342

Query  194       CTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACGTACGTCCGAGCC  253
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120341  CTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACGTACGTCCGAGCC  19120282

Query  254       GGCGAACGGATCTCTCCCGTGCAGCAAAGGCGTACGTATCTCGT  297
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120281  GGCGAACGGATCTCTCCCGTGCAGCAAAGGCGTACGTATCTCGT  19120238
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        10         20         30         40         50
GGGGTTTTTC TCGTATCAGC AACTGCACTT TGCAATTCGG CCGATGATAG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        60         70         80         90        100
CGTATGCGTG ATCAATTAAC GTGTAATTCT TTTACGTGTT CGCAAAAATA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       110        120        130        140        150
ACTAGATTGC ATATGCATGA CACCTACACA CGTACACGGT ACACACGATG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       160        170        180        190        200
GATGGATGGA TGGATGGATT GGGCGGCTCA CCGAACTGGC CTCCTCTCGC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
```

```
         210         220         230         240         250
ACGCACGCAC GAAGGCAGGC AGCCAGCTAG CATCGAGGAC GTACGTCCGA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....
         260         270         280         290
GCCGGCGAAC GGATCTCTCC CGTGCAGCAA AGGCGTACGT ATCTCGTAA
```

**شكل (٧ ) محاذاة التركيب الوراثي دجلة مع التركيب الوراثي فرات بنسبة تطابق ١٠٠%**

**100%**Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171

Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030447.1 **Length:** 291 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 129 to 291** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previ

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 302 bits(163) | 6e-78 | 163/163(100%) | 0/163(0%) | Plus/Minus |

```
Query  19   GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  291  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  232

Query  79   GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGaaaaaaaaCTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGAAAAAAAAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  172

Query  139  GTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatT  181
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  171  GTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATT  129
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10          20          30          40          50
TCGCTTATCT CGTATCCTGC GATCAGCAAC TGCACTTTGC AAATTCGGCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60          70          80          90         100
GATGATAGCG TATGCGTGAT CAATTAACGT GTAATTCTTT TACGTGTTCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110         120         130         140         150
AAAAAAAACT AGATTGCATA TGCATGACAC CTACACACGT ACACGGTACA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         160         170         180         190         200
CACGATGGAT GGATGGATGG ATGGATGGAT TAAAATTTTA TTAAAAAAAA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         210         220         230         240         250
GAAAACCTTC CCTTTGTTTT GATTTTTCTG GGGGGAACCC TTTTTTAGAG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260         270         280         290         300
AACCTTATAG AGAGCCGGAA AACTTATCTA TCGAGAGCGG AAAGGGCGAG
....|....| ...
         310
```

CTCTCTCGTA AAA

**شكل ( ٨ ) محاذاة التركيب الوراثي غدير مع التركيب الوراثي Nipponbare بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Japonica Group DNA, chromosome 10, cultivar: Nipponbare , complete sequence

Oryza sativa Japonica Group DNA, chromosome 10, cultivar: Nipponbare, complete sequenc

**Sequence ID:** AP014966.1 **Length:** 23207287 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 19120238 to 19120522** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 527 bits(285) | 9e-146 | 285/285(100%) | 0/285(0%) | Plus/Minus |

**Features:** 3597 bp at 5' side: Os10g0501401
9482 bp at 3' side: Os10g0501500

```
Query  16        AGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTA  75
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120522  AGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTA  19120463

Query  76        ACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGCaaaaaaaaCTAGATTGCATATGCATGACACCTACA  135
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120462  ACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGCAAAAAAAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACA  19120403

Query  136       CACGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATTGGGCGGCTCACCGAACTGGCCT  195
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120402  CACGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATTGGGCGGCTCACCGAACTGGCCT  19120343

Query  196       CCTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACGTACGTCCGAGC  255
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120342  CCTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACGTACGTCCGAGC  19120283

Query  256       CGGCGAACGGATCTCTCCCGTGCAGCAAAGGCGTACGTATCTCGT  300
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19120282  CGGCGAACGGATCTCTCCCGTGCAGCAAAGGCGTACGTATCTCGT  19120238
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
GAGGGGATCT GCTATAGGCG ATCAGCAACT GCACTTTGCA ATTCGGCCGA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
TGATAGCGTA TGCGTGATCA ATTAACGTGT AATTCTTTTA CGTGTTCGCA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
```

```
AAAAAAACTA GATTGCATAT GCATGACACC TACACACGTA CACGGTACAC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         160        170        180        190        200
ACGATGGATG GATGGATGGA TTGGGCGGCT CACCGAACTG GCCTCCTCTC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         210        220        230        240        250
GCACGCACGC ACGAAGGCAG GCAGCCAGCT AGCATCGAGG ACGTACGTCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260        270        280        290        300
GAGCCGGCGA ACGGATCTCT CCCGTGCAGC AAAGGCGTAC GTATCTCGTG
...

TAA
```

**شكل (٩) محاذاة التركيب الوراثي برنامج ٤ مع التركيب الوراثي فرات بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030447.1 **Length:** 291 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 129 to 291** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Pre

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 302 bits(163) | 3e-78 | 163/163(100%) | 0/163(0%) | Plus/Minus |

```
Query  19   GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  291  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  232

Query  79   GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGaaaaaaaaCTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGAAAAAAAAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACAC  172

Query  139  GTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatT  181
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  171  GTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATT  129
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
TCGCTTATCT CGTATCCTGC GATCAGCAAC TGCACTTTGC AAATTCGGCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
GATGATAGCG TATGCGTGAT CAATTAACGT GTAATTCTTT TACGTGTTCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
AAAAAAAACT AGATTGCATA TGCATGACAC CTACACACGT ACACGGTACA
....|....| ....|....| ....|....| .
         160        170        180
CACGATGGAT GGATGGATGG ATGGATGGAT T
```

**شكل ( ١٠ ) محاذاة التركيب الوراثي**
**Dorfak مع التركيب الوراثي برنامج ٤**
**بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030450.1 **Length:** 326 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 102 to 277** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previo

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 326 bits(176) | 2e-85 | 176/176(100%) | 0/176(0%) | Plus/Minus |

```
Query  15   CAGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATT  74
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  277  CAGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATT  218

Query  75   AACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTAC  134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  217  AACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTAC  158

Query  135  ACACGTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatggatggatTG  190
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  157  ACACGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATTG  102
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
ATCCGATTTC GTTCCAGGCG ATCAGCAACT GCACTTTGCA AATTCGGCCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
ATGATAGCGT ATGCGTGATC AATTAACGTG TAATTCTTTT ACGTGTTCGT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
AAAAATAACT AGATTGCATA TGCATGACAC CTACACACGT ACACGGTACA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         160        170        180        190
CACGATGGAT GGATGGATGG ATGGATGGAT GGATGGATTG
```

**شكل ( ١١ ) محاذاة التركيب الوراثي**
**Gohar مع التركيب الوراثي برنامج ٤**
**بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030450.1 **Length:** 326 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 1 to 301** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previ

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 556 bits(301) | 1e-154 | 301/301(100%) | 0/301(0%) | Plus/Plus |

```
Query  1    CGAGGGAAAATCGTTCGCTGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCT  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CGAGGGAAAATCGTTCGCTGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCT  60

Query  61   TCGTGCGTGCGTGCGAGAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAatccatccatccatcca  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   TCGTGCGTGCGTGCGAGAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAATCCATCCATCCATCCA  120

Query  121  tccatccatccatccatcGTGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATC  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TCCATCCATCCATCCATCGTGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATC  180

Query  181  TAGTTATTTTTACGAACACGTAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCA  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TAGTTATTTTTACGAACACGTAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCA  240

Query  241  TCGGCCGAATTTGCAAAGTGCAGTTGCTGATCGCCTGATCGCCTTAATATTTGGAGTGCG  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  TCGGCCGAATTTGCAAAGTGCAGTTGCTGATCGCCTGATCGCCTTAATATTTGGAGTGCG  300

Query  301  T  301
            |
Sbjct  301  T  301
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
          10         20         30         40         50
CGAGGGAAAA TCGTTCGCTG GCTCGGACGT ACGTCCTCGA TGCTAGCTGG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
CTGCCTGCCT TCGTGCGTGC GTGCGAGAGG AGGCCAGTTC GGTGAGCCGC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
```

```
CCAATCCATC CATCCATCCA TCCATCCATC CATCCATCGT GTGTACCGTG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
          160        170        180        190        200
TACGTGTGTA GGTGTCATGC ATATGCAATC TAGTTATTTT TACGAACACG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         210        220        230        240        250
TAAAAGAATT ACACGTTAAT TGATCACGCA TACGCTATCA TCGGCCGAAT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260        270        280        290        300
TTGCAAAGTG CAGTTGCTGA TCGCCTGATC GCCTTAATAT TTGGAGTGCG
```

**شكل ( ١٢ ) محاذاة التركيب الوراثي Khazar**
**مع التركيب الوراثي برنامج ٤**
**بنسبة تطابق ٩٩ %**

99% Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence

**Oryza sativa Indica Group cultivar Brnamge-4 microsatellite RM171 sequence**

**Sequence ID:** KF030450.1 **Length:** 326 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 12 to 322** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Prev

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 569 bits(308) | 1e-158 | 310/311(99%) | 0/311(0%) | Plus/Plus |

```
Query  1    CGTTCGCTGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCTTCGTGCGTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  12   CGTTCGCTGGCTCGGACGTACGTCCTCGATGCTAGCTGGCTGCCTGCCTTCGTGCGTGCG  71

Query  61   TGCGAAAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAatccatccatccatccatccatccatcc  120
            ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  72   TGCGAGAGGAGGCCAGTTCGGTGAGCCGCCCAATCCATCCATCCATCCATCCATCC  131

Query  121  atccatcGTGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATCTAGTTATTTTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  132  ATCCATCGTGTGTACCGTGTACGTGTGTAGGTGTCATGCATATGCAATCTAGTTATTTTT  191

Query  181  ACGAACACGTAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCATCGGCCGAATT  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192  ACGAACACGTAAAAGAATTACACGTTAATTGATCACGCATACGCTATCATCGGCCGAATT  251

Query  241  TGCAAAGTGCAGTTGCTGATCGCCTGATCGCCTTAATATTTGGAGTGCGTAAGTACGTGT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  252  TGCAAAGTGCAGTTGCTGATCGCCTGATCGCCTTAATATTTGGAGTGCGTAAGTACGTGT  311

Query  301  CCCTCGCGTTA  311
            ||||||||||
Sbjct  312  CCCTCGCGTTA  322
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
          10         20         30         40         50
CGCTCGCCGG ATCGGACGTA CGTCCTCGAT GCTAGCTGGC TGCCTGCCTT
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
          60         70         80         90        100
CGTGCGTGCG TGCGAAAGGA GGCCAGTTCG GTGAGCCGCC CAATCCATCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
ATCCATCCAT CCATCCATCC ATCCATCGTG TGTACCGTGT ACGTGTGTAG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         160        170        180        190        200
```

```
GTGTCATGCA TATGCAATCT AGTTATTTTT ACGAACACGT AAAAGAATTA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         210        220        230        240        250
CACGTTAATT GATCACGCAT ACGCTATCAT CGGCCGAATT TGCAAAGTGC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
          260        270        280        290        300
AGTTGCTGAT CGCCTGATCG CCTTAATATT TGGAGTGCGT AAGTACGTGT
....|....|
         310
CCTCGCGTTA
```

**شكل ( ١٣ ) محاذاة التركيب الوراثي Shiroudi**
**مع التركيب الوراثي مشخاب ـ٢**
**بنسبة تطابق ١٠٠%**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence

**Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence**

**Sequence ID:** KF030449.1 **Length:** 326 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 111 to 274** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Pr

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 303 bits(164) | 9e-79 | 164/164(100%) | 0/164(0%) | Plus/Minus |

```
Query  20   GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  79
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  274  GCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTAAC  215

Query  80   GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACA  139
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  214  GTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACACA  155

Query  140  CGTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatg  183
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  154  CGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATG  111
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
ACCGCGTATC TCGTATCGAG CGATCAGCAA CTGCACTTTG CAAATTCGGC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
CGATGATAGC GTATGCGTGA TCAATTAACG TGTAATTCTT TTACGTGTTC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110        120        130        140        150
GTAAAAATAA CTAGATTGCA TATGCATGAC ACCTACACAC GTACACGGTA
....|....| ....|....| ....|....| ...
         160        170        180
CACACGATGG ATGGATGGAT GGATGGATGG ATG
```

شكل ( ١٤ ) محاذاة التركيب الوراثي
Neda مع التركيب الوراثي مشخاب-١
بنسبة تطابق ٩٦ %

96% Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030448.1 **Length:** 306 **Number of Matches:** 1

**Range 1: 4 to 264** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Prev

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 431 bits(233) | 7e-117 | 256/266(96%) | 6/266(2%) | Plus/Minus |

```
Query  17   AGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTA  76
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  AGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAATTA  205

Query  77   ACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGaaaaaa-aaCTAGATTGCATATGCATGACACCTACA  135
            |||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  204  ACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGCAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCTACA  145

Query  136  CACGTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatTGGGCGGCTCACCGA  195
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||
Sbjct  144  CACGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGAT----TGGGCGGCTCACCGA  89

Query  196  ACTGGCCTCCTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACGTAC  255
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  88   ACTGGCCTCCTCTCGCACGCACGCACGAAGGCAGGCAGCCAGCTAGCATCGAGGACTTAC  29

Query  256  GTCCGAGCCGGCGAACGGATCTCTCC  281
            ||||||||| ||||||| ||||| ||
Sbjct  28   GTCCGAGCCAGCGAACG-ATCTCACC  4
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50
GGACGTATCT CGTATCAGGC GATCAGCAAC TGCACTTTGC AAATTCGGCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60         70         80         90        100
GATGATAGCG TATGCGTGAT CAATTAACGT GTAATTCTTT TACGTGTTCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        110        120        130        140        150
AAAAAAAACT AGATTGCATA TGCATGACAC CTACACACGT ACACGGTACA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        160        170        180        190        200
CACGATGGAT GGATGGATGG ATGGATGGAT TGGGCGGCTC ACCGAACTGG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
```

```
         210         220         230         240         250
CCTCCTCTCG CACGCACGCA CGAAGGCAGG CAGCCAGCTA GCATCGAGGA
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         260         270         280         290         300
CGTACGTCCG AGCCGGCGAA CGGATCTCTC CCGTGCAGCA AAGGCGTACG
....|....| .
         310
TATCTCGTAC C
```

**شكل (١٥ ) محاذاة التركيب الوراثي Nemat**
**مع التركيب الوراثي العباسية**
**بنسبة تطابق ١٠٠ %**

100% Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence

Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence

**Sequence ID:** KF030451.1 **Length:** 331 **Number of Matches:** 1

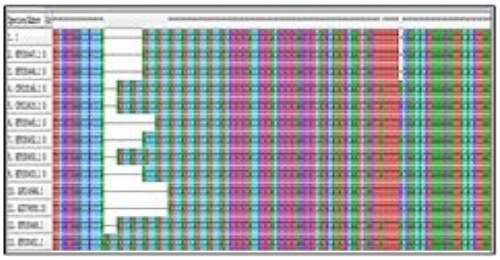
**Range 1: 107 to 282** GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Prev

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---|---|---|---|---|
| 326 bits(176) | 2e-85 | 176/176(100%) | 0/176(0%) | Plus/Minus |

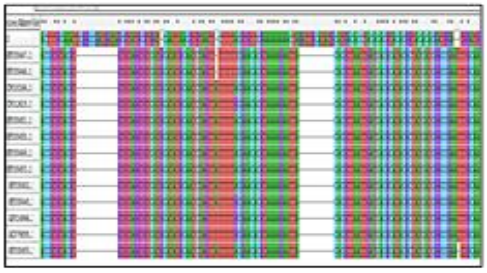
```
Query  14   ATCAGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAA  73
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  282  ATCAGGCGATCAGCAACTGCACTTTGCAAATTCGGCCGATGATAGCGTATGCGTGATCAA  223

Query  74   TTAACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCT  133
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  222  TTAACGTGTAATTCTTTTACGTGTTCGTAAAAATAACTAGATTGCATATGCATGACACCT  163

Query  134  ACACACGTACACGGTACACACgatggatggatggatggatggatggatggatggat  189
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  162  ACACACGTACACGGTACACACGATGGATGGATGGATGGATGGATGGATGGAT  107
```

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10          20          30          40          50
GGGGGTATCT CGTATCAGGC GATCAGCAAC TGCACTTTGC AAATTCGGCC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         60          70          80          90         100
GATGATAGCG TATGCGTGAT CAATTAACGT GTAATTCTTT TACGTGTTCG
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         110         120         130         140         150
TAAAAATAAC TAGATTGCAT ATGCATGACA CCTACACACG TACACGGTAC
....|....| ....|....| ....|....| ....|....
         160         170         180
ACACGATGGA TGGATGGATG GATGGATGGA TGGATGGAT
```

ملحق جدول (٥) متعددة الاصطفاف وشجرة العلاقة الوراثية للتراكيب الخمسة عشر من الرز مع التراكيب المسجلة في موقع بنك الجينات والمسجلة عالميا في ال(NCBI).



1

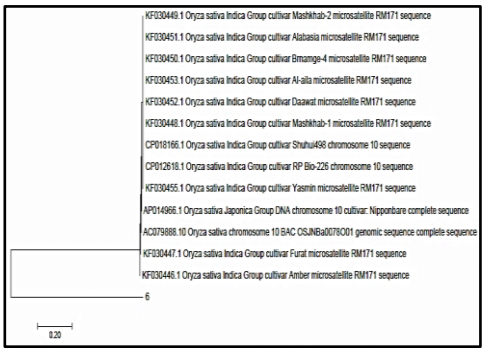


2

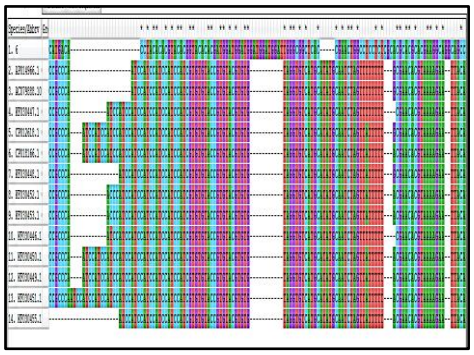
3

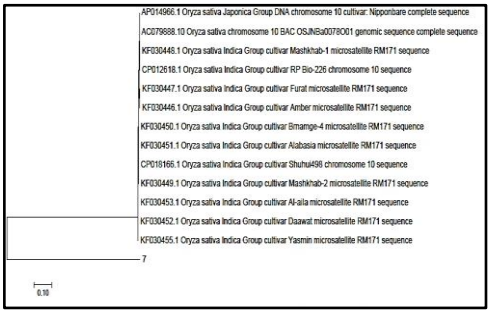
4

5

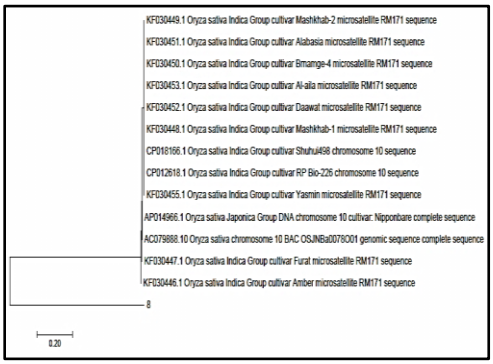

KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP018166.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079888.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
6
0.20

6

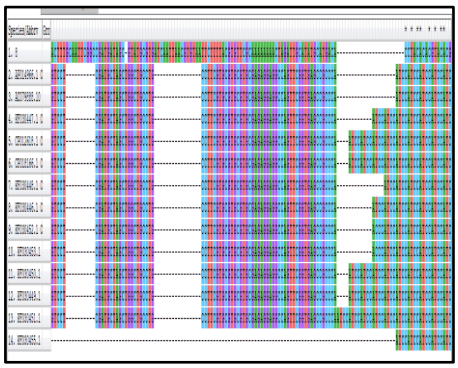


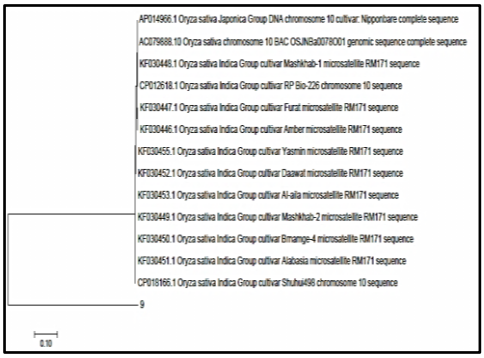

AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079888.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
CP018166.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
7
0.10

7

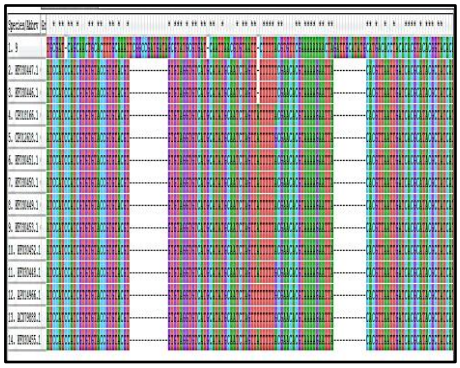

KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP018166.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079888.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
8
0.20

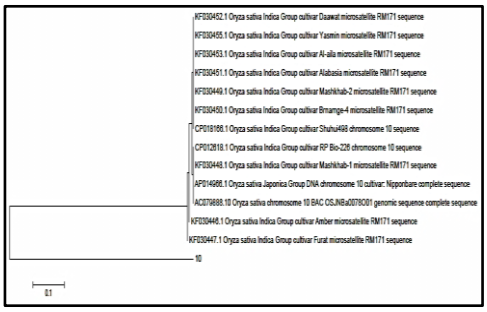
8



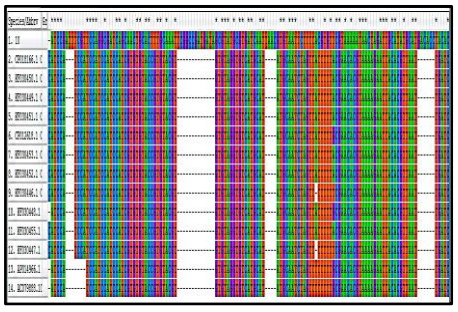

AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079888.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
CP018166.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
9
0.10

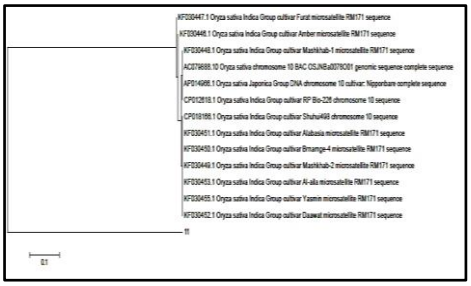
9



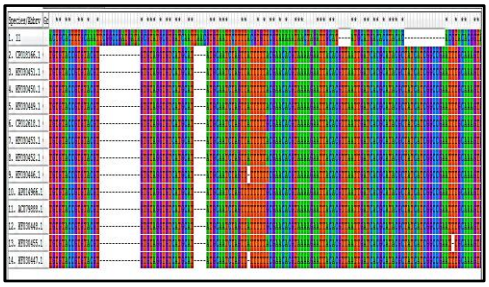

KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-aila microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
CP018166.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079888.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
10
0.1

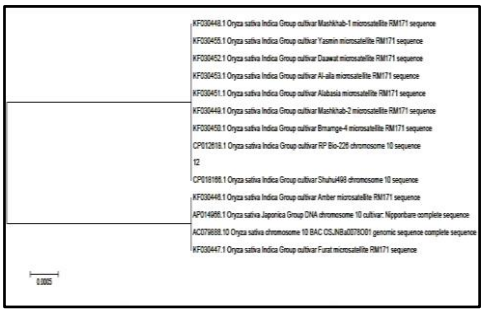
10



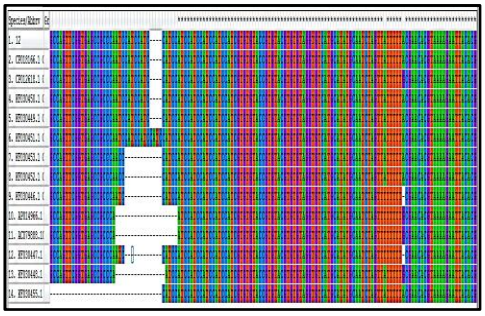

KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
AC079688.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
CP018168.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-ala microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
11
0.1

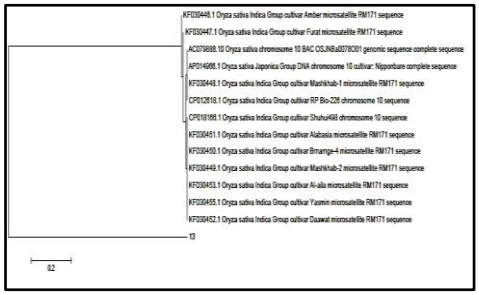
11



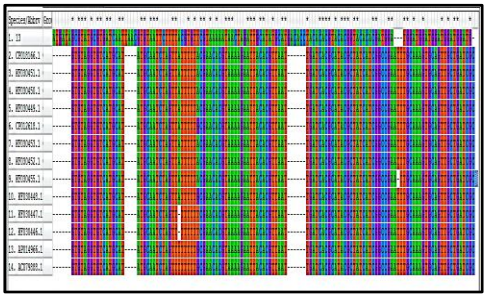

KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-ala microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
12
CP018168.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079688.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
0.0005

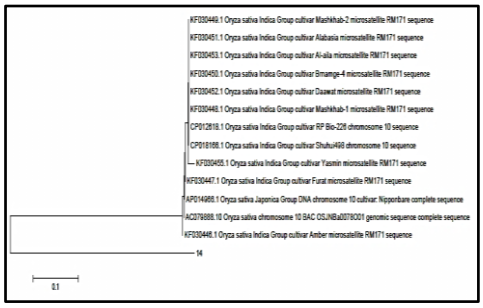
12



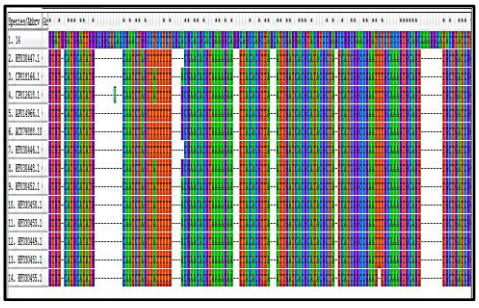

KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
AC079688.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
CP018168.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-ala microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
13
0.2

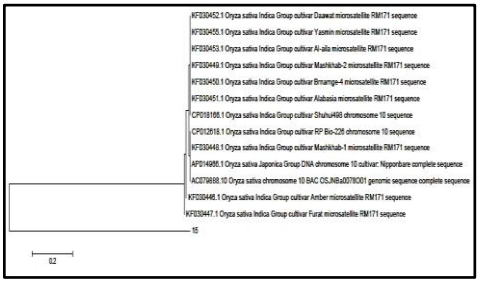
13



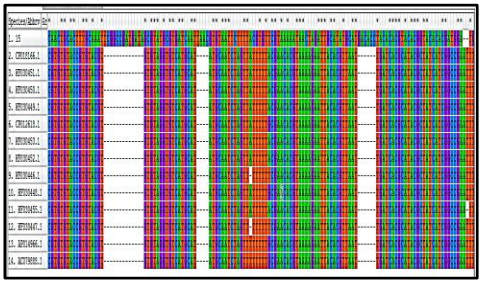

KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-ala microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
CP018168.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079688.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
14
0.1

14




KF030452.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Daawat microsatellite RM171 sequence
KF030455.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Yasmin microsatellite RM171 sequence
KF030453.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Al-ala microsatellite RM171 sequence
KF030449.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-2 microsatellite RM171 sequence
KF030450.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Bmamge-4 microsatellite RM171 sequence
KF030451.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Alabasia microsatellite RM171 sequence
CP018168.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Shuhui498 chromosome 10 sequence
CP012618.1 Oryza sativa Indica Group cultivar RP Bio-226 chromosome 10 sequence
KF030448.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Mashkhab-1 microsatellite RM171 sequence
AP014966.1 Oryza sativa Japonica Group DNA chromosome 10 cultivar: Nipponbare complete sequence
AC079688.10 Oryza sativa chromosome 10 BAC OSJNBa0078O01 genomic sequence complete sequence
KF030446.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Amber microsatellite RM171 sequence
KF030447.1 Oryza sativa Indica Group cultivar Furat microsatellite RM171 sequence
15
0.2

15



# Summary

The study included fifteen genotypes of rice (local and introduced) for the study of morphological, cytological and molecular studies using a number of parameters . A field experiment was conducted at the Rice Research Station in Mashkhab governorate of Najaf Governorate and during the (2018) summer season by Randomized Complete Block Design (RCBD), and arrangement three replicates to evaluate the performance of 15 genotypes from the rice crop *Oryza sativa* L., and to determine the best characteristics as selection indices with grain yield.

A number of traits were studied: number of days from planting to 50% flowering, number of days from planting to maturity, Plant height, Leaf area index, length of panicle, number of branches / panicle, number of panicles / $m^2$, number of grains filled in panicle , sterility percentage, weight of 1000 grains, biological yield, harvest index and grain yield. Using Least Significant Differences ( L.S.D.) p= 0.01.

The results showed that the genotypes significantly affected the studied traits. Gohar genotype gave the highest values for the number of panicles / $m^2$ and the number of grains in the panicle. On the other hand gave the highest value in the grains yield. The broad – sense heritability in the wide range was high and all the traits entered except for the sterility percentage, which was medium. Results showed that higher genotypic and phenotypic variation were obtained for all plant height, number of panicles / $m^2$, number of grains in panicles, biological yield and grain yield, so the chances of success of the selection will be the largest of these qualities to the presence of variation great.

Results showed that highest genotypic and phenotypic correlations are positively and significantly between grain yield with harvest index gaving 0.76 and 0.73 followed by the number of grains in the panicles was 0.49 and 0.38 respectively. Conclude from this study that the growing cultivar of the Gohar genotype achieved the highest yield. Harvest index can be adopted as selection indices because that was given the higher genotypic and phenotypic correlation and higher heritability. used as an experimental criterion to improve the cereal yield of the rice

crop. As for the cytological study, all genotypes and seedling development were taken in the Petri dishes on filter paper. After 1 to 2 weeks of growth , the developing root tip were removed from the study of total cells number, divided cells number and mitotic index were studied of somatic chromosomes in the meristematic cells of the root tip. Chromosomal aberration and calculation of the percentage of chromosomal abnormalities.

Results showed that the genotypes they were in genetic stability on the level of chromosomal number and in a state of Euploid in all the investigated genotypes. This revealed that the Gohar had a significant increase compared with genotype for it gave the highest total cells number (183.2) , divided cells number (15.20) and mitotic index ( 8.43)% The results also showed a number of chromosomal abnormalities.

As for the molecular study, the use polymerase chain reactions (PCR) based on the marker Simple Sequence Repeat (SSR), The DNA was isolated from fresh leaves of the rice genotypes after 25 days from seedling using Genomic DNA plant kit protocol. Results showed that there were 21 alleles using 4 primers. The range of molecular sizes from 142,947 to 344,366 base pairs (bp). RM171 primer was the highest number of alleles 7 produced while the lowest number of alleles was 4 alleles recorded by RM216 and RM8085 primers.

The Polymorphism information content (PIC), which is the a reflection of allelic diversity and allelic repetition between genotypes ranged value from 0.5198 to 0.8006, As range of genetic diversity values ranged from 0.5711 to 0.8244. RM171 primer produced the highest value of Heterozygote with 0.4000, RM171 primers gave a distinctive genetic fingerprinting of 4 genotypes, under study while the RM8085 did not gave a fingerprint to any genotypes. The lowest genetic distance 0.13279 between Neda and Nemat genotypes, which means that there is a high degree of similarity between these genotypes. Genetic similarity of percent all genotypes ranged between (296470 - 0.86721) depending on the genetic distance that ranging from (0.13279 – 70353) which refers to the large genetic diversity ranged from 29% - 86%. This reveals a high genetic variation between genotypes, making hereditary good sources.

## Summary

Results also showed that Cluster analysis of two main groups. The first included 12 genotypes, the second included three genotypes. They were not distributed randomly, but its distribution was common ancestor. This is due to the efficiency of the SSR marker in the detection of genetic diversity in rice plant. By using SSR it is possible able to detect of quantitative traits loci that associated drought tolerance and salinity with fertility restorer genes.

Results of the (PCR) test using the RM171 primer determination of the nucleotide sequence (nitrogen bases) generated from PCR-amplified products using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). From the comparison of the nucleotide sequences analysis obtained from the identified rice genotypes with the nucleotide sequences deposited at the National Center for Biotechnology Information (NCBl), it was revealed that the identified genotypes that all in this study were related to *Oryza sativa* L. (rice). As found by comparing the nucleotide sequence with the data available at the National Center for Biotechnology Information (NCBI) and showed that the genetic similarity between them, but five of the genotypes, Sumer, Anbar furat, Khazar, Neda, and the Anber Baghdad are not previously, so registered at (NCBI). Therefore; the five identified sequences have been deposited and recorded in GenBank database (NCBI) under the accession numbers: MK419157, MK419158, MK419159, MK419160 and MK419161, respectively .

*Republic of Iraq*
*Ministry of Higher Education & Scientific Research*
*University of Kerbala*
*College of Education for pure sciences*
*Department of Biology*

# *Morphological, Cytological and Molecular Study on many Rice ( Oryza sativa L.) Genotypes*

## *A Thesis*

*Submitted to the council of the College of Education for pure sciences - Kerbala University as Partial Fulfillment of the Requirement for Degree of The Doctor of Philosophy of Science in Biology / Botany*

*By*
*Balqees Hadi HashemAL- Musawi*

*B.Sc. Biology ٢٠٠١ / Kufa University*
*M. Sc. Biology ٢٠٠٤ / Kufa University*

*Supervised By*

*Prof.Dr. Mohammed Ahmed Ibraihi AL-Anbari*
*Assist. Prof. Dr. Nidhal Abdul Hussein Al–Bdairi*

**2019 A.D** **1441 A.H**