

خصوصیات ژنتیکی و قابلیت ترکیب پذیری واریته‌های برنج (*Oryza sativa* L.)

رحیم هنرنژاد

استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

تاریخ وصول هفتم شهریورماه ۱۳۷۱

### چکیده

شش واریته ایرانی برنج در سال ۱۳۶۸ به صورت دی آلل کامل تلاقی داده شدند و والدها و هیبریدهای نسل  $F_1$  در سال ۱۳۶۹ به صورت طرح بلوکهای کامل تصادفی از نظر ۶ صفت کمی ارزیابی شدند. نتایج حاصل به علت فقدان بذربعضی از تلاقیهای معکوس به صورت یک طرح نیمه‌دی آلل مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت که حاکی از وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین ژنوتیپها و وجود قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار بود. محاسبات و تحلیل گرافیکی نتایج تلاقیهای دی آلل نشان داد که صفاتی مانند تعداد پنجه، طول بوته و نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج عمدتاً "توسط اثرات افزایشی ژنها و ژنهایی با غلبه جزئی کنترل می‌گردد، لذا قابلیت توارث خصوصی نسبتاً "بالائی داشته و بازدهی گزینش برای این صفات می‌تواند زیاد باشد. در کنترل ژنتیکی صفاتی مانند زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه، طول خوشه و درصد دانه‌های پوک در هر خوشه فوق غلبه وجود داشته و به علت سهم زیاد اثرات غیرافزایشی ژنها (واریانس غالبیت) از کل تنوع ژنتیکی مشاهده شده و در نتیجه قابلیت توارث خصوصی کم این صفات، بازدهی گزینش برای آنها زیاد نخواهد بود و این صفات صرفاً "در رابطه با تولید واریته‌های هیبرید  $F_1$  می‌توانند حائز اهمیت باشند

### مقدمه

ایجاد واریته‌های پر محصول و با کیفیت مطلوب با شناخت خصوصیات ژنتیکی والدین مورد تلاقی آسانتر انجام می‌شود، لذا به نژادگران نبات سعی بر این دارند که از روشهای مناسب ژنتیک کمی برای شناخت این خصوصیات بهره جسته و صفات مطلوب واریته‌های مختلف را با یکدیگر تلفیق نمایند. از جمله روشهای متداول برای ارزیابی خصوصیات ژنتیکی واریته‌ها تلاقی دی آلل<sup>۱</sup> می‌باشد که در دهه ۱۹۵۰ میلادی توسط جینکز و هیمن (۱۷)، هیمن (۱۴ و ۱۵) و همچنین

بررسیهای تن‌هاوه (۲۷) نشان می‌دهد که در مدت زمان تقریباً ۱۲ سال (از ۱۹۶۹ تا ۱۹۸۱) میانگین عملکرد جهانی برنج از ۲/۲۳ تن به ۲/۸۶ تن در هکتار افزایش یافته است که این افزایش نزدیک به ۰/۲۸٪ در کل، و یا ۲/۳ درصد در سال می‌باشد. این افزایش عملکرد در واحد سطح از یک سو با بکارگیری روشهای به‌زراعی و از سوی دیگر از طریق کشت واریته‌های پر محصول و با کیفیت مطلوب محصول امکان پذیر گردیده است.

<sup>۱</sup>- Diallel cross

گریفینگ (۱۲ و ۱۳) ارائه و در سالهای بعد توسط پونی و همکاران (۲۳) و رایت (۲۹) تکمیل گردید. گرچه در مورد تحقق کامل شرایط و فرضیات لازم برای بکارگیری این روش تردید وجود دارد (۷) معذالك این روش امروزه در مورد اغلب گیاهان زراعی با موفقیت استفاده می‌شود (۱، ۲، ۶ و ۲۰).

در یک دهه اخیر در ایران نیز با بکارگیری روش دی آلل بررسی‌هایی در زمینه چگونگی توارث صفات کمی در آفتابگردان (۵) و سوژا (۳ و ۴) صورت گرفته است.

در رابطه با ارزیابی قابلیت ترکیب پذیری عمومی<sup>۱</sup> و خصوصی<sup>۲</sup> همچنین برآورد قابلیت توارث صفات کمی در برنج از روش دی آلل به کرات استفاده شده و نتایج ارزشمندی در دست می‌باشد. تحقیقات انجام شده توسط ساردانا و همکاران (۲۵) حاکی از وجود تنوع ژنتیکی، قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار برای صفاتی همچون محصول سبز هر بوته، زمان گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد پنجه در هر گیاه، طول خوشه، طول و عرض برگ برچم، تعداد دانه در هر خوشه و وزن هزار دانه می‌باشد.

همچنین تلاقی‌های دی آلل بین واریته‌های هندی و خارجی (۱۱) نشان دهنده GCA زیاد برای واریته‌های خارجی است. هیبریدهای  $F_1$  حاصله از این تلاقی‌ها نیز دارای SCA مثبت برای عملکرد و سایر صفات مرتبط با آن بوده‌اند. ارزیابی قابلیت ترکیب پذیری و هتروزیس<sup>۳</sup> هیبریدهای  $F_1$  با استفاده از لاینهای نر عقیم توسط کوه (۲۰) حاکی از وجود GCA و SCA برای عملکرد و اجزاء تشکیل دهنده آن می‌باشد.

ارزیابی اثرات ژن و قابلیت ترکیب پذیری عملکرد و اجزاء آن در برنج، تحت شرایط سرما (۱۹) نشان می‌دهد که اثرات افزایشی ژنها در رابطه با ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد خوشچه در هر خوشه بیشترین نقش را داشته‌است. در حالی که وزن هزار دانه، پوکی دانه و محصول تک بوته تحت تاثیر اثرات غیر افزایشی ژنها بوده است. بررسی قابلیت ترکیب پذیری و هتروزیس واریته‌های برنج در هند (۲۲) حاکی از وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین والدین مورد تلاقی و هیبریدهای حاصله از آنها برای کلیه صفات وراثت پذیر می‌باشد. اجزاء واریانس نشان دهنده وجود اثرات افزایشی ژنها برای زمان گلدهی، ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد دانه در هر خوشه، پوکی دانه و وزن یکصد دانه است. در حالی که طول برگ برچم، تعداد خوشچه در هر خوشه و وزن سبز توسط اثرات غیر افزایشی ژنها کنترل می‌گردد. همچنین بعضی از هیبریدها هتروزیس قابل توجهی برای صفات مورد ارزیابی نشان داده‌اند. نتایج حاصل از بررسی‌های انجام شده به منظور برآورد قابلیت توارث صفات کمی در برنج (۹) نشان می‌دهد که صفاتی مانند ارتفاع بوته، زمان گلدهی و وزن هزار دانه دارای قابلیت توارث قابل توجهی بوده (بترتیب ۳/۹۰، ۷/۸۷ و ۹/۸۱٪) و پیشرفت ژنتیکی مثبتی (بترتیب ۲/۲۹ و ۶/۸ و ۹/۴۳٪) برای این صفات برآورد گردیده. به ترتیبی که گزینش برای این صفات می‌تواند موفقیت آمیز بوده باشد.

بررسی‌های انجام شده در چین در رابطه با واریته‌های هیبرید  $F_1$  برنج (۲۸) حاکی از وجود GCA لاینهای A برای تعداد خوشه در هر گیاه بوده و نقش آن



### مواد و روشها

۶ واریته برنج به نامهای بینام، دمسیاه و شاه پسند، که از جمله واریته‌های بومی هستند و سپیدرود، خزر و والد ۴۶ با منشاء خارجی در بهار سال ۱۳۶۸ در مزرعه آزمایشی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر گیلان خزانه گیری شد و سپس نشاءها به گلدانهای پلاستیکی منتقل گردید. به منظور شناخت خصوصیات ژنتیکی و قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی واریته‌های یادشده در تابستان ۱۳۶۸ کلیه تلاقیهای ممکن به صورت طرح دی آلل کامل صورت گرفت، ولی از ۳ تلاقی بذری تحصیل نگردید. در بهار سال ۱۳۶۹ بذور موجود (۶ والد و ۲۷ تلاقی) به صورت طرح بلوکهای کامل تصادفی در ۳ تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند و یادداشت برداریها و اندازه‌گیریهای لازم برای ۶ صفت کمی (تعداد پنجه در هر گیاه، زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه، طول بوته، طول خوشه، درصد دانه‌های پوک در هر خوشه و نسبت طول به عرض در دانه قهوه‌ای) با استفاده از میانگین ۱۰ نمونه برای هر صفت به عمل آمد.

از میانگین تلاقیها در تجزیه و تحلیل دی آلل استفاده شد و در مورد ۳ تلاقی فاقد تلاقی معکوس فقط نتایج تلاقیهای مستقیم در نظر گرفته شد. بدین ترتیب خصوصیات ۶ والد و ۱۵ تلاقی مورد تجزیه واریانس قرار گرفته و همچنین با متد دوم گریفینگ (۱۳) تجزیه و تحلیل گردید. مجموع مربعات ژنوتیپها به کمک فرمولهای زیر به دو جزء قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی تفکیک و اثرات GCA

برای لاینهای A و R بیش از SCA بوده است. ارزیابی چهار صفت کمی برنج در پاکستان (۸) حاکی از اثرات افزایشی برای صفاتی مانند ارتفاع بوته و زمان گلدهی بوده، ولی تعداد پنجه در هر بوته توسط اثرات غیرافزایشی ژنها کنترل می‌گردد. همچنین برای کلیه صفات هتروزیس قابل توجهی نسبت به میانگین والدین مشاهده شده است. ارزیابی قابلیت ترکیب پذیری صفات برنج توسط ایچی و همکاران (۱۶) حاکی از تفاوت‌های قابل ملاحظه بین والدین و هیبریدهای حاصل از تلاقی آنهاست. واریانس مشاهده شده افزایشی و غیرافزایشی برای صفاتی مانند تعداد پنجه و ارتفاع راتون<sup>۱</sup> معنی‌دار بوده است. میانگین درجه غالبیت نشان دهنده غالبیت کامل برای درصد راتون و غالبیت جزئی برای ارتفاع راتون می‌باشد. بررسی قابلیت ترکیب پذیری عملکرد و صفات مرتبط با آن توسط کالیمانی (۱۸) نشان می‌دهد که واریانس GCA برای این گونه صفات بیش از واریانس SCA می‌باشد. بعضی از هیبریدها عملکرد قابل توجهی را به دست داده‌اند. تحقیقات انجام شده توسط سجاد به منظور برآورد قابلیت توارث و پیشرفت ژنتیکی هیبریدهای برنج در شرایط شوری خاک (۲۴) حاکی از وجود قابلیت توارث زیاد برای طول بوته، تعداد پنجه بارور در هر بوته و دانه در هر خوشه می‌باشد. همچنین برآورد قابلیت توارث برای زمان خوشه دهی و باروری دانه در بربرسیهای انجام شده توسط وو و همکاران (۳۰) نسبتاً زیاد، ولی برای تعداد خوشه، عملکرد دانه و تعداد خوشه کم بوده است.

$$2: h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2}$$

به منظور مطالعه جامعتر و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد ارزیابی مانند اثرات ژنهای (افزایشی یا غیرافزایشی) و تعیین نوع ژنهای (غالب یا مغلوب) از روش رگرسیون پیشنهاد شده توسط هیمن (۱۴ و ۱۵) و سینگ و همکاران (۲۶) استفاده و بررسی گرافیکی نتایج به عمل آمد.

لازم به توضیح است که واریانسهای افزایشی و غالبیت بر اساس پیش فرضهای کریفینگ (۱۳) مبنی بر دیپلوئید بودن والدین. عدم اثرات سیتوپلاسم مادری عمل مستقل ژنهای غیرآلل. عدم آللهای چندگانه. هموزیکوسی والدین و توزیع مستقل ژنها در والدین محاسبه گردیده اند.

### نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ۶ صفت اندازه گیری شده روی واریته‌ها و هیبریدهای برنج (۶ والد و ۲۷ تلاقی) حاکی از وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین ژنوتیپها و همچنین هیبریدهای آنها می‌باشد. نتایج مشابهی نیز در تجزیه واریانس ۶ والد و ۱۵ تلاقی (مراجعه شود به مواد روشها) کسب شد. لذا مبادرت به تفکیک میانگین مربعات تیمارها به قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی گردید (جدول ۲). میانگین مربعات قابلیت‌های ترکیب پذیری عمومی و خصوصی نیز از نظر آماری در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار می‌باشند. میانگین‌های خصوصیات والدها در جدول ۳ نشان داده شده‌اند. نظر به اینکه ضرایب رگرسیون (b) مقادیر

برای هر والد و SCA برای هر تلاقی محاسبه گردید:

$$s.s.\text{due to GCA} = \frac{1}{n+2} [\sum (Y_{i.} + Y_{.i})^2 - \frac{4}{n} Y^2 \dots]$$

$$s.s.\text{due to SCA} = \sum \sum Y^2_{ij} - \frac{1}{n+2} \sum (Y_{i.} + Y_{.i})^2 + \frac{2}{(n+1)(n+2)} Y^2$$

$$g_i = \frac{1}{n+2} [\sum (Y_{i.} + Y_{.i}) - \frac{2}{n} Y \dots]$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - \frac{1}{n+2} (Y_{i.} + Y_{.i} + Y_{.j} + Y_{jj}) + \frac{2}{(n+1)(n+2)} Y \dots$$

برای آزمون معنی‌دار بودن یا نبودن GCA و SCA از توزیع t استفاده شد.

مقدار t و انحراف معیار مربوط به GCA از

فرمولهای زیر محاسبه گردید.

$$t = \frac{g_i}{S.E.g_i} \quad S.E.g_i = \left[ \frac{(n-1)\sigma^2_e}{n(n+2)} \right]^{\frac{1}{2}}$$

مقدار t و انحراف معیار مربوط به SCA به طریقه زیر محاسبه شد:

$$t = \frac{s_{ij}}{S.E.s_{ij}} \quad S.E.s_{ij} = \left[ \frac{n(n-1)\sigma^2_e}{(n+1)(n+2)} \right]^{\frac{1}{2}}$$

واریانس افزایشی با دو برابر نمودن واریانس قابلیت ترکیب پذیری عمومی برآورد گردید ( $\sigma_A^2 = 2\sigma_g^2$ ) (۱۳ و ۲۶). واریانس غالبیت از مقدار قابلیت ترکیب پذیری خصوصی بدست آمد ( $\sigma_D^2 = \sigma_g^2$ ).

با استفاده از اجزاء واریانس مقدار قابلیت توارث خصوصی صفات که بیانگر نسبت سهم واریانس افزایشی و وراثت پذیر تنوع ژنتیکی به واریانس کل (واریانس فنوتیپی) می‌باشد به دو روش زیر (۱۵ و ۲۶) برآورد و نتایج آن در مبحث مربوطه مورد بررسی و ارزیابی قرار گرفت.

$$1: h^2 = \frac{1/2D + 1/2H_1 - 1/2H - 1/2F}{1/2D + 1/2H_1 - 1/4H_2 - 1/2F + E}$$



جدول ۱- تجزیه واریانس ۶ صفت واریته‌ها و هیبریدهای برنج ( میانگین مربعات )

| صفات        |            | منابع تغییرات |           |          |                             |                                   |
|-------------|------------|---------------|-----------|----------|-----------------------------|-----------------------------------|
| درجات آزادی | تعداد پنجه | زمان نشاءکاری | طول بوته  | طول خوشه | درصدانته‌های پوک در هر خوشه | نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج |
| ۲           | ۵۳/۹۶      | ۱/۵۷          | ۱۹/۱۵     | ۴/۲۲     | ۲۳/۷۷                       | ۰/۰۰۷۸۸                           |
| ۲۰          | ۶۴/۷۲***   | ۱۹۷/۳۴***     | ۹۲۶/۶۷*** | ۳۱/۸۵*** | ۱۱۶۱/۸۰***                  | ۰/۱۸۷۸۱***                        |
| ۴۰          | ۱۹/۷۶      | ۱/۴۲          | ۲۲/۵۳     | ۳/۲۱     | ۴۱/۲۱                       | ۰/۰۰۸۶۲۴                          |

\*\*\* : معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۲- برآورد میانگین مربعات قابلیت ترکیب پذیری عمومی ( GCA ) و خصوصی ( SCA ) ۶ صفت اندازه گیری شده در ۲۱ ژنوتیپ برنج

| صفات        |            | منابع تغییرات |           |          |                             |                                   |
|-------------|------------|---------------|-----------|----------|-----------------------------|-----------------------------------|
| درجات آزادی | تعداد پنجه | زمان نشاءکاری | طول بوته  | طول خوشه | درصدانته‌های پوک در هر خوشه | نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج |
| ۵           | ۵۸/۰۹***   | ۷۱/۲۵***      | ۸۹۳/۶۴*** | ۱۵/۰۴*** | ۴۹۲/۸۱***                   | ۰/۲۰۵۵***                         |
| ۱۵          | ۹/۴۱       | ۶۳/۹۷***      | ۱۱۴/۰۲*** | ۹/۱۴     | ۳۵۲/۵۷***                   | ۰/۰۱۵۹***                         |
| ۴۰          | ۶/۵۸       | ۰/۴۷          | ۷/۵۱      | ۱/۰۷     | ۵/۲۳                        | ۰/۰۰۲۸۷                           |

\*\*\* : معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

می‌باشند. از سوی دیگر عدم وجود اختلاف معنی‌دار بین ضریب رگرسیون و یک نشان داد که اثرات ژنهای کنترل کننده صفات مورد اندازه‌گیری عمدتاً " افزایشی است (جدول ۲) .

شکل ۱ چگونگی پراکنش ژنهای والدین مورد تلاقی برای تعداد پنجه در هر گیاه را نشان می‌دهد.

WR ( کوواریانس نتاج با والد مشترکشان) روی Vr ( واریانس ردیفها یا والدها ) برای کلیه صفات فاقد اختلاف معنی‌دار با یک بوده و اختلاف آنها با صفر معنی‌دار بود. نتیجه گیری می‌شود که فرضیات مدل هیمن که مهمترین آنها عدم وجود اپیستازی با اثرات متقابل بین آلله‌ها در مکانهای ژنی مختلف است. صادق

جدول ۳- میانگین خصوصیات ارزیابی شده در والدها

| نسبت طول به عرض<br>دانه قهوه‌ای برنج | درصدانتهای<br>پوک در هر<br>خوشه | طول خوشه<br>سانتیمتر | طول بوته<br>سانتیمتر | زمان نشاء کاری<br>تاریسیدگی کامل | تعداد پنجه در<br>هر گیاه | صفات<br>والدین |
|--------------------------------------|---------------------------------|----------------------|----------------------|----------------------------------|--------------------------|----------------|
| ۳/۰۰                                 | ۱۵/۸                            | ۲۸/۰۰                | ۱۱۰/۳۳               | ۱۱۷/۰                            | ۱۷/۳۳                    | بینام          |
| ۳/۵۹                                 | ۹/۴                             | ۲۸/۳۳                | ۱۰۵/۳۳               | ۱۲۴/۰                            | ۱۵/۳۳                    | دمسیاه         |
| ۳/۷۹                                 | ۱۸/۶                            | ۲۹/۳۳                | ۱۰۶/۶۷               | ۱۴۰/۰                            | ۲۴/۰۰                    | شاه پسند       |
| ۳/۴۶                                 | ۲۷/۲                            | ۲۵/۳۳                | ۷۷/۶۷                | ۱۲۳/۰                            | ۲۳/۰۰                    | سپیدرود        |
| ۳/۶۶                                 | ۴۴/۵                            | ۲۴/۶۷                | ۸۴/۰۰                | ۱۳۰/۰                            | ۱۰/۶۶                    | خزر            |
| ۳/۱۹                                 | ۱۷/۹                            | ۲۱/۱۳                | ۶۲/۳۳                | ۱۲۱/۰                            | ۲۸/۳۰                    | والد ۴۶        |
| ۰/۱۵۳                                | ۱۰/۵۸                           | ۲/۹۵                 | ۷/۸۲                 | ۱/۹۵                             | ۷/۳۳                     | LSD 5%         |
| ۰/۲۰۵                                | ۱۴/۱۵                           | ۳/۹۴                 | ۱۰/۴۶                | ۲/۶۱                             | ۹/۸۰                     | LSD 1%         |

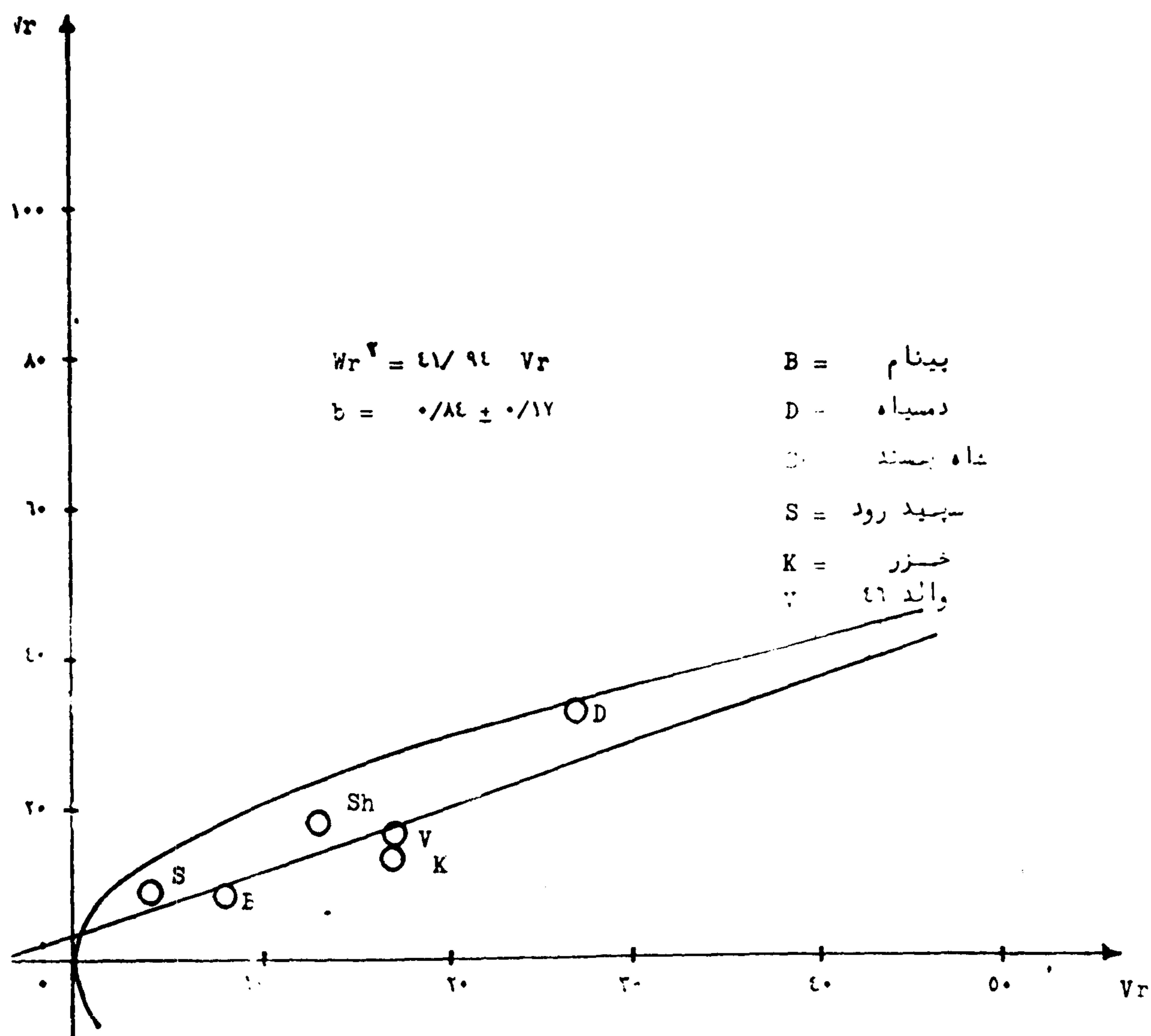
خط رگرسیون محور  $WR$  را در قسمت مثبت قطع نموده است. این امر دلیل بر وجود غلبه جزئی<sup>۱</sup> در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد.

این نتایج با توجه به معنی دار بودن  $GCA$  برای تعداد پنجه (جدول ۲) و تعلق ۲۵٪ واریانس ژنتیکی این صفت به واریانس افزایشی (جدول ۴) و بالاخره بزرگتر بودن پارامتر  $D = ۳۴/۸۱$  از  $H = -۱۸/۳۹$  که مبین وجود اثرات افزایشی ژنهاست و محاسبه درجه غلبه  $(\frac{H_1}{D})^{\frac{1}{2}} = ۰/۵۳$  که مبین غلبه جزئی می‌باشد نیز قابل استنباط بوده و با تحلیل گرافیکی خط رگرسیون مطابقت دارد. بطور کلی می‌توان چنین نتیجه گرفت که تعداد پنجه در هر گیاه از نظر ژنتیکی عمدتاً "توسط اثرات افزایشی ژنها کنترل می‌گردد." این مطلب مبین بازده بالا و پتانسیل

انتخاب برای این صفت می‌باشد زیرا در صورت غلبه نسبی اثرات افزایشی ژنها بزرگتر از اثرات غالبیت آنهاست و نتیجتاً "بازده‌گزینش زیاد خواهد بود." به عنوان مثال والد ۴۶ که در این مطالعات دارای بیشترین تعداد پنجه در هر گیاه می‌باشد و همچنین  $GCA$  آن مثبت و بیشتر از سایر ارقام بوده است (جدول ۵) می‌تواند به عنوان والدی مطلوب انتخاب و با ارقام دیگری نظیر شاه پسند و سپیدرود تلاقی داده شود. پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون (شکل ۱)، نشان داد که در مجاورت منشاء مختصات سپیدرود و بینام نزدیکترین واریته‌ها به محل تقاطع خط رگرسیون و سهمی محدود کننده می‌باشند و لذا حداکثر تعداد ژنهای غالب را برای تعداد پنجه دارا هستند. نزدیکی مختصات واریته‌های شاه‌پسند، خزر و والد ۴۶ به یکدیگر

1- Partial dominance





شکل ۱- خط رگرسیون  $Wt-Vr$  و سهمی محدود کننده  $Wt^2$  به همراه پراکنش والد‌ها برای تعداد پنجه در هر گیاه

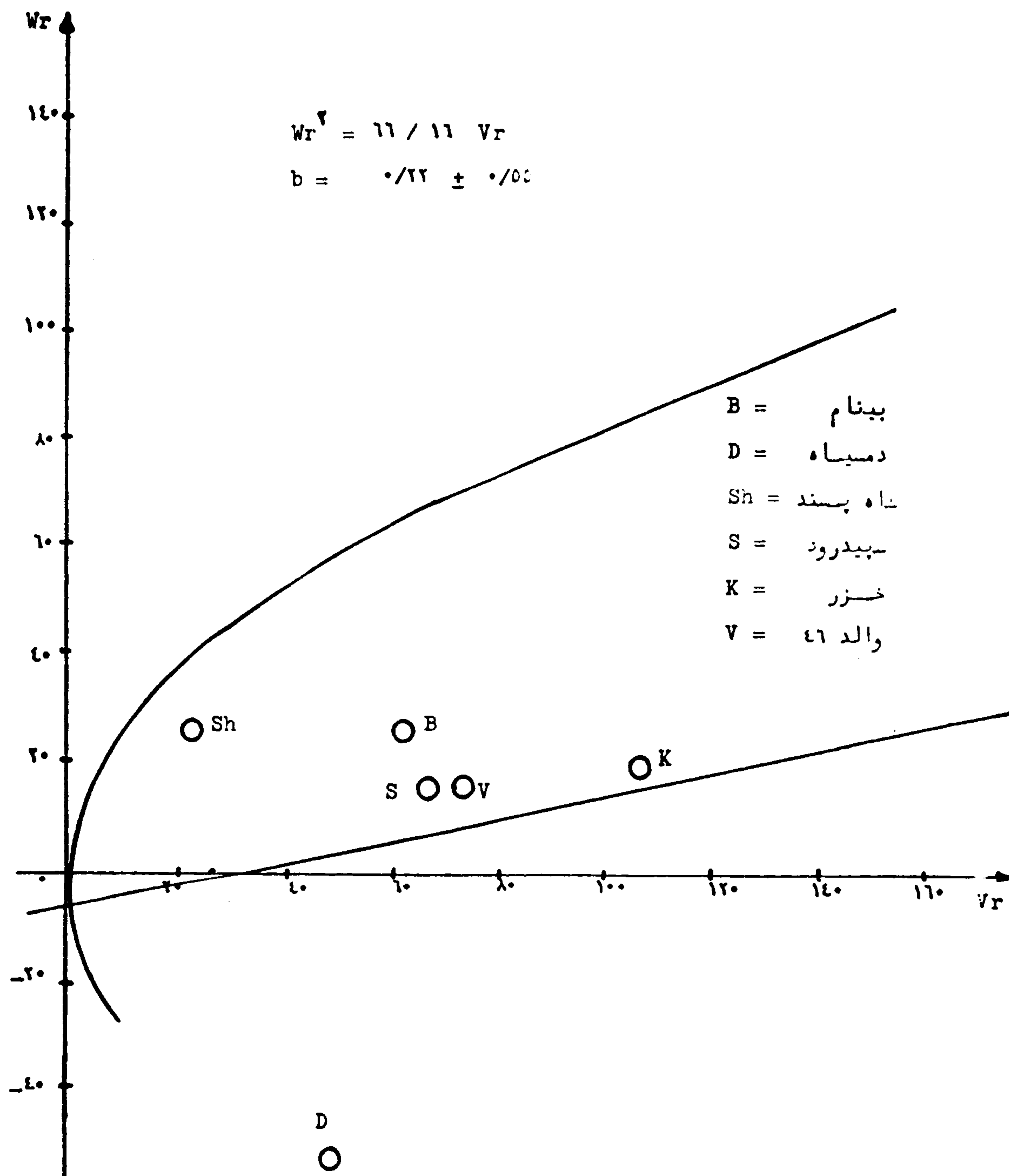
در شکل ۲ چگونگی پراکنش والدین مورد تلاقی برای زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه نشان داده شده است. خط رگرسیون محور  $Wt$  را در قسمت منفی قطع نموده. این امر دلیل بر وجود فوق غلبه<sup>۱</sup> در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد.

با توجه به اینکه در حالت فوق غلبه اثرات غالبیت ژنها از اثرات افزایشی آنها بیشتر است. گزینش برای صفت زودرسی چندان موثر نخواهد بود. این امر را می‌توان از میزان غالبیت توارث خصوصی صفت مذکور (۳ تا ۱۶٪) در جدول ۴ نیز استفاده نمود. پراکنندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون (شکل ۲) نشان می‌دهد که در مجاورت منشاء مختصات دمسیاه و شاهپسند نزدیکترین واریته‌ها به محل تقاطع خط رگرسیون و سهمی

مبین شباهت ژنوتیپی آنها برای تعداد پنجه در هر گیاه می‌باشد. واریته دمسیاه که دورترین فاصله را نسبت به منشاء مختصات دارد، دارای حداکثر تعداد ژنهای مغلوب برای تعداد پنجه است.

نسبت ژنهای غالب به مغلوب در این مورد ۱/۵۹ می‌باشد. اختلاف بین مقادیر  $H_1$  و  $H_2$  بسیار ناچیز و نسبت  $H_2$  به  $4H_1$  که مساوی با حاصلضرب فراوانی آللهای غالب و مغلوب می‌باشد، معادل مقدار حداکثر آن یا ۰/۲۵ است.

برآورد قابلیت توارث خصوصی تعداد پنجه برابر با ۳۵ تا ۴۸٪ بود که با توجه به وجود اثرات افزایشی ژنها تا حدودی موید موثر بودن انتخاب برای صفت مذکور می‌باشد (جدول ۴).



شکل ۲- خط رگرسیون  $WR-Vr$  و سهمی محدودکننده  $WR^2$  به همراه پراکنش والدین برای زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه

وجود بیشترین ژنهای غالب برای زمان نشاء کاری تا رسیدگی دانه در واریته‌های بینام، دمسیاه و شاهپسند و همچنین تعلق بیش از ۹۵٪ واریانس ژنتیکی به واریانس غالبیت برای صفت مذکور (جدول ۴) باعث گردیده که نوعاً "نتاج حاصل از تلاقی این واریته‌ها با سایر ارقام دیررس‌تر از میانگین والدین خود بوده باشند (جدول ۶) به عبارت دیگر وجود قابلیت ترکیب پذیری خصوصی معنی‌دار این نتاج نوعاً "باعث تقویت یک صفت نامطلوب گردیده است. معذالک در

محدودکننده می‌باشند و به عبارت دیگر دارای حداکثر ژنهای غالب برای زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه هستند. نزدیکی مختصات واریته‌های بینام، سپیدرود و والد ۴۶ حاکی از شباهت ژنوتیپی آنها برای صفت یاد شده است و بالاخره واریته خزر کسه دورترین فاصله را نسبت به منشاء مختصات دارد، دارای بیشترین ژنهای مغلوب برای صفت فوق الذکر است. میزان درجه غالبیت در این مورد معادل ۲/۱۳ و نسبت ژنهای غالب به مغلوب ۲/۲۱ بوده است.



جدول ۴- اجزاء واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی و قابلیت توارث خصوصی صفات ۶ واریته و ۱۵ هیبریدبرنج

| صفات                               | اجزاء واریانس |       | واریانس فنوتیپی |       | واریانس خطا |       | واریانس غالبیت |       | واریانس افزایشی |      |
|------------------------------------|---------------|-------|-----------------|-------|-------------|-------|----------------|-------|-----------------|------|
|                                    | مقدار         | درصد  | مقدار           | درصد  | مقدار       | درصد  | مقدار          | درصد  | مقدار           | درصد |
| تعداد پنجه در هر گیاه              | ۱۲/۱۶         | ۳۵/۰۰ | ۲۴/۷۵           | ۵۶/۸۶ | ۱۹/۷۶       | ۸/۱۴  | ۲/۸۳           | ۳۵/۰۰ | ۱۲/۱۶           | ۰/۴۸ |
| زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه | ۱/۸۲          | ۲/۷۳  | ۶۶/۷۴           | ۲/۱۳  | ۱/۴۲        | ۹۵/۱۴ | ۶۲/۵۰          | ۲/۷۳  | ۱/۸۲            | ۰/۱۶ |
| طول بوته                           | ۱۹۴/۹۰        | ۶۰/۱۷ | ۳۲۳/۹۴          | ۶/۹۵  | ۲۲/۵۳       | ۳۲/۸۸ | ۱۰۶/۵۱         | ۶۰/۱۷ | ۱۹۴/۹۰          | ۰/۷۲ |
| طول خوشه                           | ۱/۴۶          | ۱۱/۴۶ | ۲۵/۷۴           | ۲۵/۱۹ | ۳/۲۱        | ۶۳/۳۵ | ۸/۰۷           | ۱۱/۴۶ | ۱/۴۶            | ۰/۲۹ |
| درصد دانه‌های پوک در هر خوشه       | ۳۵/۰۶         | ۹/۰۴  | ۳۸۷/۶۳          | ۱/۴   | ۵/۲۲        | ۸۹/۶  | ۳۴۷/۳۴         | ۹/۰۴  | ۳۵/۰۶           | ۰/۱۰ |
| نسبت طول به عرض                    | ۰/۰۴۷۴        | ۶۸/۵۰ | ۰/۰۶۸۷          | ۱۲/۵۰ | ۰/۰۰۸۶۲     | ۱۹/۰  | ۰/۰۱۳۰۶        | ۶۸/۵۰ | ۰/۰۴۷۴          | ۰/۸۲ |

۲- محاسبه طبق روش سینگد و همکاران (۱۹۷۷)

۱- محاسبه طبق روش هیمن (۱۹۵۴)

جدول ۵- برآورد قابلیت ترکیب پذیری عمومی واریته‌های برنج برای ۶ صفت کمی

| صفات والدین | تعداد پنجه در هر گیاه | زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه | طول بوته | طول خوشه | تعداد دانه‌های پوک در هر خوشه | نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج |
|-------------|-----------------------|------------------------------------|----------|----------|-------------------------------|-----------------------------------|
| بینام       | - ۱/۳۲                | - ۱/۹۳**                           | ۹/۵۸**   | ۱/۱۴**   | - ۳/۲۷**                      | - ۰/۲۳۷۵**                        |
| دمسیاه      | - ۱/۳۸                | ۰/۶۹**                             | ۸/۷۸**   | ۱/۲۹**   | - ۳/۸۳**                      | - ۰/۰۷۳۷۵**                       |
| شاه پسند    | ۱/۱۲                  | ۵/۲۳**                             | ۷/۷۰**   | - ۰/۰۰۹  | - ۳/۵۷**                      | ۰/۱۴۵۰**                          |
| سپیدرود     | ۲/۳۳                  | - ۲/۱۱**                           | - ۸/۶۱** | - ۰/۱۶   | - ۱/۸۵*                       | ۰/۰۱۲۵**                          |
| خزر         | - ۳/۹۵**              | ۰/۸۸**                             | - ۱/۵۱   | ۰/۳۲     | ۱۵/۹۶**                       | ۰/۱۵۳۷**                          |
| والد ۴۶     | ۳/۲۰*                 | - ۲/۷۶**                           | - ۲/۵۳** | - ۲/۵۳** | - ۳/۴۱**                      | - ۰/۱۴۷۵**                        |
| معیار خطا   | ۱/۴۳۲                 | ۰/۲۰                               | ۰/۸۸۳    | ۰/۳۳۲    | ۰/۷۴                          | ۰/۰۱۷۳                            |

S.E. (g<sub>i</sub>)

\* و \*\*: بترتیب معنی دار در سطوح ۵ و ۱ درصد

جدول ۶- میانگین زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه (بالای قطر) و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (SCA) هیبریدهای برنج برای صفت مذکور (پائین قطر).

| والد     | بینام   | دمسیاه  | شاه پسند | سپیدرود | خزر     | والد ۴۶ |
|----------|---------|---------|----------|---------|---------|---------|
| بینام    | -       | ۱۲۴/۶۶  | ۱۲۹/۰    | ۱۳۴/۵۰  | ۱۴۰/۰   | ۱۳۳/۰   |
| دمسیاه   | **۴/۱۹- | -       | ۱۳۰/۰    | ۱۳۵/۰۰  | ۱۴۱/۵   | ۱۳۷/۰   |
| شاه پسند | **۴/۳۹- | **۶/۰۲- | -        | ۱۳۸/۰۰  | ۱۳۸/۵۰  | ۱۳۷/۰   |
| سپیدرود  | ۸/۴۶    | -۰/۹۳   | ۴/۷۹     | -       | ۱۱۹/۱۶  | ۱۲۱/۰   |
| خزر      | **۱۰/۹۶ | **۹/۸۴  | **۲/۲۹   | **۹/۶۹- | -       | ۱۱۸/۵۰  |
| والد ۴۶  | **۷/۶۱  | **۸/۹۸  | **۴/۴۴   | **۴/۲۱- | **۹/۱۷- | -       |

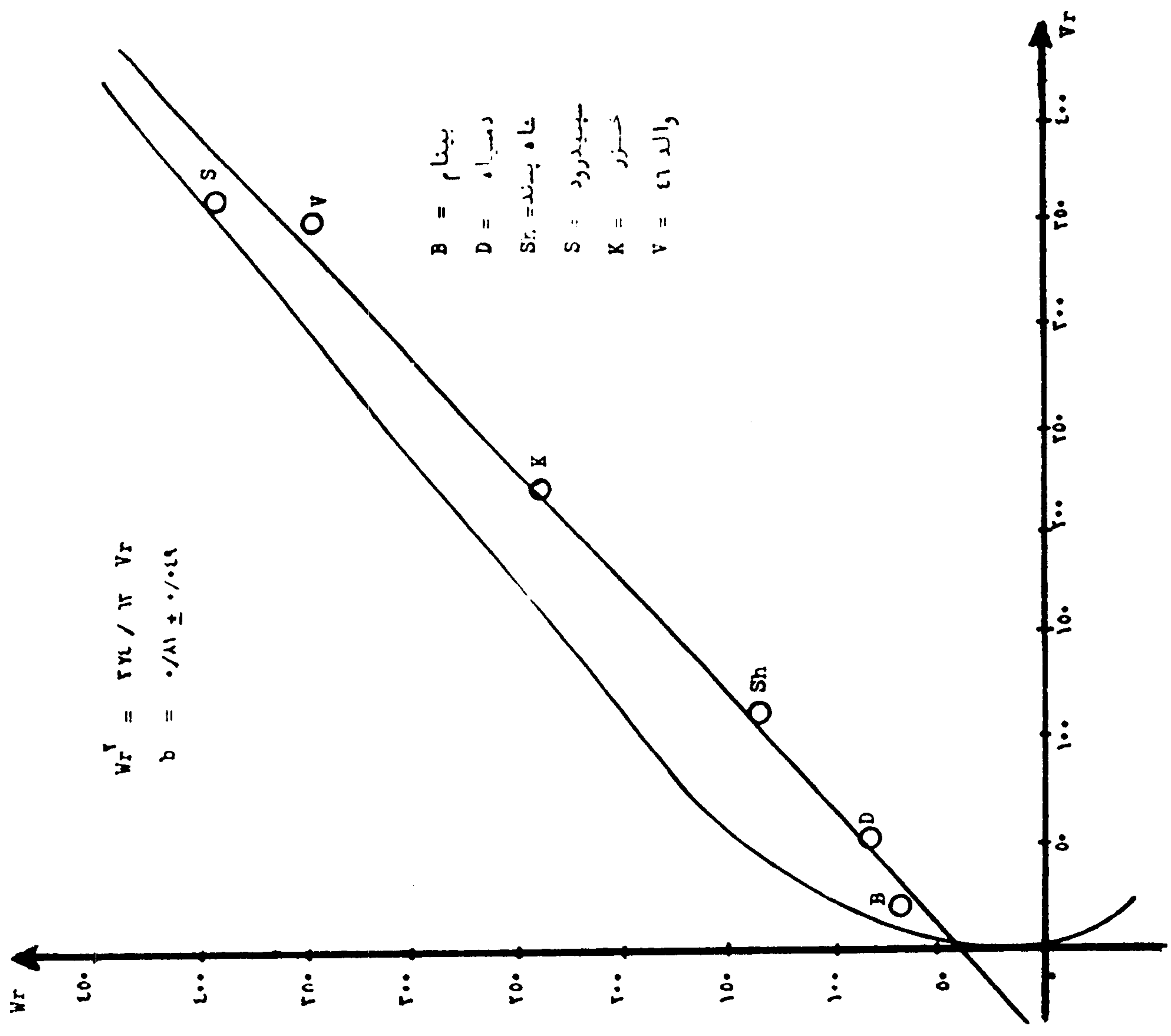
معیار خطا (SE.s<sub>ij</sub>): ۰/۵۰      \*\*: معنی دار در سطح احتمال ۱٪

خارجی هستند بیشترین ژنهای مغلوب را برای طول بوته دارا هستند. این امر موجب بروز مشکلاتی در یافتن نتاج پا کوتاه خواهد گردید، زیرا واریته‌های بومی مانند بینام، دمسیاه و شاه پسند پا بلند بوده و به احتمال قوی این صفت به نتاج حاصل از تلاقی بین واریته‌های دیگر نیز انتقال خواهد یافت. لذا همانطور که در جدول ۷ ملاحظه می‌گردد نتاج این واریته‌ها (هیبریدها) پا بلندتر از میانگین والدین خواهد می‌باشند. معذالک بین نتاج می‌توان ترکیب‌هایی را نیز یافت که از میانگین والدین خود پاکوتاه ترند. برای مثال می‌توان به هیبرید سپیدرود، والد ۴۶ اشاره نمود که هر دو والد آن واریته‌های پاکوتاه هستند. بطور کلی چنین استنباط می‌شود که طول بوته از نظر ژنتیکی عمدتاً توسط اثرات افزایشی ژنها کنترل می‌گردد. در این بررسی نسبت ژنهای غالب به مغلوب ۰/۷۶ و میانگین درجه غالبیت ۰/۹۱ بوده است.

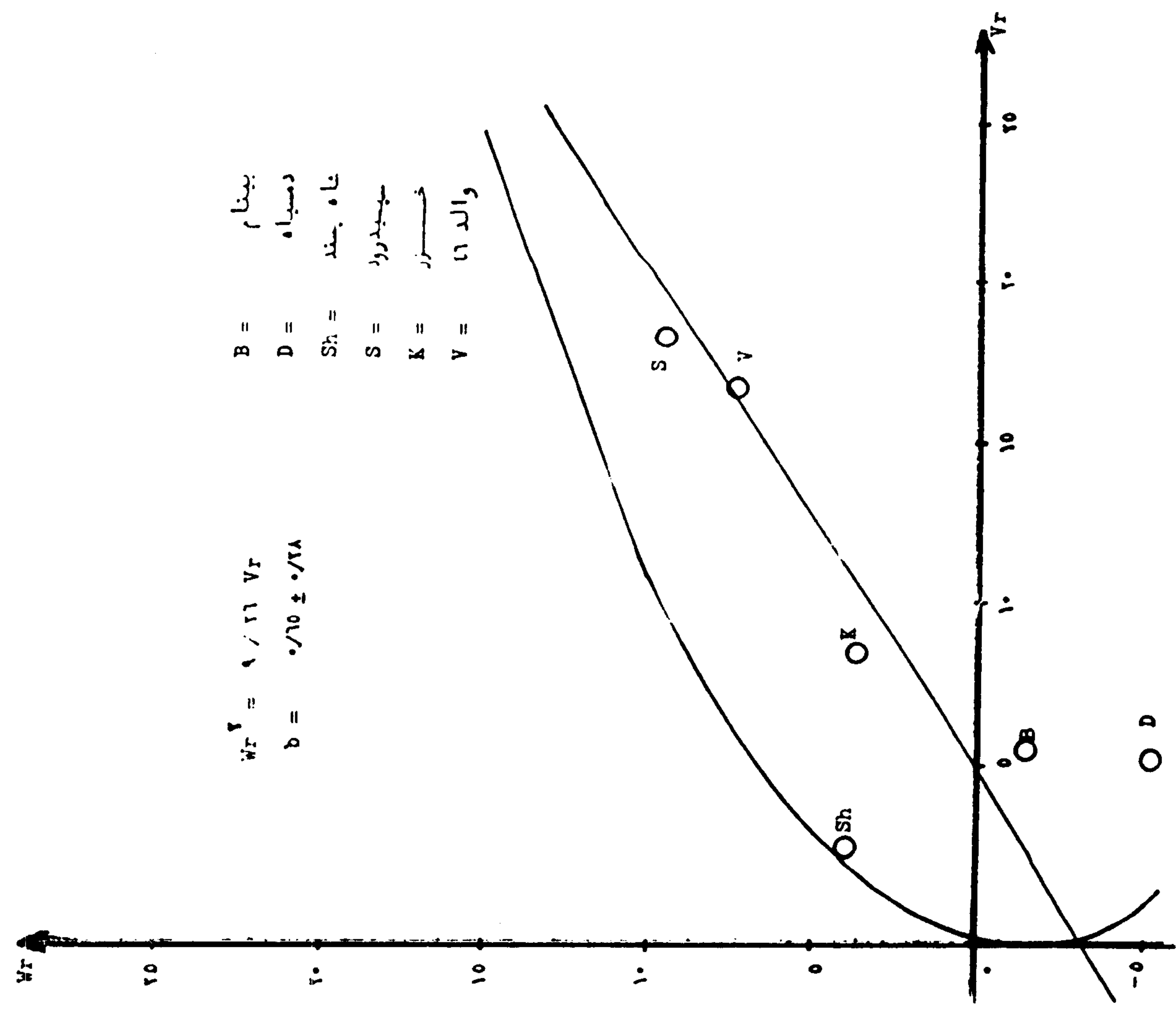
شکل ۴ چگونگی پراکنش والدین مورد تلاقی

نتاجی که یکی از والدین رقم خزر بوده است، با توجه به دارا بودن ژنهای مغلوب برای زمان رسیدگی دانه، معمولاً "زودرسی مشاهده می‌گردد". در شکل ۳ چگونگی پراکنش والدین برای صفت طول بوته نشان داده شده است. با توجه به قطع محور WR توسط خط رگرسیون در قسمت مثبت، به نظر می‌رسد که در کنترل ژنتیکی این صفت غلبه جزئی نقش داشته باشد. این امر را می‌توان از معنی‌دار بودن مقدار GCA صفت طول بوته (جدول ۲) و تعلق بیش از ۶۰٪ تنوع ژنتیکی به واریانس افزایشی (جدول ۴) نیز استنباط نمود. لذا با توجه به قابلیت توارث نسبتاً "بالای این صفت (۶۰ تا ۷۲٪) انتظار می‌رود که در نتاج بتوان لاینهای پاکوتاهی یافت. پراکنش والدین در طول خط رگرسیون (شکل ۳) نشان می‌دهد که واریته‌های بینام و دمسیاه و شاه پسند دارای بیشترین ژنهای غالب برای طول بوته بوده و واریته‌های سپیدرود، والد ۴۶ و خزر که دارای منشاء





شکل ۳- خط رگرسیون  $W_r-V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای صفت قد بوته



شکل ۴- خط رگرسیون  $W_r-V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای طول خوشه

برای صفت طول خوشه را نشان می‌دهد. قطع محور  $WR$  توسط خط رگرسیون در قسمت منفی دلیل بر وجود فوق غلبه در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد. لذا همانطور که از جدول ۴ مشهود است بیش از ۶۳ درصد واریانس ژنتیکی مشاهده شده متعلق به واریانس غالبیت بوده و فقط حدود ۱۱٪ آن واریانس افزایشی می‌باشد. بدین ترتیب بازدهی گزینش در این مورد چندان زیاد نخواهد بود زیرا قابلیت توارث صفت مذکور بین ۱۱ تا ۲۹٪ برآورد گردیده است. معذالک می‌توان احیانا " انتظار داشت که از تلاقی واریته‌های بینام و دمسیاه که دارای  $GCA$  مثبت و معنی داری برای طول خوشه هستند، با دیگر واریته‌ها بتوان نتایج با طول خوشه بلند بدست آورد. لذا نتایج حاصل از تلاقی این واریته‌ها با واریته‌های دیگر نوعا "  $SCA$  مثبت و معنی داری را نشان داده (جدول ۸) و نسبت به میانگین والدین خود دارای طول خوشه بیشتری هستند

که از آن جمله می‌توان از بینام / سپیدرود، بینام / خزر و دمسیاه / سپیدرود نام برد. تحلیل گرافیکی شکل ۴ مویید همین نتایج است زیرا واریته‌های دمسیاه، بینام و شاه پسند که به منشاء محور مختصات نزدیک هستند، حاوی بیشترین ژنهای غالب برای طول خوشه بوده و واریته‌های سپیدرود و والد ۴۶ دارای بیشترین ژنهای مغلوب برای صفت مذکور می‌باشد. در این مورد میانگین درجه غالبیت معادل  $1/98$  و نسبت ژنهای غالب به مغلوب  $1/36$  بوده است.

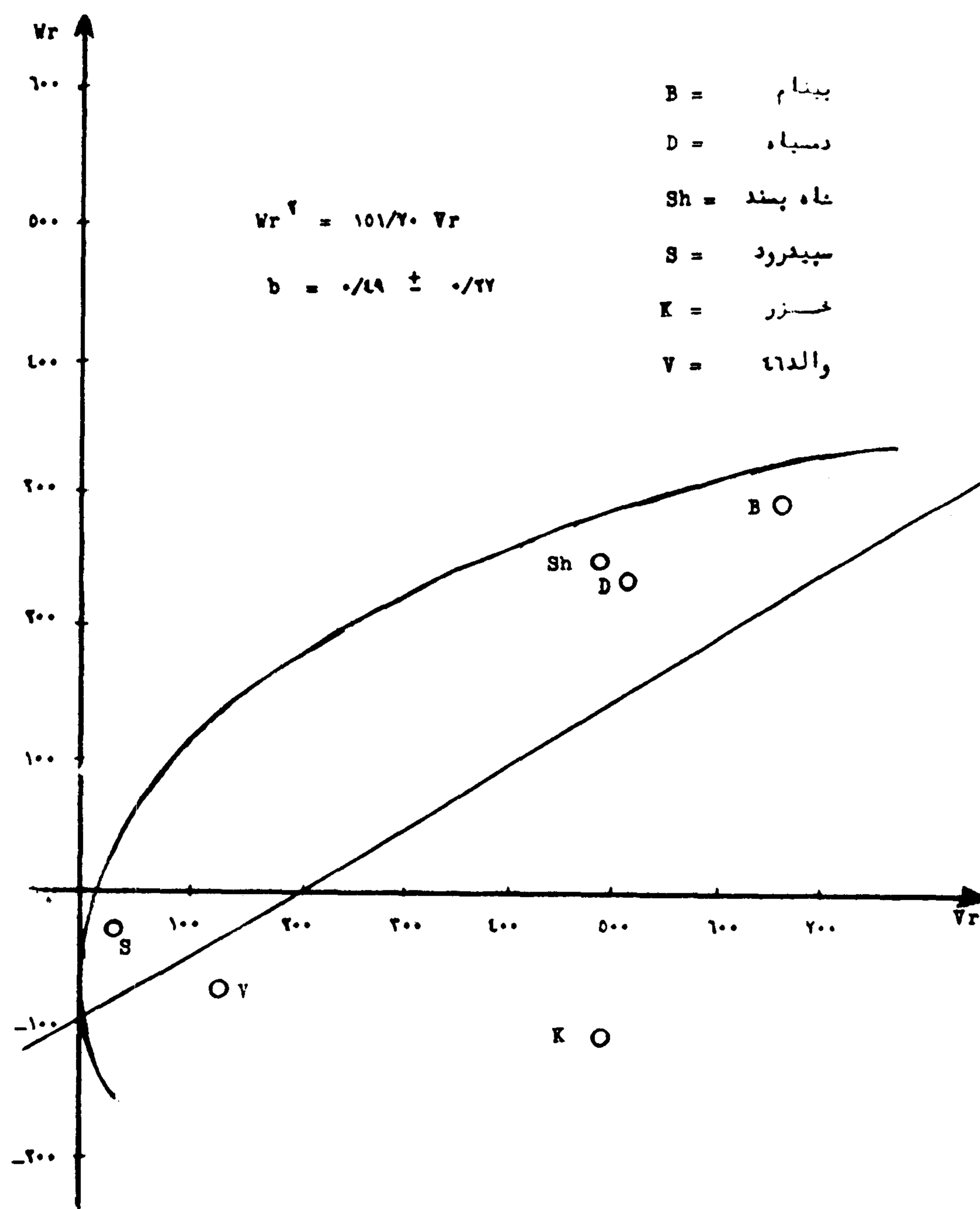
شکل ۵ پراکنش والدهای مورد تلاقی برای درصد دانه‌های پوک در هر خوشه را نشان می‌دهد. خط رگرسیون محور  $WR$  را در قسمت منفی قطع نموده است. این امر حاکی از وجود فوق غلبه در کنترل ژنتیکی درصد دانه‌های پوک در هر خوشه می‌باشد. با توجه به معنی دار بودن  $GCA$  و  $SCA$  صفت مذکور (جدول ۲) می‌توان نتیجه گرفت که صفت مذکور توسط اثرات افزایشی و

جدول ۷ - میانگین طول بوته (سانتیمتر، بالای قطر) و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی هیبریدهای برنج برای صفت مذکور (پائین قطر)

| والد     | بینام   | دمسیاه  | شاه پسند | سپیدرود  | خزر    | والد ۴۶ |
|----------|---------|---------|----------|----------|--------|---------|
| بینام    | -       | ۱۲۰/۰۰  | ۱۱۷/۳۰   | ۱۱۴/۱۳   | ۱۱۱/۷۳ | ۱۰۶/۲۰  |
| دمسیاه   | -۰/۲۷   | -       | ۱۲۱/۶۷   | ۱۱۲/۴۰   | ۱۱۴/۴۱ | ۱۰۴/۵۰  |
| شاه پسند | -۱/۸۹   | ۳/۲۸    | -        | ۱۰۵/۷۵   | ۱۲۱/۶۶ | ۹۵/۲۶   |
| سپیدرود  | ۱۱/۲۶** | ۱۰/۲۲** | ۴/۷۶*    | -        | ۹۳/۵۰  | ۶۳/۳۳   |
| خزر      | ۱/۷۵    | ۵/۲۳    | ۱۳/۵۶    | ۱/۷۲     | -      | ۹۱/۹۸   |
| والد ۴۶  | ۱۰/۹۴** | ۹/۷۴**  | ۱/۵۸     | -۱۴/۰۳** | ۷/۵۱   | -       |

معیار خطا  $(SE.s_{ij})$ : ۲/۰۰۵ \* و \*\*: بترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.





شکل ۵ - خط رگرسیون  $Wr-Vr$  و سهمی محدودکننده  $Wr^2$  به همراه پراکنش والدین برای درصد دانه‌های پوک در هر خوشه

از تلاقی آنها با دیگر ارقام دارای دانه‌های پوک کمتری بوده باشند. خوشبختانه وجود SCA معنی‌دار و منفی نتایج مانند بینام/دمسیاه، بینام/شاه پسند، سپیدرود/خزر و خزر/والد ۴۶ نیز که به مراتب دانه‌های پوک کمتری از میانگین والدین خود دارند حاکی از همبستگی واقعیت است (جدول ۹).

تحلیل گرافیکی شکل ۵ نشان می‌دهد که واریته‌های سپیدرود، والد ۴۶ و خزر که به ترتیب نزدیکترین ارقام به منشأ محور مختصات می‌باشند، دارای بیشترین ژنهای غالب برای درصد دانه‌های پوک در هر خوشه

غیرافزایشی ژنها کنترل می‌کند. معذالك سهم اثرات غیرافزایشی در کل تنوع ژنتیکی بیش از ۸۹٪ بوده و سهم اثرات افزایشی و قابل توارث ژنها برای صفت مذکور فقط ۹٪ است (جدول ۴). لذا انتظار می‌رود که گزینش برای دانه پوک کمتر بازدهی چندانی نداشته باشد. زیرا قابلیت توارث صفت یاد شده ۲۵ تا ۲۶ درصد تخمین زده شده است (جدول ۴). معذالك وجود قابلیت ترکیب پذیری عمومی منفی و لسی معنی‌دار والدینی مانند شاه پسند، سپیدرود و والد ۴۶ (جدول ۵) این امید را بدست می‌دهد که نتایج حاصل

جدول ۸ - میانگین طول خوشه (سانتیمتر ، بالای قطر) و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی هیبریدهای برنج برای صفت مذکور (پائین قطر)

| والد     | بینام   | دمسیاه  | شاه پسند | سپیدرود | خزر    | والد ۴۶ |
|----------|---------|---------|----------|---------|--------|---------|
| بینام    | -       | ۲۷/۸۳   | ۲۹/۵۰    | ۳۱/۹۳   | ۳۳/۴۶  | ۲۸/۰۳   |
| دمسیاه   | -۲/۷۸** | -       | ۲۷/۶۷    | ۳۳/۱۰   | ۳۰/۳۶  | ۳۱/۹۰   |
| شاه پسند | ۰/۱۴    | -۱/۷۹** | -        | ۲۸/۱۶   | ۲۸/۴۰  | ۲۵/۱۳   |
| سپیدرود  | ۲/۲۷**  | ۳/۸۰**  | ۰/۱۱     | -       | ۳۰/۵۳  | ۲۱/۹۳   |
| خزر      | ۳/۷۷**  | ۰/۵۷    | -۰/۱۴    | ۲/۱۵**  | -      | ۲۸/۰۷   |
| والد ۴۶  | ۱/۲۰    | ۴/۹۷**  | -۰/۵۵    | -۳/۶۰** | ۲/۰۶** | -       |

معیار خطا (SE.s<sub>ij</sub>) : ۰/۷۵۵ \* و \*\* : بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۹ - میانگین درصد دانه‌های پوک در هر خوشه (بالای قطر) و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی هیبریدهای برنج برای صفت مذکور (پائین قطر)

| والد     | بینام    | دمسیاه  | شاه پسند | سپیدرود  | خزر      | والد ۴۶ |
|----------|----------|---------|----------|----------|----------|---------|
| بینام    | -        | ۹/۲     | ۱۰/۶     | ۳۶/۹۰    | ۷۶/۶     | ۴۲/۳    |
| دمسیاه   | -۱۷/۰۴** | -       | ۲۲/۳     | ۳۹/۰۰    | ۶۵/۸     | ۴۷/۷    |
| شاه پسند | -۱۵/۸۹** | -۳/۶۴*  | -        | ۳۲/۰۰    | ۷۳/۷     | ۲۹/۰    |
| سپیدرود  | ۸/۶۹**   | ۱۱/۳۴** | ۴/۰۸*    | -        | ۳۰/۵     | ۲۵/۸    |
| خزر      | ۳۰/۵۷**  | ۲۰/۳۲** | ۲۷/۹۷**  | -۱۶/۹۵** | -        | ۲۵/۵    |
| والد ۴۶  | ۱۵/۶۵**  | ۲۱/۶۰** | ۲/۶۵     | -۲/۲۸    | -۲۰/۳۹** | -       |

معیار خطا (SE.s<sub>ij</sub>) : ۱/۶۷ \* و \*\* : بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

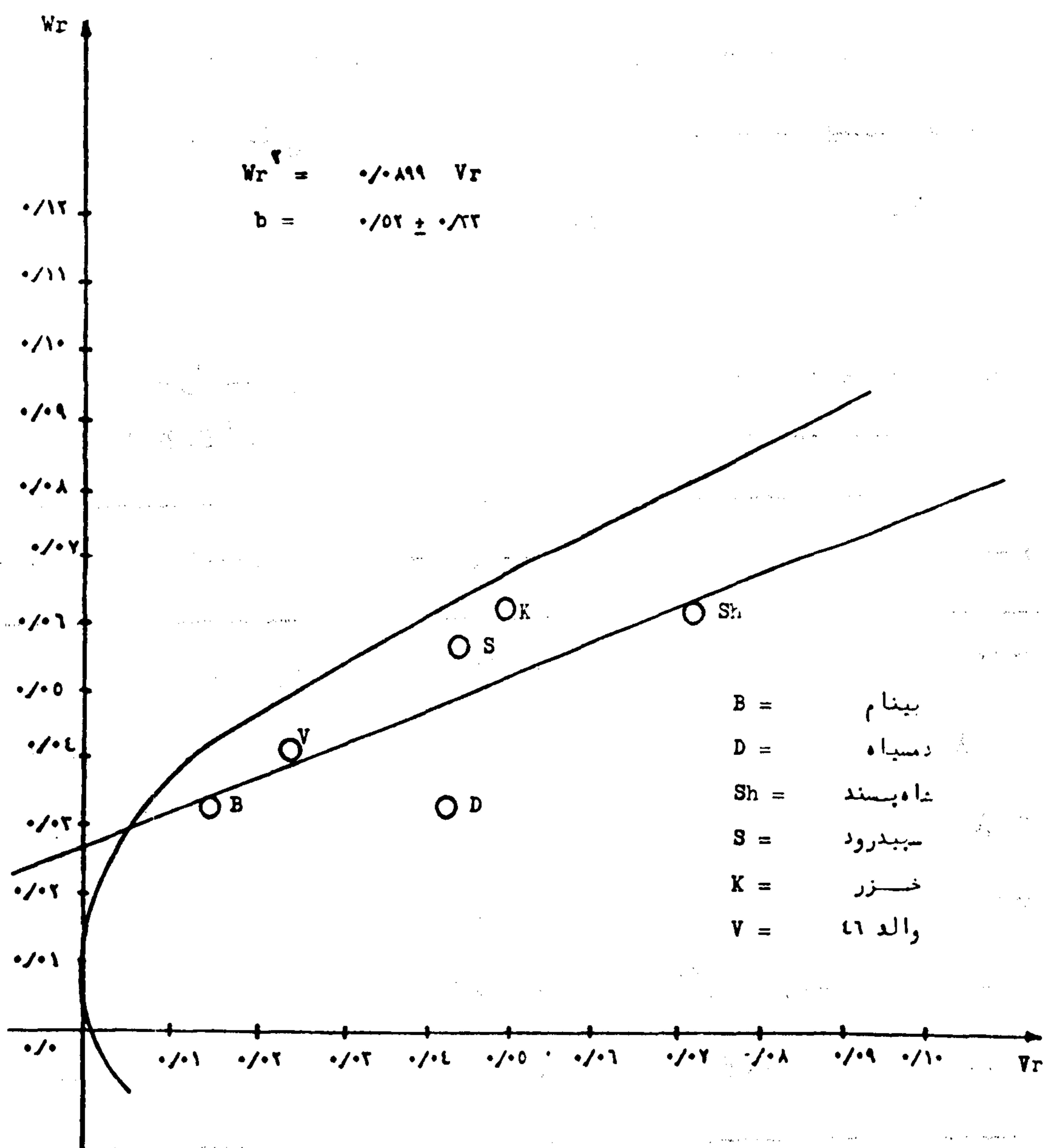
بینام، دمسیاه و شاه پسند که بیشترین فاصله را نسبت به منشأ محور مختصات دارند بیشترین ژنهای مغلوب برای پوکی دانه را دارا هستند و کمترین دانه‌های پوک در هر خوشه را نیز نشان می‌دهند (جدول ۹) در این بررسیها میانگین درجه غالبیت برای تعداد دانه‌های

هستند، لذا نتایج حاصل از تلاقی این واریته‌ها با واریته‌های دیگر دارای دانه‌های پوک بسیار زیادتری از میانگین والدین خود می‌باشند که این مساله بخصوص در مورد خزر/ بینام، خزر/ دمسیاه و خزر/ شاه‌پسند بخوبی محسوس است (جدول ۹) واریته‌هایی مانند



توارثی بین ۶۸ تا ۸۲٪ برای صفت مذکور انتخاب نتاج با نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای مناسب را ممکن می‌نماید. به عبارت دیگر گزینش نتاج با صفت دانه بلندی که یکی از مشخصه واریته‌های دمسیاه، شاهپسند و خزر می‌باشد (جدول ۳) و ۲ واریته یاد شده آخر دارای GCA مثبت و معنی‌داری برای دانه بلندی می‌باشند (جدول ۵) بتوانند به عنوان والدین مطلوب صفت مزبور را به نتاج خود انتقال دهند. برای مثال با توجه به SCA مثبت و معنی‌دار تلاقیه‌های دمسیاه / سپیدرود و شاه‌پسند / خزر می‌توان انتظار داشت که بین آنها لاینهای دانه بلند و پرمحصول به خوبی قابل

پوک در هرخوشه ۴/۳۹ و نسبت ژنها غالب بسسه مغلوب ۰/۷۶ برآورد گردیده است. در شکل ۶ پراکنش والدین مورد تلاقی برای نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج نشان داده شده است. با توجه به اینکه خط رگرسیون محور  $W_r$  را در قسمت مثبت قطع نموده است، این امر دلیل بر وجود غلبه جزئی در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد. بدین ترتیب انتظار می‌رود بازده گزینش برای این صفت زیاد بوده باشد. این نتیجه را می‌توان از جدول ۴ نیز استنباط نمود، زیرا تعلق بیش از ۶۸٪ تنوع ژنتیکی مشاهده شده به واریانس افزایشی و نتیجتاً قابلیت



شکل ۶ - خط رگرسیون  $W_r-V_r$  و سهمی محدودکننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج

## نتیجه گیری:

معنی دار بودن واریانس صفات ارزیابی شده (جدول ۱) حاکی از وجود تنوع ژنتیکی در ژنوتیپها بوده و همچنین وجود GCA و SCA معنی دار در صفات بررسی شده (جدول ۲) نشان دهنده قابلیت ترکیب پذیری قابل ملاحظه والد‌ها و هیبریدها می باشد، که ایمن نتایج با نتایج سایر بررسیهای انجام شده در زمینه برنج (۱۱، ۱۸، ۲۰، ۲۵ و ۲۸) نیز در یک راستا قرار دارد. لذا می توان چنین نتیجه گرفت که صفات مورد ارزیابی عمدتاً "توسط اثرات افزایشی و تا حدودی غیرافزایشی (غالبیت) ژنها قرار داشته و لذا از این پتانسیلهای ژنتیکی موجود می توان در گزینش لاینهای با صفات مطلوب استفاده نمود.

با توجه به اینکه تعداد پنجه در هر بوته، ارتفاع بوته و نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج عمدتاً "

گزینش بوده باشند (جدول ۱۰) معذالك این امر در مورد نتایج از تلاقیهای دمسیاه / شاه پسند و سپیدرود / خزر صدق نمی نماید، زیرا نسبت طول به عرض دانه کمتری از میانگین والدین خود دارند.

تحلیل گرافیکی شکل ۶ نشان می دهد که واریتههای بینام، والد ۴۶ و دمسیاه که نزدیکترین ارقام به منشاء محور مختصات می باشند، دارای بیشترین ژنهای غالب برای نسبت طول به عرض دانه بوده و واریتههای شاه پسند، خزر و سپیدرود برای صفت مذکور بیشترین ژنهای مغلوب را دارا هستند.

در مجموع می توان چنین نتیجه گرفت که نسبت طول به عرض دانه توسط اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژنها کنترل می گردد، معذالك سهم اثرات افزایشی بیشتر است و بدین ترتیب شانس یافتن نتایج دانه بلند نسبتاً " زیاد است.

جدول ۱۰- میانگین نسبت طول به عرض دانه قهوه‌ای برنج (بالای قطر) و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (SCA) هیبریدهای برنج برای صفت مذکور (پائین قطر)

| والد     | بینام   | دمسیاه   | شاه پسند | سپیدرود  | خزر     | والد ۴۶ |
|----------|---------|----------|----------|----------|---------|---------|
| بینام    | -       | ۳/۲۰۰۰   | ۳/۲۲۰۰   | ۳/۱۲     | ۳/۲۶    | ۲/۹۵    |
| دمسیاه   | -۰/۰۱۴۸ | -        | ۳/۲۸۰۰   | ۳/۶۰     | ۳/۶۸    | ۳/۳۰    |
| شاه پسند | -۰/۰۶۶۱ | **۰/۳۱۷۴ | -        | ۳/۵۷     | ۳/۸۴    | ۳/۳۲    |
| سپیدرود  | -۰/۰۳۳۶ | **۰/۱۳۵۲ | ۰/۰۳۳۹   | -        | ۳/۴۰    | ۳/۱۴    |
| خزر      | -۰/۰۳۴۸ | ۰/۰۷۳۹   | **۰/۱۶۲۶ | **۰/۱۴۴۸ | -       | ۳/۳۸    |
| والد ۴۶  | -۰/۰۴۳۶ | -۰/۰۰۴۸  | -۰/۰۵۶۱  | ۰/۱۰۴    | -۰/۰۰۴۸ | -       |

\* و \*\*: بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد معیار خطا (SE.s<sub>ij</sub>): ۰/۰۳۹۲



در کنترل ژنتیکی آنها و در نتیجه قابلیت توارث کم این صفات (بترتیب ۱۶/۲۹، ۰/۱۰ و ۰/۱۰) شانس یک انتخاب موفقیت آمیز را کاهش می‌دهد، زیرا اینگونه صفات منحصر به نسل اول بوده و صرفاً "در رابطه با تولید واریته‌های هیبرید  $F_1$  می‌توانند حائز اهمیت بوده باشند، که البته این امر از چهارچوب اهداف اصلاحی تعیین شده برای این طرح خارج می‌باشد. لذا بهتر خواهد بود که تمرکز گزینش بر روی دیگر اجزاء عملکرد مانند تعداد پنجه، پاکوتاهی و طول دانسه بیشتر بوده باشد.

توسط اثر افزایشی ژنها و ژنهای با غلبه جزئی کنترل می‌گردند و همانند دیگر منابع (۱۱، ۲۰ و ۲۵) قابل ملاحظه‌ای برای این صفات بدست آمده است، لذا انتظار می‌رود با قابلیت توارث بالای این صفات (بترتیب ۴۸/۷۲، ۰/۸۲ و ۰/۷۲) بتوان گزینش موفقیت‌آمیزی را انجام داد که به امر منابع شماره ۹ و ۱۲۴ اشاره نموده‌اند.

وجود اثرات قابل توجه غیرافزایشی ژن‌سادر شکل‌گیری صفاتی مانند زمان نشاء کاری تا رسیدگی کامل دانه، طولخوشه و درصد دانه‌های پوک (که معیار با نتایج منابع ۱۹ و ۲۲ می‌باشد) و همچنین فوق غلبه

## REFERENCES:

## مراجع مورد استفاده:

- ۱ - اهدائی، ب و الف، قادری، ۱۳۵۱. متد دی آلل و استفاده آن در اصلاح نباتات. انتشارات دانشگاه شهید چمران اهواز.
- ۲ - رضائی، ع، ۱۳۶۹. بررسی ژنتیکی خصوصیات ریشه در گندم. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۲۱، شماره‌های ۱ و ۲.
- ۳ - قاسمی، ف، ۱۳۵۹. تجزیه دی آلل کراس در سوژا. پایان نامه فوق لیسانس، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.
- ۴ - قاسمی، ف، و ب، یزدی صمدی، ۱۳۶۵. بررسی ژنتیکی هشت صفت کمی در سویا (*Glycine max L.*) مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۱۷، شماره‌های ۲ و ۴.
- ۵ - قدیم‌زاده، م، ۱۳۵۵. مطالعه و بررسی صفات کمی در آفتابگردان. پایان نامه فوق لیسانس، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.
- ۶ - منزوی کرباسی راوری، ب و ع، رضای، ۱۳۶۹. برآورد قابلیت ترکیب پذیری و وراثت پذیری درصد پروتئین و خصوصیات مرتبط با آن در گندم پائیزه (*Triticum aestivum L.*) مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۲۱، شماره‌های ۳ و ۴.
- 7 - Baker, R.J. 1978. Issues in dialles analysis. *Crop Science* 18, 533-536.
- 8 - Cheema, A.A., M.A. Awan, G.R. Tahir & M. Aslam. 1988. Heterosis and combining ability studies in rice. *Pakistan Journal of Agriculture Research* 9(1): 41-45.
- 9 - Dhanraj, A., C.A. Jagadish & V.. Upre. 1987. Heritability in segregation generation (F2) of selected crosses in rice (*Oryza sativa L.*). *Journal of Research APAU*, 15(1): 16-19.

- 10- Ghaderi, A., B. Ehdai, & E.H. Everson. 1973. A diallel analysis of height in wheat (*Triticum aestivum.*). Iran. J. Agric. Sci. 2(1): 51-55.
- 11- Ghosh, P.K., & M. Hossain. 1986. Combining ability of indigenous exotic crosses of rice. Experimental Genetics. 2(1-2): 47-50.
- 12- Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity 10, 31-50.
- 13- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9, 463-493.
- 14- Hayman, B.I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics 10, 235-244.
- 15- Hayman, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses, Genetics 39,78.
- 16- Ichii, M. & J. Takeyari. 1988. Diallel analysis of ratoon traits in rice. Technical Bulletin of the Faculty of Agriculture, Kagawa University, 40(1): 1-6.
- 17- Jinks, J.L. & B.I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet. Coop. New 1.27, 48-54.
- 18- Kalaimani, S. & M.K. Sundram. 1988. Combining ability for yield and yield components in rice (*Oryza sativa L.*). Madras Agricultural Journal, 75(3-4):99-104.
- 19- Kaushik, R.P. & K.D. Sharma. 1988. Gene action and combining ability for yield and its component characters in rice under cold stress conditions. Oryza,25(1): 1-9.
- 20-Koh, J.C. 1987. Studies on the combining ability and heterosis of F1 hybrids using cytoplasmic-genetic malesterile lines of rice (*Oryza sativa L.*). Research Reports of the Rural Development Administration, Crops, Korea, Republic, 29(2): 1-21.
- 21- Notteghem, J.L., 1985. Definition of a strategy for the use of resistance through the genetic analysis of hostpathogen relationships of the rice *Pyricularia oryzae*. Agron Trop. Riz Cult. Vivrieres. 40(2): 129-147.
- 22- Prasad, G.S.V. & M.V.S. Sastry. 1987. Line x tester analysis for combining ability and heterosis in brown planthopper resistant varieties. Indian Agriculturist, 31(4): 257-265.
- 23- Pooni, S., J.L. Jinks, & R.K. Singh. 1984. Methods of analysis and the estimation of the genetic parameters from a diallel set of crosses. Heredity, 52(2): 243-253.
- 24- Sajjad, M.S. 1987. Estimation of heritability and genetic advance in hybrids of rice under saline environment. Pakistan Journal of Scientific and Industrial Research, 30(9); 665-666.
- 25- Sardana, S. & D.N. Borthakur. 1987. Combining ability for yield in rice. Oryza, 24(1): 14-18.
- 26- Singh, R.K. & B.D. Chaudhary, 1977. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani Publ. Ludhiana, New Delhi.



- 27- Ten Have, H. 1985. Reis. P. 110-123. In: W. Hoffmann, A. Mudra & W. Plarre (eds.) Lehrbuch der Zuechtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen. Bd.2, Paul Parey Verlag, Berlin und Hamburg.
- 28- Wang, C.L. & Y.G. Tang. 1988. Study on combining ability for some economic characters in hybrid rice (*Oryza sativa* L. ssp. *sinica*). Jiangsu Journal of Agricultural Sciences , 4(2): 16-22.
- 29- Wright, A.J. 1985. Diallel designs, analyses and reference populations. Heredity 54, 307-311.
- 30- Wu, S.T., T.H. Hsu, H. Sung & F.S. Thseng. 1986. Effects of selection on hybrid rice populations in the first crop season and at different locations. II. Correlations and Heritability values for agronomic characters in the F2. Journal of Agriculture and Forestry, 34-35(2-1): 77-88.

Genetical Characteristics and Combining Ability of Six Iranian Rice  
Cultivars (*Oryza sativa* L.)

R. HONARNEJAD

Assistant Professor, College of Agricultural Sciences University of Gilan.

Received for Publication 29 August, 1992.

**SUMMARY**

In 1989 six Iranian cultivars were crossed in a full-diallel crossing system. In the following year parental lines and the F1-hybrids were sown in a randomized block design and six quantitative characters were evaluated. Because three reciprocal crosses failed, results were analyzed by means of the half-diallel method. The results showed significant differences between genotypes and a high general and specific combining abilities for the investigated characters of parental cultivars and their F1-hybrids.

Calculations and graphic interpretations of the results of diallel crosses revealed that characters such as tillers per plant, plant height and the length to breadth ratio of brown rice were mostly controlled by additive gene action and through partial dominance. These characters have a high heritability and therefore selection for these characters may be successful.

Genetic control of characters such as earliness, length of panicles, and percentage of empty grains per panicles is exerted by over-dominance. Because of a high amount of non-additive gene action and, thus, low heritability of these characters, the chance of successful selection for those characters is not very high.