

بررسی کنترل ژنتیکی شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک در ۸ واریته گندم پائیزه به روش تجزیه و تحلیل تلاقیهای دی آلل

عبدالمجید رضائی و بهجت اله منزوی کرباسی راوری

بترتیب دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان و مربی دانشکده کشاورزی کرمان

تاریخ وصول بیستم خردادماه ۱۳۷۰

چکیده

به منظور تعیین کنترل ژنتیکی شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک در گندم پائیزه، از طرح تلاقیهای دی آلل با ۸ والد استفاده شد. والد ها و نتاج F_1 به صورت طرح کاملاً تصادفی با چهار تکرار در گلخانه مورد مقایسه قرار گرفتند. داده های حاصل به روشهای جینکز-هیمن و هالورومیراندا و همچنین مدل ۱ روش ۴ کریفینگ تجزیه و تحلیل شد. تفاوت بین والد ها و بین تلاقیها برای هر دو صفت معنی دار بود. نتایج مبین وجود هتروزیس برای هر دو صفت بود. بررسی میانگین مربعات قابلیت های ترکیب پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) و همچنین وجود متوسط هتروزیس نشان داد که در کنترل ژنتیکی هر دو صفت سهم اثرات غیرافزایشی ژنها بیشتر از اثرات افزایشی می باشد. تحلیل گرافیکی شاخص برداشت فوق غالبیت و اهمیت بیشتر غالبیت را در کنترل ژنتیکی این صفت نشان داد، ولی به خاطر انحراف از فرضیات مدل، به نظر می رسد که این فوق غالبیت از نوع کاذب باشد. برآوردهای وراثت پذیری عمومی و خصوصی شاخص برداشت (بترتیب ۷۶ و ۶۶٪) بیانگر وراثت پذیری نسبتاً بالا این صفت می باشد. نتایج حاصل مبین کارآئی نسبتاً پائین عملکرد بیولوژیک و مطلوبیت شاخص برداشت برای استفاده در برنامه های انتخاب است. در این راستا بر پتانسیل نتاج حاصل از تلاقی والد های لردگان، چادگان، نطنز و مغان ۲ با دیگر والد ها تاکید می گردد.

مقدمه

شده است. عملکرد دانه با افزایش عملکرد بیولوژیک، و شاخص برداشت و یا هر دو افزایش می یابد. افزایش عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت با عث افزایش عملکرد درسه جامعه ذرت گردیده است (۳). نقش شاخص برداشت در افزایش عملکرد دانه غلات در تحقیقات زیادی مورد تاکید قرار گرفته است (۴، ۹، ۱۱، ۱۴، ۱۵، ۱۷، ۱۸ و ۱۹). به علاوه در موارد زیادی

عملکرد غلات از دو جنبه مورد ملاحظه قرار می گیرد: الف - عملکرد بیولوژیک یا کل ماده خشک تولید شده توسط گیاه در طی فصل رشد، ب - عملکرد اقتصادی که در بسیاری از موارد عملکرد دانه مترادف است. نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک (به استثنای ریشه ها) به عنوان شاخص برداشت^۱ تعریف

به اهمیت بسیار بیشتر شاخص برداشت نسبت به عملکرد بیولوژیک در افزایش عملکرد دانه گندم، جو، برنج و یولاف اشاره گردیده است (۴). مطالعات محدودی در مورد وراثت پذیری شاخص برداشت انجام پذیرفته است. در هر صورت قبل از طرح ریزی یک برنامه به نژادی برای بهبود شاخص برداشت، اطلاع کامل از ماهیت کنترل ژنتیکی آن ضروری است.

تجزیه و تحلیل تلاقیهای دی آلل روش مناسبی برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی و ابزار بسیار مهمی در علم اصلاح نباتات می باشد (۵). روش گریفینگ (۶)، برای تجزیه و تحلیل تلاقیهای دی آلل به منظور ارزیابی جوامع یا گروههای برگزیده لینه های اینبرد برای برآورد قابلیت های ترکیب پذیری^۱ ارائه شده است. در روش جینکز و هیمن (۱۰) تنوع فنوتیپی به اجزاء ژنوتیپی و محیطی و سپس تنوع ژنوتیپی به اجزاء افزایشی^۲ و غالبیت^۳ تفکیک می گردد. بدین گونه اطلاعات زیادی در مورد سیستم ژنتیکی صفت مورد بررسی حاصل می گردد. بررسی حاضر به منظور تعیین سیستم ژنتیکی کنترل کننده عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت در گندم پائیزه انجام گرفته است.

مواد و روشها

مواد و روشهای مورد استفاده قبلاً^۴ به طور کامل گزارش شده اند (۱) و در اینجا به ذکر نکات مختصری اکتفا می گردد. به منظور انجام این مطالعه کلیه تلاقیهای ممکن بین ۶ ژنوتیپ گندم بومی به نامهای چادگان، لردگان، نطنز، کرمانشاه، مشهد و دلیجان و دو رقم اصلاح شده به اسامی روشن و مغان^۲ انجام شد. بذور F_1 و والدین آنها در طی زمستان ۱۳۶۶ و بهار

۱۳۶۷ در گلخانه و تحت شرایط نور و حرارت مناسب و به صورت طرح کاملاً^۴ تصادفی در ۴ تکرار مسـورد ارزیابی قرار گرفتند (۱). بدین منظور از گلدانهایی با قطر متوسط ۲۴ سانتیمتر استفاده گردید. در هر گلدان یکی از بذور F_1 و والدین مربوطه کشت شدند. به منظور بهاره سازی^۴، گلدانها به مدت کافی در خارج از گلخانه در سرما نگهداری شدند. آبدهی به گلدانها، سمپاشی، بر علیه آفات و کوددهی نیز بر حسب نیاز انجام شد (۱). پس از برداشت و جدا کردن دانه از کاه و خشکانیدن آنها به مدت ۴۸ ساعت در حرارت ۶۰ درجه سانتیگراد در آون، عملکرد دانه و بیولوژیک (تمام گیاه بجز دانه و ریشه) بر حسب گرم در بوته تعیین شد. سپس شاخص برداشت از نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک بر حسب درصد محاسبه گردید. داده های حاصل بر اساس روش پیشنهادی هالـسور و میراندا (۸) تجزیه و تحلیل گردید. بدین ترتیب مجموع مربعات ژنوتیپها (والدها و تلاقیها) به ۳ جزء مربوط به والدها، تلاقیها و والدها در برابر تلاقیها تفکیک گردید. همچنین مجموع مربعات تلاقیها با استفاده از فرمولهای مدل ۱ در روش ۴ گریفینگ (۷) به ۲ جزء مربوط به قابلیت های ترکیب پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) تفکیک شد. اثرات GCA برای هر والد و SCA برای هر تلاقی محاسبه گردید. در آزمونهای F به منظور تعیین معنی دار بودن یا نبودن منابع تغییرات از خطای آزمایش در تجزیه واریانس ژنوتیپها استفاده شد. برای آزمون معنی دار بودن یا نبودن اثرات قابلیت های ترکیب پذیری عمومی و خصوصی از برآورد واریانس این اثرات [بترتیب $\text{var}(g_i)$ و $\text{var}(S_{ij})$] طبق فرمولهای زیر

1- Combining abilities

2- Additive

3- Dominance

4- Vernalization

(نطنز x مشهد) تا ۱۲/۸۴ گرم دربوتنه (لردگان x مغان ۲) متغیر بود. اختلاف بین والدها و بین تلاقیها و واریانس والدها در مقابل تلاقیها و همچنین واریانسهای قابلیت‌های ترکیب پذیری عمومی و خصوصی از نظر آماری معنی دار بودند. اثرات قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی برای والد چادگان پتانسیل بالای آنرا در برنامه های به نژادی نشان دادند. به طور کلی سهم اثرات غیرافزایشی ژنها (غالبیت و اپیستازی) در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه بیشتر از سهم اثرات افزایشی بود.

عملکرد بیولوژیک

اختلاف بین والدها و بین تلاقیها برای عملکرد بیولوژیک بترتیب در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد معنی دار بود (جدول ۱). واریانس قابلیت ترکیب پذیری عمومی برای این صفت معنی دار نبود اما این واریانس برای قابلیت ترکیب پذیری خصوصی بسیار معنی دار گردید. همچنین میانگین مربعات والدها در برابر تلاقیها که آزمونی برای وجود هتروزیس است (۸) بسیار معنی دار بود. نتایج حاصل نشان داد که عملکرد بیولوژیک بطور عمده توسط عمل غیرافزایشی ژنها کنترل می‌شود. روزبیل و فرای (۱۶) نیز دریولاف به نتایج مشابهی دست یافته‌اند، قابلیت توارث عمومی این صفت برابر با ۶۰ درصد برآورد گردید. این برآورد تا حدودی می‌تواند ناشی از انجام آزمایش در شرایط کنترل شده کلخانه باشد. به هر صورت استفاده مستقیم از این صفت به عنوان معیاری برای انتخاب، علیرغم قابلیت توارث بالا، به خاطر سهم زیاد اثرات غیرافزایشی ژنها که دال بر پیچیدگی توارث این صفت می‌باشد منجر به کاهش بازده انتخاب و حصول نتایج غیر قابل پیش بینی در برنامه های به نژادی خواهد شد.

استفاده کردید (۷).

$$\text{var}(g_1) = \frac{p-1}{p(p-2)} \hat{\sigma}^2$$

$$\text{var}(s_{ij}) = \frac{p-3}{p-1} \hat{\sigma}^2$$

در این فرمولها p تعداد والد و $\hat{\sigma}^2$ مساوی با واریانس خط تقسیم بر تعداد تکرار است. به منظور مطالعه جامع تر و برآورد پارامترهای ژنتیکی شاخص برداشت از روش پیشنهادی جینکز و هیمن (۱۰) برای تجزیه و تحلیل تلاقیهای دی آلل استفاده شد. با فرض عدم وجود تفاوت بین تلاقیهای معکوس جدول متقارن $p \times p$ که هر ردیف آن مربوط به یک والد است تنظیم کردید. در این جدول از میانگین تکرارهای هر والد یا هر تلاقی استفاده شد. پس از محاسبه واریانس هر ردیف یا هر والد (V_r) و کواریانس نتاج هر ردیف با والد مشترک (W_r)، مشخصات خط رگرسیون V_r روی W_r تعیین شد و با توجه به واریانس والدها (V_p) معادله سهمی محدودکننده ($W_r = V_p V_r$) بدست آمد. سپس میانگین کواریانس والدین و نتاج آنها در هر ردیف (V_r)، واریانس میانگینهای ردیفها (V_r)، میانگین واریانس ردیفها (V_r) و میانگینهای والدها (m_{l_0}) و نتاج (m_{l_1}) محاسبه کردید. با توجه به شاخصهای فوق پارامترهای D ، H_1 ، H_2 ، F و h که در قسمت نتایج و بحث تشریح شده‌اند محاسبه گردیدند.

نتایج و بحث

نتایج مربوط به عملکرد دانه قبلا در مقاله دیگری گزارش شده است (۱). به طور خلاصه میانگین عملکرد دانه والدها بین ۳/۹۰ (مشهد) تا ۱۰/۳۷ (روشن) گرم دربوتنه و میانگین عملکرد تلاقیها نیز بین ۴/۹۱

جدول ۱- تجزیه واریانس دی آلل برای عملکرد بیولوژیک (گرم در بوته) و شاخص برداشت (درصد) در ۳۶ ژنوتیپ (۸ والد و ۲۸ تلاقی) گندم.

میانگین مربعات		درجات آزادی	منابع تغییرات
شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک		
۴۸/۵***	۵۸/۳***	۳۵	ژنوتیپها
۵۷/۱*	۵۳/۴*	۷	والدها
۱۶۶/۲***	۳۴۶/۶***	۱	والدها در برابر تلاقیها
۴۱/۹*	۴۸/۹***	۲۷	تلاقیها
۸۴/۲***	۳۴/۲	۷	GCA
۲۷/۲	۵۳/۹***	۲۰	SCA
۲۳/۱۵	۲۳/۳	۱۰۸	خطا

* و **: بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

میانگین عملکرد بیولوژیک والدها بین ۱۱/۲۶ (گردد) تا ۲۲/۵۱ (مشهد) (روشن) گرم در بوته و میانگین تلاقیها بین ۱۲/۷۳ (نطنز × مشهد) تا ۲۵/۹۴ (لردگان × مغان ۲) گرم در بوته متغیر بود (جدول ۲). قابل توجه است که همین نتایج برای عملکرد دانه نیز حاصل گردیده‌اند.

والدهای لردگان و چادگان با لاترین اثرات مثبت GCA را حائز بوده‌اند. این والدها بترتیب تنها در تلاقی با ۳ و ۲ والد از ۷ والد دیگر اثرات SCA معنی - داری را نشان دادند. بنابراین استفاده از این صفت در برنامه‌های به‌نژادی باید تنها به این والدها و نتایج حاصل از تلاقی آنها با دیگر والدها، آنهم پس از چندین نسل تفکیک صفات و اطلاعات حاصل از آن نسلها محدود

این مدل برای عملکرد بیولوژیک وجود ندارد (۱۰).

شاخص برداشت

میانگین شاخص برداشت والدها بین ۳۴/۶ (مشهد) تا ۴۶/۶ (چادگان) درصد و میانگین تلاقیها بین ۳۸ تا ۵۱ درصد متغیر بود (جدول ۳). تلاقی نطنز با مشهد و لردگان کمترین شاخص برداشت و تلاقی لردگان با دلیجان و مغان ۲ و تلاقی دلیجان × چادگان بیشترین

جدول ۲- میانگین عملکرد بیولوژیک (گرم در بوته) برای ۸ والد (روی قطر) و ۲۸ تلاقی مربوطه (پائین قطر) و اثرات قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (بالای قطر) و عمومی آنها.

اثرات قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (SCA)		اثرات قابلیت ترکیب پذیری عمومی (GCA)		میانگین												
والد	چادگان	لردگان	نظنز	کرمانشاه	مشهد	دلیجان	روشن	مغان ۲	چادگان	لردگان	نظنز	کرمانشاه	مشهد	دلیجان	روشن	مغان ۲
۱/۱۱	۱۵/۷۷	-۱/۵۰	۳/۵۸*	۳/۲۶*	-۴/۴۴**	۲/۵۱*	۰/۲۶	-۳/۱۴*	۱۵/۷۷	-۱/۵۰	۳/۵۸*	۳/۲۶*	-۴/۴۴**	۲/۵۱*	۰/۲۶	-۳/۱۴*
۱/۸۰	۲۰/۲۳	۱۳/۶۲	-۳/۶۶*	۰/۶۶	۰/۲۰	-۰/۴۴	-۰/۳۸	۵/۰۳**	۲۰/۲۳	۱۳/۶۲	-۳/۶۶*	۰/۶۶	۰/۲۰	-۰/۴۴	-۰/۳۸	۵/۰۳**
-۰/۱۱	۲۳/۴۰	۱۶/۸۵	۱۶/۴۱	-۲/۲۶	-۴/۸۲**	-۰/۳۹	۱/۳۱	۵/۳۸**	۲۳/۴۰	۱۶/۸۵	۱۶/۴۱	-۲/۲۶	-۴/۸۲**	-۰/۳۹	۱/۳۱	۵/۳۸**
-۱/۲۰	۲۱/۹۹	۲۰/۰۹	۱۵/۲۵	۱۲/۵۸	۵/۵۵**	-۳/۰۰*	-۰/۶۱	-۳/۵۹*	۲۱/۹۹	۲۰/۰۹	۱۵/۲۵	۱۲/۵۸	۵/۵۵**	-۳/۰۰*	-۰/۶۱	-۳/۵۹*
-۱/۱۶	۱۴/۳۳	۱۹/۶۷	۱۲/۷۳	۲۲/۰۲	۱۱/۲۶	۵/۹۳**	۰/۱۳	۲/۵۴*	۱۴/۳۳	۱۹/۶۷	۱۲/۷۳	۲۲/۰۲	۱۱/۲۶	۰/۱۳	۲/۵۴*	۲/۵۴*
۰/۵۵	۲۲/۹۹	۲۰/۷۳	۱۹/۶۵	۱۵/۱۷	۲۴/۱۴	۱۶/۷۱	-۲/۲۶	-۳/۱۱*	۲۲/۹۹	۲۰/۷۳	۱۹/۶۵	۱۵/۱۷	۲۴/۱۴	۱۶/۷۱	-۲/۲۶	-۳/۱۱*
-۱/۲۸	۱۸/۳۹	۱۸/۹۷	۱۸/۸۵	۱۵/۷۴	۱۶/۵۲	۱۵/۸۳	۲۲/۵۱	۱/۹۸	۱۸/۳۹	۱۸/۹۷	۱۸/۸۵	۱۵/۷۴	۱۶/۵۲	۱۵/۸۳	۲۲/۵۱	۱/۹۸
۰/۲۸	۱۷/۰۷	۲۵/۹۴	۲۴/۳۷	۱۴/۳۱	۱۵/۴۱	۱۶/۵۴	۱۹/۸۱	۱۱/۸۴	۱۷/۰۷	۲۵/۹۴	۲۴/۳۷	۱۴/۳۱	۱۵/۴۱	۱۶/۵۴	۱۹/۸۱	۱۱/۸۴

۱ : در این جدول میانگین ها مقایسه نشده اند .
 * و ** : بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد .

جدول ۳- میانگین^۱ میانگین شاخص برداشت (درصد) برای ۸ والد (روی قطر) و ۲۸ تلاقی مربوطه (پائین قطر) و اثرات قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (بالای قطر) و عمومی آنها .

		اثرات قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (SCA)								والد	
		مغان ۲				مغان ۱				چادگان	لردگان
	بذیری عمومی (GCA)	مغان ۲	روشن	دلجان	مشهد	کرمانشاه	نطنز	لردگان	چادگان	والد	
۳/۵۰	۳/۵۰	-۲/۸۱	-۰/۳۱	۰/۱۹	-۰/۴۸	-۰/۶۴	۱/۶۹	۲/۳۶	۴۷	چادگان	
۰/۵۰	۰/۵۰	۳/۶۹	-۲/۸۱	۲/۶۹	۱/۰۲	-۲/۱۴	-۴/۹۱	۴۵	۵۱	لردگان	
۲/۸۳	۲/۸۳	۳/۰۹	۰/۵۲	-۰/۹۸	-۳/۶۴	۲/۱۹	۴۱	۳۸	۴۷	نطنز	
-۰/۵۰	-۰/۵۰	-۰/۳۱	۰/۱۹	-۱/۳۰	۰/۰۲	۴۲	۴۶	۴۳	۴۷	کرمانشاه	
-۰/۶۷	-۰/۶۷	-۰/۱۴	۳/۳۶	۰/۱۴	۳۴	۴۴	۳۸	۴۶	۴۶	مشهد	
۱/۶۷	۱/۶۷	-۱/۴۸	۱/۰۲	۲۲	۲۶	۴۵	۴۳	۵۰	۵۰	دلجان	
-۱/۸۳	-۱/۸۳	-۱/۹۸	۴۶	۴۶	۴۶	۴۳	۴۱	۲۱	۴۶	روشن	
۰/۶۷	۰/۶۷	۴۵	۴۲	۴۶	۴۵	۴۵	۴۶	۵۰	۴۶	مغان ۲	

۱ : در این جدول میانگین ها مقایسه نشده اند .

*** معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد .

شاخص برداشت را داشتند. اختلاف بین والدها و بین تلاقیها برای شاخص برداشت از نظر آماری معنی دار بود (جدول ۱). علاوه بر این میانگین مربعات والدها در برابر تلاقیها از نظر آماری بسیار معنی دار بود که مبین وجود هتروزیس است. واریانس قابلیت ترکیب پذیری عمومی در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار بود ولی واریانس قابلیت ترکیب پذیری خصوصی معنی دار نبود. مقایسه میانگین مربعات GCA (**۸۴/۲۰) نسبت به واریانس والدها در برابر تلاقیها (**۱۶۶/۲۸) نشان داد که این صفت از نظر ژنتیکی توسط هر دو نوع اثر افزایشی و غیرافزایشی ژنها ولی با سهم نسبتاً "بیشتر اثرات غیرافزایشی کنترل می‌گردد. والدهای چادگان و نطنز دارای اثرات GCA مثبت و معنی دار بودند. والدهای دلیجسان، مغان ۲ و لردگان نیز اثرات GCA مثبت ولی از نظر آماری غیرمعنی داری را نشان دادند. بنابراین منتظر می‌رود که در نتایج حاصل از تلاقی والدهای مذکور خصوصاً "چادگان و نطنز سهم اثرات افزایشی ژنها افزایش یافته و راندمان انتخاب نیز افزایش یابد.

نتایج آزمون مقدماتی رگرسیون W_r روی V_r برای شاخص برداشت در جدول ۴ نشان داده شده است. خط رگرسیون W_r روی V_r اختلاف معنی داری با صفر داشت اما اختلاف آن با یک معنی دار نبود، لذا فرضیات مدل جینکز - هیمن صادق می‌باشند و امکان برآورد پارامترها ژنتیکی میسر است (۱۰). خط رگرسیون W_r بر V_r در قسمت منفی محور W_r را قطع کرده است (شکل ۱)، بنابراین استنباط می‌شود که احتمالاً این خصوصیت تحت تاثیر اثر فوق غالبیت ژنها می‌باشد. پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون نشان داد که کرمانشاه

نزدیکترین والد به محل تلاقی خط رگرسیون با محور W_r بوده، لذا دارای حداکثر تعداد ژنهای غالب است. والد لردگان بیشترین فاصله را با محل مذکور داشته نتیجتاً "حداکثر تعداد ژنهای مغلوب را دارا می‌باشد. نزدیکی مختصات والد چادگان با والد کرمانشاه و والد لردگان با والد مشهد نشان می‌دهد که این والدها در مقایسه به سایر والدها برای شاخص برداشت از نظر ژنوتیپی بسیار مشابه می‌باشند.

شاخصهای آماری و پارامترهای ژنتیکی برای شاخص برداشت در جدول ۴ نشان داده شده‌اند. مقدار مثبت $(H_1 - H_2)$ نشان می‌دهد که فراوانی آللهای غالب و مغلوب در تمام لوکوسها مساوی نیست. همچنین نسبت $H_2/4H_1 = ۰.۰۶$ اثبات دیگری بر این مدعا است. محاسبه نسبت $[(4DH)^{\frac{1}{2}} + F] / [(4DH)^{\frac{1}{2}} - F]$ نشان داد که والدهای مورد مطالعه از نظر شاخص برداشت دارای آللهای غالب بیشتری نسبت به آللهای مغلوب می‌باشند و علامت جبری پارامتر h مبین اثر افزایشی آللهای غالب است، محاسبه درجه غالبیت $(H_1/D)^{\frac{1}{2}} = ۱/۸۵$ دلالت بر وجود فوق غالبیت دارد. خط رگرسیون W_r روی V_r نیز فوق غالبیت را نشان داد. طبق محاسبات انجام شده حداقل ۸ تا ۹ ژن درجه‌ای از غالبیت را نشان می‌دهند و در کنترل شاخص برداشت نقش دارند. نسبت $(\frac{1}{2} F / [D(H_1 - H_2)]^{\frac{1}{2}})$ بسیار نزدیک به صفر می‌باشد، لذا سطح غالبیت از یک لوکوس به لوکوس دیگر به شدت تغییر می‌نماید.

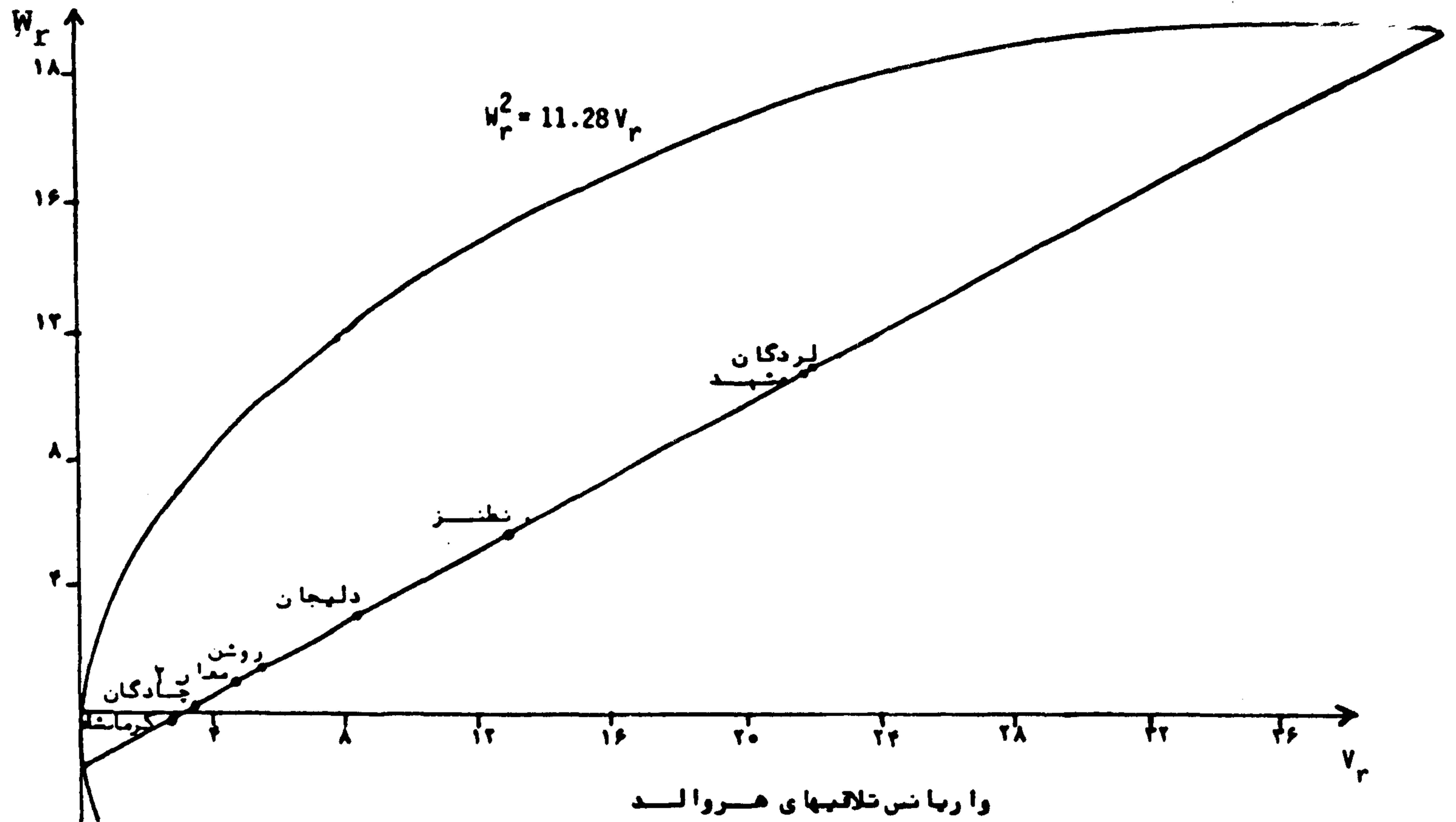
در صورت عدم وجود پیوستگی بین ژنها (صادق بودن فرضیات مدل جینکز - هیمن) انحراف دورگها از حد واسط والدین (معنی دار بودن واریانس والدها در برابر تلاقیها) بخاطر اثر متقابل ژنها در لوکوسهای

جدول ۴- برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخصهای آماری در مدل جینکز - هیمن برای شاخص برداشت (درصد) در ۳۶ ژنوتیپ (۸ والد و ۲۸ تلاقی) گندم

مقادیر برآورد شده	پارامترهای ژنتیکی و شاخصهای آماری	مقادیر برآورد شده	پارامترهای ژنتیکی و شاخصهای آماری
۱/۸۵	$(H_1/D)^{\frac{1}{2}}$	۱۱/۲۸	D
۱/۵۲	$[(4DH)^{\frac{1}{2}}+F]/[(4DH)^{\frac{1}{2}}-F]$	۳۸/۷۱	H ₁
-		۹/۴۲	H ₂
۸/۶۰	$4h^2/H_2$	۸/۶۲	F
۰/۰۲	$\frac{1}{2}F/[D(H_1 - H_2)]^{\frac{1}{2}}$	۲/۳۹	h
۰/۷۶	قابلیت توارث عمومی	۲۹/۲۹	H ₁ -H ₂
۰/۶۶	قابلیت توارث خصوصی	۰/۰۶	H ₂ /4H ₁

(۱۲) وقوع فوق غالبیت می‌تواند ناشی از پیوستگی ژنهای با غالبیت جزئی با قطعات کروموزومی در حالت دفع باشد. همچنین از پیوستگی ژنهای غالب مطلوب و مغلوب نامطلوب در حالت دفع نوعی فوق غالبیت کاذب حاصل می‌گردد. فالكونر (۲) این پدیده را فوق غالبیت کاذب نامیده است. در این مطالعه و اکثر مطالعات مشابه، واحد تفرق صفات لوکوسهای منفرد نیستند، بلکه قطعات کروموزومی است. بهر حال در این بررسی امکان تمایز بین فوق غالبیت حقیقی و کاذب وجود نداشته است. ولی بطور کلی انتظار می‌رود که شاخص برداشت نظیر اجزاء خود (عملکردهای دانه و بیولوژیک) توسط اثرات غالبیت ژنها کنترل گردد. در این صورت استفاده از شاخص برداشت به عنوان معیاری برای انتخاب منحصر به گزینش والدینی با اثرات مثبت و معنی دار GCA و انتخاب درنسلهای در حال تفرق صفات برای حصول لاینهای مطلوب خواهد بود.

مختلف (اپیستازی) از نوع افزایشی x افزایشی و یا اثر متقابل آنها در یک لوکوس (غالبیت) است. البته قابل ذکر است که پیوستگی ژنها بدون وجود اثرات اپیستازی تأثیری بر صفت مورد مطالعه نخواهند داشت (۲). نتایج نشان داد که در توارث شاخص برداشت اثرات غیر افزایشی ژنها نقش عمده تری را دارند. نسبت $(H/D)^{\frac{1}{2}}$ حتی دلالت بر فوق غالبیت نمود. اثرات غالبیت و فوق غالبیت برای بسیاری از خصوصیات گیاهان زراعی گزارش شده‌اند (۸، ۱۱، ۱۳ و ۱۶). از طرف دیگر مول و استوبر (۱۳) با بررسی نتایج تحقیقات متعددی در این زمینه اظهار می‌دارند که اثر فوق غالبیت ژنها در توارث عملکرد و سایر صفات زراعی مرتبط با آن در گیاهان مهم زراعی نقشی ندارد. بنابراین به نظر می‌رسد که اکثر نتایج گزارش شده غالبیت و یا فوق غالبیت کاذب باشند. فسوق غالبیت را تنها می‌توان در جوامع در حال تعادل از نظر پیوستگی ژنها و یا در سطح یک لوکوس مطالعه نمود.



شکل ۱- خط رگرسیون V_r (واریانس) روی W_r^2 (کوواریانس) و سهمی محدودکننده W_r^2 و پراکنش والدها برای شاخص برداشت

امکان افزایش آن از طریق روشهای به نژادی و نزدیک شدن به حد تنوری وجود دارد. کوششهای زیادی در جهت افزایش عملکرد دانه غلات از طریق انتخاب برای سایر خصوصیات زراعی و فیزیولوژیکی مبذول شده است و محققین زیادی به این نتیجه رسیده اند که شاخص برداشت می تواند نقش مهمی را در این زمینه داشته است.

از آنجائی که شاخص برداشت نسبت بین دو عدد می باشد، از نظر ریاضی حداکثر می تواند به حد ۱۰۰ درصد برسد. از نقطه نظر بیولوژیکی حداکثر این حد بسیار کمتر از این مقدار خواهد بود. در اکثر تحقیقات در مورد غلات نیز مقدار شاخص برداشت بین ۳۰ تا ۶۰ درصد گزارش شده است (۱۶)، بنابراین

REFERENCES:

مراجع مورد استفاده:

- ۱- منزوی کرباسی راوری، ب و ع و رضائی. ۱۳۶۹. برآورد قابلیت های ترکیب پذیری عمومی و خصوصی پروتئین دانه و خصوصیات مرتبط با آن در گندم پائیزه. مجله علوم کشاورزی ایران جلد ۲۲، شماره های (۴ و ۳): ۳۲-۳۷.
- 2 - Falconer, D.S. 1983. Introduction to quantitative genetics. Second edition. Longman, Inc., New York.
- 3 - Gardner, C.O., & S.A. Eberhart. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics, 22: 439-452.
- 4 - Gardner, P.J., R.B., Pearce, & R.L. Mitchell. 1985. Physiology of crop plants. The Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa.
- 5 - Gilbert, N.E.G. 1958. Diallel cross in plant breeding. Heredity, 12: 477-492.
- 6 - Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, 10: 31-50.

- 7 - Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9: 463-493.
- 8 - Hallauer, A.R., & J.B, Miranda, Fo. 1982. Quantitative genetic in maize breeding. The Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa.
- 9 - Hiesel, D.B., & K.J. Frey. 1981. Association of growth rate with other traits in oats (Avena sativa L.). Iowa State, Res. 56: 149-158.
- 10- Jinks, J.L., & B.J. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize genet. Coop. News. 1.27: 48-54.
- 11- Loffler, C.M., & R.H. Busch. 1982. Selection for grain protein, grain yield, and nitrogen partitioning efficiency in hard red spring wheat. Crop sci. 22: 591-595.
- 12- Mather, K., & J.L. Jinks. 1971. Biometrical genetics. Second edition. Chapman and Hall, London.
- 13- Moll, R.H., & C.W. Stuber. 1974. Quantitative genetics: imperial results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy, Vol. 26: 277-313.
- 14- Rosielle, A.A., & K.J. Frey. 1975. Estimation of selection parameters associated with harvest index in oat lines derived from a bulk population. Euphytica, 24: 121-131.
- 15- Rosielle, A.A., & K.J. Frey. 1975. Application of restricted selection indices for grain yield improvement in oats. Crop Sci. 15: 544-547.
- 16- Rosielle, A.A., & K.J. Frey. 1977. Inheritance of harvest index and related traits in oats. Crop Sci. 17: 23-28.
- 17- Takeda, K., & K.J. Frey. 1976. Contribution of vegetative growth rate and harvest index to grain yield of progenies from Avena sativa x Avena sterilis crosses. Crop Sci. 16: 817-821.
- 18- Takeda, K., & K.J. Frey. 1979. Protein yield and its relationship to other traits in backcross populations from an Avena sativa x Avena sterilis cross. Crop Sci. 19: 623-628.
- 19- Takeda, K., K.J. Frey. & D.B. Hiesel. 1979. Growth rate inheritance and associations with other traits and contributions of growth rate and harvest index to grain yield in oats (Avena sativa L.). Z.Pflanzenzüchtg. 82: 237-249.

Evaluation of Genetic Control for Harvest Index and Biological Yield in 8 Winter Wheat Cultivars (Triticum aestivum . L.) Using Diallel Cross Analysis.

A. REZAI and B. KARBASI MONZAVI

Associate Professor, College of Agriculture, Isfahan University of Technology,
and Instructur, Kerman College of Agriculture, Iran.

Received for Publication June 10, 1991.

SUMMARY

Diallel crosses involving 8 wheat cultivars were used to determine the type of genetic effects and to estimate the general and specific combining abilities for biological yield and harvest index. Parents and F_1 's were evaluated in a completely randomized design with 4 replications in the greenhouse. Data were analyzed according to methods of Hallauer and Miranda and also model 1 of Griffing's method 4 for diallel crosses. The jinks-Hayman analysis was used to estimate the genetic parameters for harvest index.

Significant differences occurred between parental lines and between crosses for both traits and also grain yield (previously reported). The GCA, SCA, and average heterosis (F_1 's vs parents) mean squares indicated that both additive and non-additive genetic effects contributed to the expression of these traits, but the contribution of non-additive effects was of more importance. The graphic interpretation of jinks-Hayman analysis revealed the presence of overdominance for harvest index, but considering the assumptions of the model, it seems to be apparent or pseudo-overdominance. Our results revealed the effectiveness of selection for harvest index, specially among the progenies of crosses between Lordegan, Chadeghan, Natanz, and Moghan-2 with the other parental lines studied.