دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

تجزیه ژنتیکی عملکرد و صفات وابسته به آن در گندم نان (*Triticum aestivum*) در شرایط تنش خشکی

معصومه حیدری رودبالی[۱]، روح اله عبدالشاهی[۲]، امین باقی‌زاده[۳] و محمد قادر قادری[۴]

۱ و ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد و دانشیار، دانشگاه تحصیلات تکمیلی کرمان
۲- دانشیار، دانشگاه شهید باهنر کرمان، (نویسنده مسوول: abdoshahi@gmail.com)
۴- استادیار، دانشگاه بیرجند

تاریخ دریافت: ۹۲/۱۱/۱ تاریخ پذیرش: ۹۳/۵/۱

چکیده

به منظور مطالعه‌ی اجزای ژنتیکی عملکرد گندم نان و صفات وابسته به آن در شرایط تنش خشکی از روش تجزیه میانگین نسل‌ها استفاده شد. در این پژوهش دو رقم کویر و روشن با هم تلاقی داده شد و نتاج F_1، F_2، BC_1 و BC_2 همراه با والدین در شرایط تنش خشکی در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردیدند. صفات عملکرد، مساحت برگ پرچم، وزن هزار دانه، وزن خشک بوته، تعداد دانه‌های سنبله اصلی، تعداد دانه در بوته و مساحت دانه گرده اندازه‌گیری شد. تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از آزمون مقیاس مشترک انجام شد. نتایج این آزمون نشان داد که تمامی آثار ژن‌ها شامل افزایشی، غالبیت، اپیستازی افزایشی × افزایشی، افزایشی × غالبت و غالبیت × غالبیت روی نحوه توارث صفات مورد بررسی موثر می‌باشند. توارث‌پذیری خصوصی از ۲۹٪ برای وزن هزار دانه تا ٦٦٪ برای تعداد دانه در بوته متغیر بود. تعداد دانه در بوته که یکی از اجزای مهم عملکرد است با داشتن بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی (٦٦٪) و پاسخ به گزینش (۵۷٪) برای به‌نژادی عملکرد در شرایط تنش خشکی توصیه می‌شود.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تجزیه میانگین نسل‌ها، عملکرد، تنش خشکی، آزمون مقیاس مشترک

مقدمه

خشکی مخرب‌ترین تنش غیرزنده است که تولید محصولات زراعی را بسیار پایین می‌آورد و به‌نژادی در حل این چالش توانایی زیادی ندارد (۲۰). افزایش عملکرد دانه مهم‌ترین هدف به‌نژادگران در برنامه اصلاحی است. اما از آنجاکه عملکرد دانه صفت بسیار و دارای توارث پلی‌ژنتیک است، مطالعه‌ی آن مشکل است. با توجه به این موضوع به‌نژادگران غالبا از اجزای عملکرد برای بهبود آن استفاده می‌کنند. معمولاً این اجزاء در عمل به صورت جبرانی عمل می‌کنند و افزایش یکی کاهش دیگری را در بردارد (۲۱). صفات زراعی مثل عملکرد و اجزای آن به عنوان یک عامل مهم برای ارزیابی اولیه مقاومت به خشکی مورد استفاده قرار می‌گیرد. در طی سالیان متمادی، به طور متناقضی، از اینکه عملکرد را شاخص گزینش مناسبی تحت تنش خشکی بدانیم، مورد شک و تردید بوده است. برخی از محققین معتقدند که گزینش برای لاین‌های مقاوم به خشکی تحت شرایط بدون تنش کارایی بهتری نسبت به شرایط تنش خشکی دارد. چون اجازه معرفی لاین‌هایی با ظرفیت عملکرد بالا را امکان‌پذیر می‌نماید (۱۷). با این وجود، گزینش مستقیم برای عملکرد ممکن است به افزایش تحمل به خشکی و افزایش عملکرد قابل قبول در شرایط تنش خشکی منجر نشود زیرا پایداری عملکرد در شرایط تنش خشکی به مقدار تحمل ژنوتیپ بستگی دارد (۱). غالبیت ژن‌ها در کنترل عملکرد و اجزاء عملکرد نقش مهم‌تری نسبت به اثر افزایشی ژن‌ها دارند. شناخت و استفاده از نحوه عمل ژن در یک برنامه به‌نژادی مهم است چرا که شناخت مکانیزم‌ها موجب افزایش دقت در گزینش و صرفه‌جویی در هزینه و زمان می‌شود. این بررسی برای افزایش دقت گزینش، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی، درجه غالبیت و پاسخ به گزینش در گندم نان انجام شد (۸،۷). با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک، صفات زراعی ای از قبیل عملکرد دانه، ارتفاع بوته، وزن بوته، طول سنبله و وزن هزاردانه درگیاه گندم مطالعه و نتیجه گرفتند به طوری که اثر غالبیت مهم‌ترین عامل در وراثت‌پذیری بیشتر صفات بود (۲).

سینگ و همکاران (۱۹) از روش تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از ۶ نسل (P1، P2، F۱، F_2، BC_2 و BC_1) حاصل از والدین متنوع گندم نان برای مطالعه‌ی توارث تعداد دانه در سنبله، وزن دانه و تعداد دانه در سنبلچه استفاده کردند و نتیجه گرفتند که اثرهای ژنی افزایشی و اپیستازی افزایشی × افزایشی در بیشتر تلاقی‌ها معنی‌دار بودند، ولی اثرهای ژنی افزایشی در مقایسه با دیگر اثرهای ژنی از جمله اثرهای ژنی غالبیت و اپیستازی غالبیت × غالبیت از اهمیت کمتری برخوردار بودند.

هدف این پژوهش، به منظور تعیین بهترین روش اصلاحیدر برنامه‌های به‌نژادی گندم در جهت تحمل به تنش خشکی، مطالعه نحوه توارث صفات عملکرد و اجزای عملکرد می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی که در این آزمایش استفاده شد شامل نسل‌های F_1، F_2، BC_1 و BC_2 حاصل از تلاقی‌های روشن × کویر بود. کویر و روشن رقم‌هایی با سازوکارهای متفاوت برای تحمل به خشکی هستند. پس از تهیه بذرهای حاصل از تلاقی، بذر والدین به همراه نسل‌های حاصل از آن‌ها در شرایط تنش خشکی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سال زراعی ۹۱-۱۳۹۰ در مزرعه‌ی تحقیقاتی شهید باهنر کرمان کاشته شدند. این طرح شامل شش تیمار و سه تکرار برای هر تلاقی بود. در هر تکرار F_1 در یک ردیف، F_2 در شش ردیف، BC_1 و BC_2 در سه ردیف و P_1 و P_2 در یک ردیف کشت شد. فاصله بین بوته‌ها در هر ردیف ۴۰ سانتی‌متر و فاصله بین ردیف‌ها ۴۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد و بر روی هر خط ۱۰۰ بوته کشت گردید. در این پژوهش صفات مساحت برگ پرچم، وزن هزار دانه، وزن خشک بوته، تعداد دانه‌های سنبله اصلی، تعداد دانه در بوته و مساحت دانه گرده اندازه‌گیری شد.

پس از جمع‌آوری داده‌ها تجزیه واریانس برای صفات اندازه‌گیری شده انجام شد تا وجود اختلافات بین نسل‌های مختلف آزمون شود. با توجه به مدل ماتر (۱۱) عکس واریانس درون هر نسل مانند ضریبی برای آن نسل در تجزیه میانگین نسل‌ها استفاده شد. مدل مورد استفاده برای تجزیه میانگین نسل‌ها به قرار زیر بود:

$$Y = m + \alpha[a] + \beta[d] + \alpha^2[i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l]$$

اجزای فرمول عبارتند از: Y: میانگین یک نسل، m: میانگین تمام نسل‌ها، [a]: مجموع اثرات افزایشی، [d]: مجموع اثرات غالبیت، [i]: مجموع اثرات متقابل افزایشی، [j]: مجموع اثرات متقابل افزایشی و غالبیت، [l] مجموع اثرات متقابل غالبیت و α، β، α^2، $2\alpha\beta$، β^2 ضرایب پارامترهای مدل می‌باشند. ضرایب اجزای ژنتیکی از روش ماتر و جینکز (۱۲) گرفته شده است. برای محاسبه پارامترهای این مدل از برنامه‌نویسی در نرم‌افزار Excel استفاده شد.

در این مطالعه از آزمون مقایس مشترک استفاده شد تا اطلاعات کلیه نسل‌ها به کار گرفته شود. برای تمامی صفات مدل شش پارامتری برازش داده شد که بعضی از پارامترها غیرمعنی‌دار شد. ماتر و جینکز (۱۲)، سینگ و همکاران (۱۹) و یاداو و همکاران (۲۲) پیشنهاد کردند برداشتن اجزاء غیر معنی‌دار از مدل شش پارامتری و سپس برازش بقیه اجزاء که مدل به شمار می‌رود، به برازش مناسب‌تری منجر می‌شود. از این رو پارامترهای غیر معنی‌دار از مدل حذف شدند.

وراثت‌پذیری عمومی (h^2_{ns}) و خصوصی (h^2_{bs}) با فرمول‌های زیر محاسبه شد (۱۱).

$$h^2_{bs} = \frac{0.5A + 0.25D}{0.5A + 0.25D + E}$$

$$h^2_{ns} = \frac{0.5A}{0.5A + 0.25D + E}$$

در این فرمول‌ها $A = \Sigma a^2$، $D = \Sigma d^2$ و E واریانس محیطی است.

متوسط درجه غالبیت از رابطه $\sqrt{\frac{D}{A}}$ محاسبه گردید. همچنین سهم وابسته a و d (F) و $\sqrt{AD}$ محاسبه شد. در صورتی که $\sqrt{AD} = F$ باشد غالبیت در تمام مکان‌های ژنی در یک جهت عمل می‌نمایند ولی اگر $\sqrt{AD} > F$ باشد غالبیت در برخی از مکان‌های ژنی باعث افزایش و در مکان‌های ژنی دیگر باعث کاهش صفت می‌شوند (۱۲).

پاسخ به گزینش (R) در برنامه‌های اصلاحی بر اساس فرمول زیر محاسبه شد (۶).

$$R = ih^2_{ns}\sigma_p$$

در این فرمول i شدت گزینش است که با در نظر گرفتن شدت گزینش ۵ درصد در برنامه‌های اصلاحی مساوی ۲/۰۶۳ است، σ_p و h^2_{ns} به ترتیب وراثت‌پذیری خصوصی و انحراف معیار فنوتیپی است.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نسل‌ها نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین نسل‌های مختلف برای صفات مورد بررسی وجود دارد. لذا تجزیه ژنتیکی و بررسی نحوه توارث برای این صفات امکان‌پذیر بود. نکته قابل توجه دیگر درمورد تمامی صفات به جزء وزن هزار دانه این بود که میانگین هیبریدهای F1 بیش از جمعیت F2 مربوطه بود. به‌دلیل این امر می‌تواند تفرق نتاج در نسل F2 باشد. میانگین صفات مساحت برگ پرچم، تعداد دانه‌های سنبله اصلی و مساحت دانه گرده در هیبریدهای F1 مورد بررسی بیشتر از ارزش این صفات در والدینشان بوده است که نشان‌دهنده هتروزیس در این صفات می‌باشد. نتایج تجزیه میانگین نسل‌ها بر اساس آزمون مقیاس مشترک در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۱- میانگین صفات مختلف در تلاقی روشن × کویر

Table 1. Mean of traits in Roushan × Kavir cross

صفت	مساحت برگ (سانتی‌متر مربع)	وزن هزار دانه (گرم)	عملکرد (گرم)	وزن خشک بوته (گرم)	تعداد دانه‌های سنبله اصلی	تعداد دانه در بوته	مساحت دانه گرده (میلی‌متر مربع)
P_1	۳۳/۳۴	۲۷/۶۰	۲۴/۶۶	۵۴/۶۳	۸۲/۸۴	۸۲۲/۶۹	۰/۹۲
P_2	۳۷/۹۴	۳۳/۰۹	۱۲/۱۵	۲۶/۵۷	۷۴/۷۴	۳۴۶/۵۰	۰/۶۱
F_1	۴۰/۱۷	۲۷/۲۷	۲۱/۸۹	۵۱/۱۱	۹۷/۲۵	۸۲۰/۱۰	۱/۱۶
F_2	۳۰/۱۰	۲۸/۰۱	۱۷/۸۷	۳۸/۵۸	۷۷/۰۶	۶۰۹/۱۶	۰/۹۲
BC_1	۳۴/۹۶	۲۸/۳۰	۲۰/۴۰	۴۶/۰۲	۸۴/۳۹	۸۰۴/۹۸	۰/۹۷
BC_2	۳۵/۷۸	۲۷/۷۹	۱۴/۱۱	۳۰/۸۴	۷۵/۹۹	۴۸۲/۰۴	۰/۸۷

جدول ۲- برآورد اجزای ژنتیکی مختلف برای صفات مورد بررسی در تلاقی روشن × کویر

Table 2. Estimation of genetic parameters for different traits in Roushan × Kavir cross

پارامتر†	مساحت برگ	وزن هزار دانه	عملکرد	وزن خشک بوته	تعداد دانه‌های سنبله اصلی	تعداد دانه در بوته	مساحت دانه گرده
m	۱۴/۵۹±۲/۴۳**	۳۰/۳۴±۲/۰۸**	۲۰/۸۹±۳/۲۲**	۴۰/۰۰±۵/۶۱**	۶۶/۲۷±۵/۱۰**	۶۴۷/۱۹±۸۶/۸۲**	۰/۷۶±۰/۳۲**
[a]	−۲۱/۲۹±۰/۴۹**	−۲/۹۶۷۰/۴۹**	۶/۲۶±۰/۴۷**	۱۴/۰۳±۰/۹۸*	۴/۰۵±۰/۷۵**	۲۳۸/۱۰±۱۵/۳۸**	۰/۱۶±۰/۰۴**
[d]	۳۶/۴۸±۶/۳۵**	−۶/۲۵ ±۵/۷۹^{ns}	−۱۳/۰۳±۸/۷۲^{ns}	−۱۷/۹۸±۱۵/۲۲^{ns}	۱۲/۱۷±۱۴/۶۹^{ns}	۳۲۵/۰۴±۲۳۴/۴۴^{ns}	۰/۲۶±۰/۸۱^{ns}
[i]	۲۱/۰۴±۲/۳۸**	۰/۱۵±۲/۰۲^{ns}	−۲/۴۸±۳/۱۹^{ns}	۰/۶۰±۵/۵۲^{ns}	۱۲/۵۱±۵/۰۵*	−۲۶/۶۰±۸۵/۴۵^{ns}	۰/۰۱±۰/۳۲^{ns}
[j]	۲/۹۵±۰/۰۱^{ns}	۹/۲۱±۱/۹۲**	۰/۰۶±۲/۶۹^{ns}	۲/۳۰±۴/۷۹^{ns}	۸/۷۲±۴/۴۲**	۳۰/۳۱±۷۳/۰۷^{ns}	−۰/۱۰±۰/۲۲^{ns}
[l]	۱۰/۹۱۷۳/۹۹**	۳/۱۸±۴/۲۳^{ns}	۱۳/۹۹±۶/۰۶*	۲۹/۰۹±۱۰/۶۲**	۱۸/۸۰±۱۲/۹۸^{ns}	۴۹۷/۹۵±۱۶۷/۵۰**	۰/۱۵±۰/۵۳^{ns}
χ۲	۰/۰۳^{ns}	۰/۸۴^{ns}	۱۱/۵۰**	۶/۸۷^{ns}	۴/۶۳^{ns}	۵/۶۶^{ns}	۰/۹۴^{ns}

† پارامتر m نشان‌دهنده حد واسط دو والد، [a] جزء افزایشی، [d] جزء غالبیت، [i] اثر متقابل افزایشی×افزایشی، [j] اثر متقابل افزایشی×غالبیت، [l] اثر متقابل غالبیت×غالبیت و χ۲ کای اسکور است.

*، ** و ns: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌داری در سطح ۵٪، ۱٪ و غیرمعنی‌دار است.

علامت مثبت یا منفی در اثر افزایشی ژن‌ها یا [a] بستگی به این دارد که کدام والد P_1 و کدام والد P_2 در نظر گرفته شود (۴) و در اثر غالبیت ژن‌ها یا [d] تابعی از میانگین نسل F_1 در رابطه با میانگین والدین است و نشان می‌دهد که کدام والد در اثر غالبیت ژن‌ها نقش دارد (۱۳) به طوری که علامت منفی برای پارامتر [d] نشان‌دهنده غالبیت نسبی در جهت کاهش صفت مربوطه است (۱۲). در صفات وزن هزار دانه، عملکرد، وزن خشک بوته وتعداد دانه در بوته غالبیت منفی مشاهده شد (جدول ۲). بیشتر بودن نسبت $\sqrt{D/A}$ از یک در صفات عملکرد، تعداد دانه‌های سنبله اصلی و مساحت دانه گرده نشان می‌دهد عمل ژن در این صفات از نوع فوق غالبیت است. از طرف دیگر، کنترل ژنتیکی مساحت برگ پرچم، وزن هزار دانه، وزن خشک بوته و تعداد دانه در بوته از نوع غالبیت نسبی است (جدول ۳). اختلاف فاحش F و $\sqrt{AD}$ در صفات عملکرد و وزن خشک بوته (جدول ۴) نشان‌دهنده هم علامت نبودن dها در مکان‌های ژنی مختلف در این صفات است.

جدول ۳- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد بررسی در تجزیه واریانس نسل‌ها

Table 3. Estimation of genetic parameters for different traits in analysis of variance

صفت	مساحت برگ	وزن هزار دانه	عملکرد	وزن خشک بوته	تعداد دانه‌های سنبله اصلی	تعداد دانه در بوته	مساحت دانه گرده
واریانس افزایشی (V_A)	۱۴/۶۱±۰/۷۱	۱۰/۳۶±۰/۳۶	۴۷/۵۹±۷/۵۵	۱۵۶/۹۰±۸۲/۰۶	۲۸/۴۱±۲/۶۹	۴۹۰۰۸/۶۰±۴۰۰۲/۹۷	۰/۰۷±۰/۰۰
واریانس غالبیت (V_D)	۲/۹۲±۰/۰۳	۱/۷۸±۰/۰۱	۳۲/۵۹±۳/۵۴	۵۵/۴۳±۱۰/۲۴	۱۰۱/۱۷±۳۴/۱۲	۲۲۵۶/۵۴±۸۴۸/۶۶	۰/۰۴±۰/۰۰
واریانس محیطی (V_E)	۹/۲۳±۰/۱۷	۲۳/۲۸±۱/۰۸	۱۸/۳۲±۰/۸۷	۸۱/۸۱±۱۳/۳۸	۷۱/۰۶±۱۰/۱۰	۲۲۸۹۱/۰۵±۱۰۴۸/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰
وراثت‌پذیری عمومی (h^2_{bs})	۰/۶۶±۰/۲۳	۰/۳۴±۰/۰۹	۰/۷۱±۰/۱۸	۰/۷۲±۰/۱۹	۰/۶۵±۰/۱۳	۰/۶۹±۰/۱۵	۰/۷۸±۰/۲۲
وراثت پذیری خصوصی (h^2_{ns})	۰/۵۵±۰/۲۰	۰/۲۹±۰/۰۷	۰/۴۸±۰/۱۱	۰/۵۳±۰/۱۴	۰/۳۴±۰/۰۷	۰/۶۶±۰/۱۵	۰/۴۷±۰/۱۰
سهم غیرمستقل a و d (F)	−۷/۶۴±۰/۳۰	۳/۴۵±۰/۱۸	−۱۷/۷۷±۲/۰۰	−۵۹/۴۷±۳/۲۲	−۵۹/۷۲±۳/۱۱	−۱۷۳۹۹/۷۴±۸۸/۰۰	−۰/۰۱±۰/۰۰
درجه غالبیت ($\sqrt{D/A}$)	۰/۶۳±۰/۰۳	۰/۵۹±۰/۰۲	۱/۱۷±۰/۰۷	۰/۸۴±۰/۰۵	۲/۶۷±۰/۱۳	۰/۳۰±۰/۰۱	۱/۱۴±۰/۰۹
$\sqrt{AD}$	۱۸/۴۸±۰/۸۶	۱۲/۱۳±۰/۶۱	۱۱۱/۳۹±۳/۳۳	۲۶۳/۷۷±۹/۶۱	۱۵۱/۶۴±۶/۰۶	۲۹۷۴۴/۲۲±۲۹/۱۸	۰/۱۵±/۰۰
درصد پاسخ به گزینش (R)	۴۰/۲۲	۱۴/۷۱	۴۶/۹۶	۴۶/۸۸	۱۵/۰۰	۵۷/۲۹	۴/۱۱

مساحت برگ پرچم

برای این صفت مدل شش پارامتری برازش داده شد ولی به دلیل معنی‌دار نشدن اپیستازی افزایشی × غالبیت مناسب‌ترین مدل برای این صفت مدل پنج پارامتری بود (جدول ۲). منفی بودن علامت [a] به این دلیل است که اثر افزایشی در جهت والد ضعیف عمل نموده است (جدول ۱). علامت مثبت [d] حاکی از غالبیت نسبی در جهت افزایش مساحت می‌باشد. علامت مخالف [d] و [l] نشان‌دهنده اپیستازی از نوع دوگانه و پیچیدگی توارث این صفت می‌باشد. اختر و چودری (۳) نیز با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها نشان دادند که اپیستازی، نقش مهمی در کنترل صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، سطح برگ پرچم و وزن هزار دانه دارد. در این صفت درجه غالبیت کمتر از یک می‌باشد که نشان‌دهنده غالبیت نسبی می‌باشد. مقدار $\sqrt{AD} > F$ است، یعنی در بعضی از مکان‌های ژنی آلل غالب باعث افزایش مساحت برگ و در مکان‌های ژنی دیگر آلل مغلوب باعث افزایش مساحت برگ می‌شود. در این صفت F منفی می‌باشد و نشان می‌دهد به طور متوسط غالبیت در جهت افزایش سطح برگ عمل می‌نماید. نتایج به دست آمده با بررسی‌های انجام شده توسط کولاریا و شارما (۹) مغایرت دارد. این صفت واریانس افزایشی و وراثت‌پذیری خصوصی بالایی ۰/۵۵ دارد. بنابراین می‌توان از عمل گزینش طی نسل‌های تفکیک استفاده نمود. برای به‌نژادی این صفت روش‌هایی نظیر شجره‌ای و تلاقی برگشتی توصیه می‌گردد. همچنین روشی نظیر بالک می‌تواند موثر باشد.

وزن هزار دانه

بهترین مدل برای وزن هزار دانه، مدل ۳ پارامتری [m]، [a] و [j] می‌باشد (جدول ۲). اپیستازی افزایشی×غالبیت یا [j] از طریق گزینش تحت شرایط خودگشنی قابل تثبیت می‌باشد. با توجه به بزرگتر بودن واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت در به‌نژادی این صفت گزینش در نسل‌های اولیه موثر می‌باشد، این نتیجه با نتایج به دست آمده از سوی

شارما و کولاریا (۹) موافقت دارد، ولی با نتایج پراکش و همکاران (۱۶) بر روی جو مغایرت دارد. مطالعاتی که لونیک (۱۰) انجام داد، نشان می‌دهد که ژن‌ها با اثر غالبیت نسبی وزن هزار دانه را کنترل می‌کنند که با نتایج به‌دست آمده مطابقت دارد.

عملکرد

عملکرد به طور معنی‌داری تحت تاثیر ۳ پارامتر [m]، [a] و [l] می‌باشد (جدول ۲). نتایج این پژوهش نشان داد درجه غالبیت بزرگتر از یک است که نشان‌دهنده فوق غالبیت می‌باشد، در حالی که لونیک (۱۰) گزارش داد ژن‌ها با اثر غالبیت نسبی عملکرد بوته را کنترل می‌کنند. مقدار $\sqrt{AD} > F$ است، یعنی در بعضی از مکان‌های ژنی آلل غالب باعث افزایش عملکرد می‌شود و در بعضی مکان‌های ژنی دیگر آلل مغلوب باعث افزایش عملکرد می‌شود. در این صفت واریانس افزایشی نسبت به غالبیت بالاتر است (جدول ۳) و وراثت‌پذیری خصوصی نسبتا بالا (۰/۴۸) نیز نقش ارزش اصلاحی را در این صفت نشان می‌دهد. بنابراین می‌توان از عمل گزینش طی نسل‌های تفکیک استفاده نمود. این نتایج با یافته‌های شارما (۱۸) مطابقت دارد. در به‌نژادی این صفت هم روش شجره‌ای و هم روشی نظیر بالک می‌تواند موثر باشد. ولی با توجه به واریانس افزایشی بالا روش شجره‌ای مناسب‌تر است.

تعداد دانه در سنبله اصلی

بهترین مدل برای وزن هزار دانه، مدل ۴ پارامتری [m]، [a]، [i] و [j] می‌باشد (جدول ۲). پس از رسیدن به خلوص ژنتیکی اپیستازی افزایشی×غالبیت یا [j] تثبیت می‌شود. ولی اپیستازی افزایشی×افزایشی یا [i] به وسیله درون‌زادآوری قابل تثبیت نیست. همانند عملکرد درجه غالبیت برای این صفت نیز بزرگتر از یک می‌باشد که نشان‌دهنده فوق غالبیت است. با توجه به اینکه واریانس غالبیت نسبت به واریانس افزایشی بسیار بزرگ‌تر است (جدول ۳) کنترل این صفت بیشتر تحت تاثیر آثار غیرافزایشی است. وراثت‌پذیری خصوصی پایین این صفت نیز این نظریه را تایید می‌نماید. با توجه به این نتایج، گزینش در خلال نسل‌های تفکیک توصیه نمی‌گردد و برای به‌نژادی این صفت از روش دابل‌هاپلوئیدی و تولید لاین‌های خالص می‌توان استفاده نمود. نتایج این پژوهش یافته‌های کولاریا و شارما (۹) و عشقی (۵) را تایید می‌نماید.

وزن خشک بوته

این صفت به طور معنی‌داری تحت تاثیر ۳ پارامتر [m]، [a] و [l] می‌باشد (جدول ۲). پس از رسیدن به خلوص ژنتیکی اپیستازی غالبیت×غالبیت یا [l] تثبیت می‌شود و این صفت فقط تحت تاثیر اثر افزایشی خواهد بود. واریانس افزایشی و وراثت‌پذیری بالا (جدول ۳) نیز این یافته‌ها را تایید می‌نماید. این عوامل باعث شده‌اند که این صفت پاسخ به گزینش بالایی (۴۶/۸۸) داشته باشد. بر اساس این یافته‌ها، گزینش طی نسل‌های تفکیک می‌تواند روش مناسبی برای بهبود این صفت باشد. از این رو، برای به‌نژادی این صفت روش شجره‌ای توصیه می‌شود. درجه غالبیت کمتر از یک می‌باشد که نشان‌دهنده غالبیت نسبی در کنترل ژنتیکی وزن خشک بوته می‌باشد. مقدار $\sqrt{AD} > F$ است، یعنی در برخی از مکان‌های ژنی آلل غالب باعث افزایش و در برخی مکان‌های ژنی باعث کاهش وزن خشک بوته می‌شود.

مساحت دانه گرده

بهترین مدل برای مساحت دانه گرده، مدل ۲ پارامتری [m] و [a] می‌باشد (جدول ۲). این صفت دارای واریانس افزایشی و وراثت‌پذیری خصوصی بالا می‌باشد (جدول ۳). بنابراین ما می‌توانیم از عمل گزینش طی نسل‌های تفکیک استفاده نمائیم. در به‌نژادی این صفت می‌توان از روش شجره‌ای استفاده نمود. نکته قابل توجه در مورد این صفت پاسخ به گزینش پایین آن است (جدول ۳). دلیل این امر می‌تواند تنوع ژنتیکی پایین این صفت باشد.

وراثت‌پذیری یکی از مهم‌ترین خصوصیات یک صفت کمی است. برآوردهای وراثت‌پذیری از این جهت مهم است که اطلاعات لازم برای انتقال صفات از والدین به نتاج را فراهم کرده و بنابراین ارزیابی اثرات ژنتیکی و محیطی در تنوع فنوتیپی را تسهیل و به گزینش کمک می‌کند (۸). در این پژوهش وزن هزار دانه کمترین (۰/۳۴) و مساحت دانه گرده بیشترین (۰/۷۸) وراثت‌پذیری عمومی را داشتند (جدول ۳). توارث‌پذیری خصوصی متفاوتی برای صفات مورد بررسی حاصل شد که کمترین آن ۲۹ درصد برای وزن هزاز دانه و بیشترین آن ۶۶ درصد برای تعداد دانه در بوته بود (جدول ۴). تعداد دانه در بوته نه تنها بیشترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی را دارا بود بلکه بیشترین پاسخ به گزینش (۵۷/۲۹٪) را نیز داشت. با توجه به وراثت‌پذیری و پاسخ به گزینش بالای این صفت توصیه می‌شود در برنامه‌های به‌نژادی به این صفت توجه بیشتری شود.

تشکر و قدردانی

نگارندگان مقاله از قطب علمی تنش‌های محیطی در غلات به خاطر حمایت مالی این پروژه سپاسگزاری می‌نمایند.

منابع

1. Abdolshahi, R., A. Safarian, M. Nazari, S. Pourseyedi and G. Mohamadi-Nejad. 2013. Screening drought-tolerant genotypes in bread wheat (*Triticum Aestivum* L.) using different multivariate methods. Archive of Agronomy and Soil Science, 59: 685-704.
2. Ahmadi, J.S., F.A. Orang, A. Zali, B. Yazdi-Samadi, M.R. Ghannadha and A.R. Taleei. 2007. Study of yield and its components inheritance in wheat under drought and irrigated conditions, Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 11: 201-214.
3. Akhtar, N. and M.A. Chowdhry. 2006. Genetic analysis of yield and some other quantitative traits in bread wheat, International Journal of Agriculture and Biology, 4: 523-527.
4. Cukadar-Olmedo, B. and J.F. Miller. 1997. Inheritance of the stay green In sunflower. Crop Science 37: 150-153.
5. Eshghi, R. and E. Akhundova. 2010. Inheritance of some important agronomic traits in hulless barley, International journal of Agriculture & Biology, 12: 73-76.
6. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman, London, 463 pp.
7. Farshadfar, A. 1998. Method Study of Plant Breeding Publications of Razi University, Kermanshah, Iran, 616 pp (In Persian).
8. Farshadfar, A. 1999. Quantitative Genetics in Plant Breeding Vol II. Publications of Razi University, Kermanshah, Iran, 396 pp (In Persian).
9. kularia, R.K. and A.K. Sharma. 2005. Generation mean analysis for yield and its component traits in barley (*Hordeum Vulgare* L.) Indian journal of Genetics and plant Breeding, 65: 129-130, 8 refs.
10. Lonc, W. 1988. A diallel analysis of useful traits of barley (*Hordeum vulgare* L.) hybrids. GeneticaPolonica, 32: 174-186.
11. Mather, K. and L. Jinks. 1982. Biometrical genetics the study of continuous variation. Chapman and Hall. London, 450 pp.
12. Mather, K. 1949. Biometrical Genetices Methuen, London, 162 pp.
13. Miller, D. and R.C. Pikett. 1956. Inheritance of parent male fertility in *Sorghum vulgar* Peres. Crop Science, 14: 1-4.
14. Morgan, J.M. 1999. Pollen grain expression of a gene controlling differences in osmoregulation in wheat leaves: a simple breeding method. Australian journal of agricultural research, 50: 953-962.
15. Morgan, J.M. 1992. Osmotic components and properties associated with genotypic differences in osmoregulation in wheat, Australian Journal of Plant Physiology, 19: 67-76.
16. Prakash, V., R.V. Singh and D.D. Saini. 2005. Gene action for grain yield and its related traits in barley (*Hordeurn Vulgare* L.). Crop Improvement, 32: 40-43.
17. Rajaram. S., H.J. Braun and M. Ginkel. 1996. CIMMYTs approach to breed for drought tolerance. Euphytica, 92: 147-153.
18. Sharma, S.N. and R.S. Sain. 2002. Genetics of peduncle area in durum wheat (*Triticum durum Desf.*), Indian Journal of Genetics, 62: 97-100.
19. Singh, G., G. Nanda and V. Shou. 1998. Gene effects for grains per spike, grain weight and grains per spiklet in a set of nineteen crosses of wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 58: 83-89.
20. Tuberosa, R. and S. Salvi. 2006. Genomics-based approaches to improve drought tolerance of crops, Trends in Plant Science, 11: 405-412.
21. Vaezi, S.S., S. Abdmishani, B. Yazdi Samadi and M.R. Ghannadha. 2000. Correlation and path analysis of grain yield and its components in maize. Iranian Journal of Agricultural Sciences, 30: 71-83 (In Persian).
22. Yadava, B., C. Tyagi and D. Singh. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. Annals of Applied Biology, 133: 227-235.

Genetic Analysis of Yield and Yield Related Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) under Drought Stress Condition

Masoume Heydari Roodballi[1], Roohollah Abdolshahi[2], Amin Baghizadeh[3] and Mohamad Ghader Ghaderi[4]

1 and 3- M.Sc. Student and Associate Professor, Graduate University of Technology, Kerman
2- Assistant Professor, Shaid Bahonar University of Kerman
(Corresponding author: abdoshahi@gmail.com)
4- Assistant Professor, Birjand University
Received: January 21, 2014 Accepted: July 23, 2014

Abstract

A generation mean analysis was conducted to study genetic of yield and yield related traits of bread wheat in drought stress condition. In this research F1, F2, BC1 and BC2 generations were developed created using Kavir and Roushan as parents. The generations and parents were evaluated in a randomized complete block design with three replications and the traits including yield, flag leaf area, 1000-grain weight, plant dry weight, grain number per spike, grain number per plant and pollen area were evaluated. Generation mean analysis was done by joint scaling test. Results showed that all gene effects including additive, dominance, additive × additive epistasis, additive × dominance epistasis and dominance × dominance epistasis were affected on these traits inheritance. The narrow sense heritability estimates were variable between 29%-to 66% for 1000-grain weight and grain number per plant, respectively. Grain number per plant, an important yield component, had the highest narrow sense heritability (66%) and response to selection (57%). Based on these results, this trait is recommended in wheat breeding programs in drought prone environment.

Keywords: Bread Wheat, Drought Stress, Generation mean analysis, Joint scaling test, Yield