

تجزیه ژنتیکی صفات زراعی ارقام جو (*Hordeum vulgare* L.) تحت تنش شوری با استفاده از تلاقی دی‌آلل

جمال رحیمی درآباد^۱، وره‌رام رشیدی^{۲*}، حسین شهبازی^۳، محمد مقدم‌واحد^۴ و ابراهیم خلیل‌وند^۵

۱- دانشجوی دکتری، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز

۲- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز

۳- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد اردبیل، دانشگاه آزاد اسلامی، اردبیل

۴- استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز

۵- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۱/۰۲ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۹/۲۰)

چکیده

به‌منظور تعیین وراثت‌پذیری و پارامترهای ژنتیکی برخی صفات زراعی در ارقام جو، بذور F_1 حاصل از تلاقی نیمه‌دی‌آلل 7×7 به همراه والدین در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و تحت شرایط بدون تنش و تنش‌های شوری ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر ارزیابی شدند. تجزیه ژنتیکی به روش هیمن و روش دوم در مدل ثابت گریفینگ انجام شد. شیب‌خط رگرسیون W_T روی V_T در هر سه شرایط، اختلاف معنی‌داری با یک نشان نداد، اما با صفر اختلاف معنی‌داری نشان داد که نشان‌دهنده کفایت مدل افزایشی- غالبیت برای این صفات است. وراثت‌پذیری عمومی صفات بالا (۰/۷-۰/۹) و وراثت‌پذیری خصوصی صفات متوسط به بالا (۰/۴-۰/۸) بود. نتایج نمودارهای رگرسیونی نشان داد که والد افضل دارای بیشترین آلل غالب بود. معنی‌دار بودن جزء ژنتیکی a ، در بیشتر صفات نشان‌دهنده نقش اثرهای افزایشی ژن در کنترل صفات بود. جزء ژنتیکی b در بیشتر صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده حضور اثرهای غالبیت ژنی در کنترل صفات است. برآورد توزیع آلل‌های مثبت و منفی در والدین نشان داد مقدار این نسبت در کلیه صفات (به‌جز وزن دانه در سنبله تحت تنش ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) کمتر از ۲۵ درصد بود که نشان‌دهنده عدم تقارن در توزیع آلل‌های مثبت و منفی در بین والدین است. بر اساس اثرات ترکیب‌پذیری عمومی در شرایط شوری، رقم کویر آلل‌های مطلوبی برای صفات ارتفاع بوته، وزن دانه در سنبله و وزن صددانه را دارا می‌باشد و می‌تواند به‌عنوان یک والد عمومی در برنامه‌های به‌نژادی به‌کار برده شود. برآورد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی بالا برای بیشتر صفات گویای امیدبخش بودن این مواد ژنتیکی برای به‌نژادی تحت شرایط نرمال و تنش شوری بود.

واژگان کلیدی: اثرات افزایشی و غالبیت، ترکیب‌پذیری، روش هیمن، وراثت‌پذیری

تنش های غیرزنده شامل شوری، خشکی، گرما و سرما به طور جدی تولیدات گیاهان را تهدید می کند و باعث کاهش معنی دار عملکرد در مناطق وسیع می شوند (Mantri et al., 2012). شوری به عنوان عامل مهم کاهش تولیدات و پایداری کشاورزی در مناطق خشک و نیمه خشک جهان مطرح شده است که باعث کاهش ارزش خاک و بهره وری آن می شود (Ashraf, 2010). گزارش شده است که بیش از ۶۵ درصد خشکی های جهان و ۱۹/۵ درصد زمین های آبی تحت اثر شوری هستند (FAO, 2018). ایران پس از هند و پاکستان با دارا بودن ۶/۸ میلیون هکتار اراضی شور در صدر کشورهای در معرض تهدید از نظر تنش شوری محسوب می گردد (Parida and Das, 2005; Moameni, 2010). تحمل به شوری یک ویژگی پیچیده است و نه تنها در بین گونه ها، بلکه در بین واریته ها و ژنوتیپ های یک گونه متغیر می باشد (Ashraf, 2002). با وجود تنوع کم در زمینه تحمل گیاهان به تنش شوری، در برخی از گیاهان از جمله گندم و تیره گرامینه درجه های مختلفی از تحمل به شوری و تنوع ژنتیکی گزارش شده است (Flower, 2004). گیاه جو در بین غلات دانه ریز، متحمل ترین گیاه در برابر شوری با آستانه تحمل ۸ دسی زیمنس بر متر است (Katerji et al., 2006). دفع نمک از برگ با تحمل به شوری جو در ارتباط می باشد (Shavrukov et al., 2010). اثر زیان بار شوری بر تمامی مراحل رشد جو گزارش شده است، اما این اثر در مراحل رویشی بیشتر از شروع گلدهی و پر شدن دانه است (Naseer, 2001). کاهش سطح برگ، کاهش وزن گیاهیچه، تجمع یون سدیم در برگ و تخریب غشاهای سلولی از اثرات تنش شوری بر گیاهیچه گندم عنوان شده است (Munns and James, 2003). شوری سبب افزایش میزان پرولین و کاهش فعالیت پراکسیداز در جو می شود. این اثر که چند ساعت پس از جوانه زنی قابل مشاهده بود، در ژنوتیپ های حساس محسوس تر بود (Jibr et al., 2002). چودری و همکاران (Chowdhry et al., 2002) پنج رقم جو را در قالب یک طرح دی آلل مورد بررسی قرار دادند، نتایج نشان داد صفات تعداد پنجه در گیاه، ارتفاع بوته، تعداد

دانه در سنبله، وزن صددانه و عملکرد دانه در گیاه عمدتاً به صورت فوق غالبیت کنترل می شود. در کنترل توارث طول سنبله آثار غالبیت ناقص همراه با آثار افزایشی مشاهده شد. در ضمن برای صفات ارتفاع گیاه، طول سنبله و وزن صددانه آثار اپیستازی نیز دیده شد. ارزیابی درجه متوسط غالبیت در ارقام جو نشان داد که نقش اثرات ژنتیکی غیرافزایشی در وراثت پذیری صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه و تعداد سنبله در بوته در نسل F₁ برجسته تر بود (Ehab et al., 2014). در بررسی ژنتیکی برخی صفات جو به روش دی آلل، وراثت پذیری خصوصی صفات طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در بوته را متوسط به بالا گزارش نمودند (Ehab et al., 2014). به نژادی برای تحمل به تنش شوری یکی از مؤثرترین روش ها برای پایدار ماندن عملکرد محصولات کشاورزی در محیط های شور است (Genec et al., 2010). تحمل تنش شوری بیانگر توانایی یک ژنوتیپ برای رشد و تولید عملکرد مناسب در یک محیط شور می باشد که این توانایی عمدتاً از طریق عملکرد یا تولید بیوماس نسبی در محیط های شور نسبت به محیط های غیرشور اندازه گیری می شود (Munns et al., 2002). تلاقی های دی آلل یکی از متداول ترین و مهم ترین روش های تلاقی جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی (جنبه تئوری استفاده از تلاقی دی آلل) و قدرت ترکیب پذیری لاین ها (جنبه عملی استفاده از تلاقی دی آلل) است. مطالعه های ژنتیکی و تعیین واریانس ژنوتیپی (افزایشی، غالبیت و اپیستازی) و همچنین تعیین عمل ژن، اطلاعات با ارزشی در خصوص نحوه کنترل ژنتیکی و توارث صفات، فراوانی آلل های غالب و مغلوب در والدین، پیش بینی ظهور صفت در نسل نتاج و انتخاب روش اصلاحی مناسب برای به نژادگران فراهم می سازد (Jagtap and Mehetre, 1996; Shakeel et al., 2001). این امر منجر به شناسایی والدین مناسب و با ترکیب پذیری بالا می شود که برای تولید هیبریدهای دارای هتروزیس بیشتر در برنامه های اصلاحی جو مفید است (Zhang et al., 2015). تجزیه دی آلل در گیاهان مختلف از جمله جو برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده شده است (Madhukar et al., 2018). چودری

۱۰۲ و ۱۵۳ میلی‌گرم در ۱۰۰ گرم خاک محاسبه گردید و به‌منظور اطمینان از عدم افزایش شوری از مقادیر مورد نظر، کنترل میزان شوری گلدان‌ها توسط EC سنچ در گلخانه، از طریق زه آب گلدان‌ها انجام گردید و همچنین برای اطمینان بیشتر، شوری عصاره اشباع خاک از طریق روابط آیرز و وسکات (Ayers and Wescot, 1985) محاسبه و کنترل گردید. ابتدا با اندازه‌گیری میزان شوری آب آبیاری (EC_{iw}) و تقسیم آن بر شوری زهکش (EC_{dw})، جزء آبشویی (LF) طبق رابطه $LF = EC_{iw} / EC_{dw}$ محاسبه شد و با استفاده از جدول فاکتور غلظت (C) و رابطه $EC_e = EC_{iw} \times C$ میزان شوری عصاره اشباع خاک گلدان‌ها محاسبه گردید.

LF	0.05	0.10	0.15	0.20	0.25	0.30	0.40	0.50	0.60	0.70	0.80
C	3.2	2.1	1.6	1.3	1.2	1	0.9	0.8	0.7	0.6	0.6

گلدان‌های با شرایط بدون تنش (شاهد) هم با آب معمولی و با شوری یک دسی‌زیمنس بر متر آبیاری شد. حجم آب آبیاری برای هر سه شرایط یکسان و به میزان ۴۰۰ سی‌سی و به‌صورت دو روز در میان در نظر گرفته شد. پس از انتقال گلدان‌ها به فضای باز، روی گلدان‌ها هم با نایلون متحرک و در روزهای با احتمال بارندگی پوشش داده شده تا آب باران احتمالی وارد گلدان‌ها نشود. پس از رسیدن گلدان‌ها به سطح شوری ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر در طول یک ماه، آبیاری با آب شور قطع و ادامه آبیاری با آب معمولی انجام گرفت. برای جلوگیری از شستشوی نمک و کاهش شوری، زه‌آب جمع شده در زیر گلدانی‌ها دوباره به گلدان بازگردانده شد. کنترل شوری خاک گلدان‌ها تا انتها ادامه داشت و تقریباً از روند ثابتی برخوردار بود و تغییر معنی‌داری مشاهده نشد. جهت اندازه‌گیری صفات زراعی، در هر گلدان ۳ بوته به‌طور تصادفی مشخص و اندازه‌گیری شد و سپس میانگین سه بوته به‌عنوان داده گلدان ثبت شد. اندازه‌گیری ارتفاع بوته (cm) در گلخانه و صفات وزن سنبله (g)، تعداد دانه در سنبله (n)، وزن دانه در سنبله (g) و وزن صدانه (g) پس از مرحله رسیدگی در آزمایشگاه و با استفاده از ترازوی دیجیتال انجام شد. تجزیه دی‌آل به روش گرافیکی هیمن (Hayman, 1954) و روش دوم مدل ثابت گریفینگ (Griffing, 1956) انجام شد.

و همکاران (Chowdhry et al., 2002) در بررسی پنج رقم جو از طریق دی‌آل گزارش نمودند صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه به‌طور عمده تحت کنترل فوق‌غالبیت ژنی است. ارزیابی ترکیب‌پذیری در جو برای صفات مرتبط با سنبله (Madić et al., 2014) و تحمل به شوری (Chen et al., 2008) گزارش شده است و می‌توان والدین با GCA بالا را در برنامه‌های دورگ‌گیری برای ایجاد لاین‌های بهبودیافته مورد استفاده قرار داد و هیبریدهای برتر با SCA بالا در ترکیبات ایجاد کرد (Madić et al., 2014).

از مهم‌ترین اهداف این تحقیق تعیین وراثت‌پذیری، بررسی اثر ژن‌های کنترل‌کننده، تحلیل ژنتیکی صفات و تجزیه و تحلیل ترکیب‌پذیری والدین برای شناسایی آل‌های مطلوب و در نهایت پیشنهاد روش اصلاحی مناسب در جهت بهبود هر یک از این صفات می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش ۷ رقم جو متحمل، نیمه‌متحمل و حساس به تنش شوری (ارقام افضل، نصرت، کویر و والفجر به‌عنوان متحمل و نیمه‌متحمل و ارقام ریحان، صحرا و یوسف به‌عنوان حساس) در قالب طرح ژنتیکی نیمه‌دی‌آل در سال ۱۳۹۶ تلافی یافتند (جدول ۱). در سال بعد بذور F_1 حاصل (۲۱ هیبرید) به همراه والدین تحت شرایط سطوح مختلف تنش شوری خاک (شاهد، ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در گلخانه ایستگاه تحقیقات کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی واحد اردبیل و در داخل گلدان‌های پلاستیکی با قطر دهانه ۳۰ سانتی‌متر و ارتفاع ۳۵ سانتی‌متر و با گنجایش ۴ کیلوگرم و با ترکیب ماسه، کود کمپوست استریلیزه و خاک به نسبت مساوی، کاشته شد. به‌دلیل احتمال سبز نشدن ژنوتیپ‌های حساس به شوری در تنش ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر، اعمال تنش‌های شوری ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر در خاک در مرحله چهار برگی، به‌تدریج و در طول یک ماه به ترتیب با محلول‌های تهیه شده ۵۰ و ۱۰۰ میلی‌مولار و با استفاده از نمک کلرید سدیم و از طریق آبیاری انجام گرفت. مقدار نمک مورد نیاز برای ایجاد سطوح شوری با در دست داشتن مقدار درصد اشباع خاک به ترتیب به میزان

افزایشی - غالبیت برای این صفات است (Mather and Jinks, 1971). کفایت مدل افزایشی - غالبیت در گندم (et al., 2001). (Farooq, 2004)، برنج (Mahmood et al., 2004)، پنبه (Ali and Awan, 2009) و سویا (Fronza et al., 2004) قبلاً گزارش شده است.

معنی دار بودن جزء ژنتیکی a ، در جدول ۴ مطابق با معنی داری اثرهای افزایشی (جزء D) در جدول ۵ است و نشان دهنده نقش اثرهای افزایشی در کنترل صفات می باشد.

معنی دار بودن جزء افزایشی (D) در صفت ارتفاع بوته در جو بهاره تحت تنش شوری قبلاً نیز گزارش شده است (Mansour and Moustafa, 2016). رومن و همکاران (Rohman et al., 2006) با تلاقی دی آلل نشان دادند اثرهای افزایشی و غیرافزایشی در همه صفات توارث پذیر مورد مطالعه جو مهم می باشند. معنی دار بودن اثرهای ژنتیکی غالبیت (منع تغییرات b) در بیشتر صفات مورد مطالعه حاکی از وجود اثرهای غالبیت در کنترل صفات بود (جدول ۴). معنی داری واریانس غالبیت تصحیح شده و تصحیح نشده (اجزای H_1 و H_2) در صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله و وزن صدانه در هر سه شرایط، نشان دهنده نقش غالبیت در کنترل صفات می باشد (جدول ۵).

آزمون کفایت مدل افزایشی - غالبیت بر اساس خط رگرسیون W_r بر روی V_r ($H_0: b = 1$ vs. $H_1: b \neq 1$) و به روش هیمن (Hayman, 1954) انجام شد. برای محاسبه اجزاء ژنتیکی دی آلل یک طرفه (H_1, H_2, F و D) از فرمول های ارائه شده توسط سینگ و سینگ (Singh and Singh, 1984) استفاده گردید. درجه متوسط غالبیت، وراثت پذیری عمومی و خصوصی بر اساس فرمول های ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1971) محاسبه شد. تجزیه واریانس دی آلل با نرم افزار DIAL98 انجام شد (Ukai, 1989). برای محاسبه و تجزیه تحلیل سایر داده ها و پارامترهای ژنتیکی و رسم نمودارها از نرم افزار Excel 2010، MSTATC و SPSS 22 استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه دی آلل به روش هیمن: نتایج تجزیه واریانس در جدول ۲ نشان داد که میانگین مربعات تیمارها (۷ والد + ۲۱ هیبرید) برای تمام صفات مورد مطالعه معنی دار بود، بنابراین اختلاف ژنتیکی کافی برای ادامه تجزیه ژنتیکی دی آلل فراهم بود. بر اساس نتایج آزمون مدل افزایشی - غالبیت (جدول ۳) شیب خط رگرسیون W_r بر روی V_r در صفات مورد مطالعه و در هر سه شرایط اختلاف معنی داری با یک نشان نداد، اما با صفر اختلاف معنی داری نشان داد که نشان دهنده کفایت مدل

جدول ۱- منشأ و شجره نامه ارقام جو مورد مطالعه

Table 1. Source / pedigree of studied barley cultivars

والد	رقم	تحمل	شجره، منشأ
Parent	Cultivar	Tolerance	Pedigree,origin
1	افضل Afzal	متحمل Tolerant	Chahafzal
2	نصرت Nosrat	متحمل Tolerant	Karoon/Kavir, Iran
3	والفجر Valfajr	نیمه متحمل Semi-tolerant	CI-108985, Egypt
4	کوبر Kavir	نیمه متحمل Semi-tolerant	Arivat, USA
5	ریحان Rihane	حساس Sensitive	Atlas 46 /Arivat //Athenais ICB76-2L-1AP-0AP, ICARDA
6	صحرا Sahra	حساس Sensitive	L. B. LRAN/ Una8271// Giorias "s" Com, CIMMYT
7	یوسف Yoosef	حساس Sensitive	Ligne527/chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/DeirAlla 106//DI71/strain 205

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه

Table 2. Analysis of variance of studied traits

منبع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean of Squares													
		ارتفاع بوته Plant height		وزن سنبله Spike weight		تعداد دانه در سنبله Grain per spike		وزن دانه در سنبله Grain weight per spike		وزن صد دانه 100 grain weight					
تکرار Replication	2	28.23**	7.75 ^{ns}	4.00 ^{ns}	1.52**	0.95**	16.64**	17.78**	0.74 ^{ns}	0.007*	0.002 ^{ns}	0.024 ^{ns}	0.04 ^{ns}	17.53**	5.03 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	27	45.19**	30.45**	26.56*	3.05**	1.73**	5.27**	11.79**	14.75**	0.02;4**	0.021**	0.009 ^{ns}	63.7**	67.08**	74.15**
خطا Error	54	2.83	3.46	15.47	0.07	0.14	0.75	1.77	0.69	0.002	0.007	0.01	2.02	2.75	5.09

^{ns}, * and **: Non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; 0, 8 and 12: levels of salinity stress in ds m⁻¹; a: درصدها؛ ۰، ۸ و ۱۲: سطوح تنش شوری بر حسب دمی زمینس بر متر؛ b: ضریب رگرسیون

>

جدول ۳- تجزیه بررسی کنایت مدل افزایشی- غالبیت صفات بوسیله رگرسیون W_T/V_T

Table 3. Analysis of additive -dominant model by regression of W_T on V_T for traits

فرض صفر Null hypothesis	ارتفاع بوته Plant height		وزن سنبله Spike weight		تعداد دانه در سنبله Grain per spike		وزن دانه در سنبله Grain weight per spike		وزن صد دانه 100 grain weight			
	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12
H ₀ : b = 0	0.86**	0.71**	0.64*	0.86**	0.71**	0.64*	0.71**	0.63*	0.70**	0.84**	0.82**	0.85**
	±0.13	±0.20	±0.22	±0.13	±0.20	±0.22	±0.13	±0.19	±0.15	±0.08	±0.10	±0.08
H ₀ : b = 1	0.86 ^{ns}	0.71 ^{ns}	0.64 ^{ns}	0.86 ^{ns}	0.71 ^{ns}	0.64 ^{ns}	0.71 ^{ns}	0.63 ^{ns}	0.70 ^{ns}	0.84 ^{ns}	0.82 ^{ns}	0.85 ^{ns}
	±0.13	±0.20	±0.22	±0.13	±0.20	±0.22	±0.13	±0.19	±0.15	±0.08	±0.10	±0.08

^{ns}, * and **: Non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; 0, 8 and 12: levels of salinity stress in ds m⁻¹; a: درصدها؛ ۰، ۸ و ۱۲: سطوح تنش شوری بر حسب دمی زمینس بر متر؛ b: ضریب رگرسیون

^{ns}, * and **: Non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; 0, 8 and 12: levels of salinity stress in ds m⁻¹; b: Regression coefficient

جدول ۴- تجزیه واریانس ژنتیکی با استفاده از مدل والتر و مورتون (۱۹۷۸)

Table 4. Analysis of genetic variance using Walter and Morton model (1978)

منبع تغییر S.O.V	میانگین مربعات (Mean of Squares)															
	ارتفاع بوته (Plant height)			وزن سنبله (Spike weight)			تعداد دانه در سنبله (Grain per spike)			وزن دانه در سنبله (Grain weight per spike)			وزن صد دانه (100 grain weight)			
df	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12	
بلوک (Block)	2	28**	8 ^{ns}	4 ^{ns}	1.51**	0.95**	0.93 ^{ns}	5.27**	17.78**	0.74 ^{ns}	0.007*	0.002 ^{ns}	0.024 ^{ns}	0.027 ^{ns}	17.54**	5.03 ^{ns}
a	6	68**	46**	31 ^{ns}	4.94**	3.29**	2.91**	15.75**	13.61**	15.59**	0.032*	0.022**	0.011 ^{ns}	65.61**	70.20**	81.52**
b	21	39**	26**	25 ^{ns}	2.51**	1.29**	1.56**	16.90**	11.28**	14.51**	0.022**	0.021**	0.009 ^{ns}	63.21**	66.19**	72.04**
b ₁	1	279**	215**	287**	0.04 ^{ns}	0.102 ^{ns}	0.639 ^{ns}	2.67 ^{ns}	1.05 ^{ns}	3.08*	0.001 ^{ns}	0.0002 ^{ns}	0.008 ^{ns}	23.64**	81.74**	22.57**
b ₂	6	11**	7 ^{ns}	9 ^{ns}	1.46**	0.0002**	0.663 ^{ns}	6.45**	1.89 ^{ns}	3.93**	0.012**	0.007 ^{ns}	0.003 ^{ns}	15.90**	6.68*	16.09**
b ₃	14	33**	21**	14 ^{ns}	3.14**	1.496**	2.006**	22.39**	16.04**	19.87**	0.028**	0.028**	0.012 ^{ns}	86.32**	90.55**	99.55**
E	54	3	3	15	0.07	0.142**	0.344	0.75	1.77	0.69	0.007	0.012	2.02	2.75	2.75	5.09

خطا: E; جهت‌دار: b₂; تعداد فراوانی ژن: b₃; غالبیت جزئی: E; ^{ns}: Non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; 0, 8 and 12: levels of Salinity stress/ ds m⁻¹; a: Additive effect; b: Non-additive effect; b₁: Direct of dominance; b₂: Gene frequency balance; b₃: Particular dominance; E: Error

جدول ۵- برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه در طرح نیمه دی آلل

Table 5. Estimates of genetic components and related statistics in half- diallel design

پارامترهای ژنتیکی	ارتفاع بوته (Plant height)			وزن سنبله (Spike weight)			تعداد دانه در سنبله (Grain per spike)			وزن دانه در سنبله (Grain weight per spike)			وزن صد دانه (100 grain weight)		
	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12
Genetic parameters	24.2**	16.1**	28.8**	1.7*	1.1*	1.1*	6.1**	5.3**	5.4**	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	23.8**	26.5**	29.8**
S.E.(D)	±1.4	±1.5	±1.6	±0.5	±0.4	±0.4	±0.8	±0.9	±1	±0.04	±0.04	±0.04	±1.4	±1.7	±1.6
H ₁	26.2**	21.4**	23.1**	2.7*	1.7 ^{ns}	1.3 ^{ns}	8.8**	5.3*	7.1*	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.003 ^{ns}	21.8**	32.2**	35.7**
S.E.(H ₁)	±3.5	±3.7	±3.8	±1.2	±0.9	±1	±2	±1.7	±2.4	±0.09	±0.1	±0.09	±3.4	±4	±4
H ₂	22.3**	19.1**	19.5**	2.3*	1.3 ^{ns}	1.1 ^{ns}	6.6**	4.6*	6*	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.004 ^{ns}	16.7**	28.6**	30.5**
S.E.(H ₂)	±3.1	±3.3	±3.4	±1.01	±0.8	±0.8	±1.8	±1.5	±2.1	±0.08	±0.1	±0.08	±3	±3.5	±3.4
F	8.8*	6.5 ^{ns}	18.2**	0.9 ^{ns}	1.1 ^{ns}	0.23 ^{ns}	-1.5 ^{ns}	-1.7 ^{ns}	-2.1 ^{ns}	0.001 ^{ns}	-0.004 ^{ns}	-0.006 ^{ns}	-11.8*	-6.8 ^{ns}	-8.9*
S.E.(F)	±3.4	±3.8	±3.8	±0.9	±1.2	±1	±2	±1.7	±2.4	±0.09	±0.1	±0.09	±3.4	±4	±3.9
\bar{D}	1.04	1.15	0.90	1.27	1.20	1.10	1.20	0.99	1.14	1.12	1.21	0.60	0.95	1.10	1.09
H ₂ /4H ₁	0.21	0.22	0.21	0.21	0.20	0.21	0.19	0.22	0.21	0.19	0.18	0.32	0.19	0.22	0.21
KD/KR	1.4	1.4	2.1	1.7	1.9	1.2	0.82	0.73	0.72	1.1	0.66	0.24	0.59	0.79	0.76
h _a	0.6	0.5	0.4	0.5	0.5	0.6	0.7	0.7	0.7	0.6	0.6	0.6	0.8	0.7	0.7
h _b	0.9	0.9	0.7	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9	0.8	0.7	0.9	0.9	0.9
r _{Y₁(w_T+v_T)}	0.95 ^{ns}	0.63 ^{ns}	0.95**	0.42 ^{ns}	0.42 ^{ns}	0.42 ^{ns}	-0.36 ^{ns}	0.40 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	0.18 ^{ns}	0.59 ^{ns}	0.16 ^{ns}	0.95**	0.94**	0.87**

H₂: خطای استاندارد; H₁: واریانس ژنتیکی افزایشی; S.E.: خطای استاندارد; H₂/4H₁: توزیع نسبی آلل‌های غالب و متنوب; KD/KR: توزیع نسبی آلل‌های غالب و متنوب در بین والدین; \bar{D} : درجه غالبیت متنوسب; H₂/4H₁: توزیع نسبی آلل‌های متنوب و متنوب در بین والدین; h_a: وراثت پدری عمومی; r_{Y₁(w_T+v_T)}: همبستگی بین میانگین والدین و ردیف WT+VT

D: Additive genetically variance; S.E.: Standard error; H₁: In-corrected dominance variance; H₂: Corrected dominance variance; F: Average covariance between additive and dominance effects; \bar{D} : Average degree of dominance; H₂/4H₁: Relative distribution of positive and negative alleles between parents; KD/KR: Relative distribution of dominant and recessive alleles among parents; h_a: Narrow-sense heritability; h_b: Broad-sense heritability; r_{Y₁(w_T+v_T)}: Correlation between mean parents and row of w_T+v_T

محققین گزارش شده است (Bhatnagar *et al.*, 2001; Dharam and Kumar, 2009). میانگین درجه غالبیت برای بیشتر صفات بیشتر از یک برآورد گردید که نشان‌دهنده عمل فوق‌غالبیت اثرهای ژنی است (جدول ۵). نتیجه مشابهی توسط سایر محققین گزارش شده است (Shahbazi *et al.*, 2013; Mohammadi and Roustaie, 2016).

وراثت‌پذیری خصوصی صفات مورد مطالعه متوسط و بالا و وراثت‌پذیری عمومی، بالا برآورد شد (جدول ۵). رومن و همکاران (Rohman *et al.*, 2006) وراثت‌پذیری خصوصی ۸۹ درصد را برای صفت وزن صددانه در جو گزارش کردند. نتیجه مشابهی نیز توسط سینگ (Sing, 2012) گزارش شده است. رحیمی و همکاران (Rahimi *et al.*, 2013) وراثت‌پذیری خصوصی پایینی برای صفات وزن صددانه، ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله جو گزارش کردند. بالا بودن میزان وراثت‌پذیری عمومی می‌تواند نشانگر نقش کمتر اثرهای محیطی در تظاهر این صفات باشد. بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی صفات نیز می‌تواند به علت بیشتر بودن سهم اثرهای افزایشی ژن‌ها نسبت به اثر غیرافزایشی، در کنترل این صفات باشد و سبب می‌شود که گزینش در نسل‌های در حال تفکیک از موفقیت برخوردار باشد. الطبال و الفریحت (AL-Tabbal and AL-Fraihat, 2012) در مطالعه ۸۶ لاین امیدبخش جو محدوده قابلیت وراثت‌پذیری عمومی را بین ۶۸-۹۹/۷ درصد برآورد کردند. باقی‌زاده و همکاران (Baghizadeh *et al.*, 2005) گزارش کردند در صفت ارتفاع بوته علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت، اثرهای متقابل افزایشی \times افزایشی و غالبیت \times غالبیت نیز در کنترل توارث آن نقش دارند. اهمیت اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژنی در کنترل وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه در ارقام جو توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (Tofiq *et al.*, 2015; Patial *et al.*, 2016).

ضریب همبستگی بین میانگین والدین و ردیف W_r+V_r در صفت وزن صددانه و در هر سه شرایط و در صفت ارتفاع

در مطالعه سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 2006) مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی برای صفت وزن صددانه با تلاقی دی‌آل 12×12 گیاه جو برآورد گردید. هر دو اثر ژنی افزایشی و غیرافزایشی در هر دو نسل F_1 و F_2 مؤثر بود. جزء b_1 که اختلاف بین میانگین والدها و نتاج را نشان می‌دهد و به معنای غالبیت جهت‌دار است، در صفات وزن سنبله و وزن دانه در سنبله و در هر سه شرایط، غیرمعنی‌دار بود که به معنی عدم وجود هتروزیس است (جدول ۴). معنی‌دار بودن جزء b_1 مبین هتروزیس است (Singh and Singh, 1984). جزء b_2 که هتروزیس خاص وابسته به هر والد را نشان می‌دهد، در بیشتر صفات و شرایط معنی‌دار بود (جدول ۴) و معنی‌دار شدن آن یعنی فراوانی آلل‌های غالب مغلوب در والدین متفاوت بوده و توزیع نامتقارن ژن‌ها را نشان می‌دهد (Hayman, 1954). جزء b_3 که معادل واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی است در اغلب صفات معنی‌دار بود (جدول ۴). جزء b_3 ترکیب اثرهای غالبیت باقیمانده از اثرهای متقابل افزایشی \times افزایشی، غالبیت \times غالبیت و افزایشی \times غالبیت می‌باشد که به اجزاء b_1 و b_2 نسبت داده نمی‌شود (Chaudhry *et al.*, 1977). جزء ژنتیکی F (میانگین کوواریانس افزایشی و غالبیت کلیه ردیف‌ها) در صفات ارتفاع بوته و در شرایط بدون تنش و تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر مثبت و معنی‌دار بود (جدول ۵). مقادیر مثبت و معنی‌دار برای این شاخص نشانگر فراوانی بیشتر آلل‌های غالب در بین والدین برآورد نسبت ژن‌های دارای اثرات مثبت و منفی در والدین ($H_2/4H_1$) نشان داد که مقدار این نسبت در تمام صفات کمتر از ۲۵ درصد است (به‌جز وزن دانه در سنبله در تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) که نشان‌دهنده توزیع نامتقارن ژن‌های مثبت و منفی است. نسبت کل آلل‌های غالب و مغلوب در والدین (KD/KR) در برخی از صفات، بالاتر از ۱ بود که نشان‌دهنده فراوانی بیشتر آلل‌های غالب در کنترل این صفات است (جدول ۵) که با نتایج مثبت و معنی‌دار جزء F در تطابق است و قبلاً نیز توسط سایر

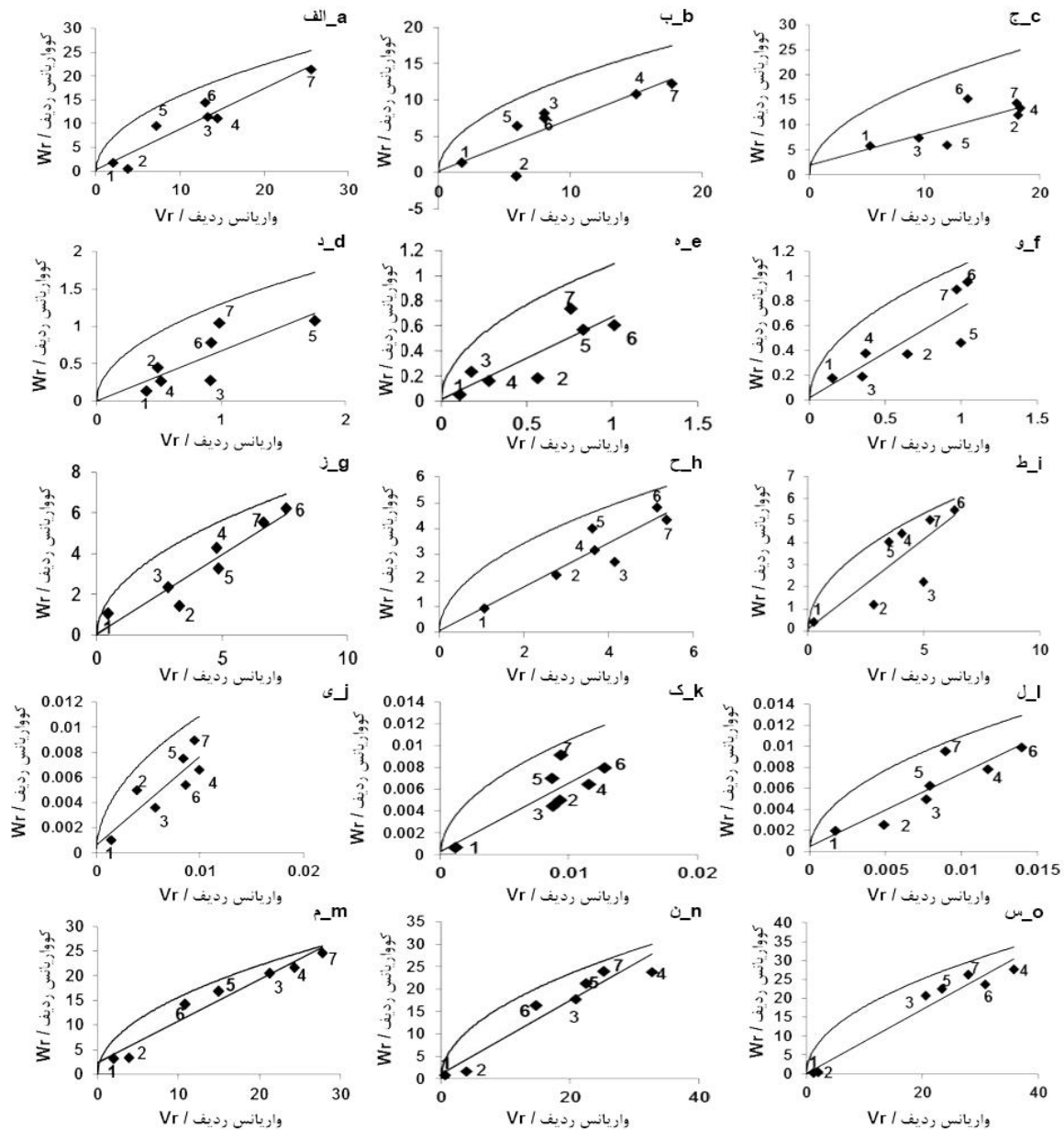
بوته تحت تنش ۸ دسی‌زیمنس بر متر، مثبت و معنی‌دار بود که نشان‌دهنده مطلوبیت آل‌های مغلوب برای این صفات است (جدول ۵).

تجزیه گرافیکی صفات مورد مطالعه در هر سه شرایط بدون تنش و تنش‌های ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر نشان داد که خط رگرسیون W_r/V_r محور عمودی W_r را در بالای مبدأ مختصات قطع می‌کند، بنابراین صفات مورد بررسی تحت کنترل غالبیت ناقص ژن‌ها است (شکل ۱). اسحاقی و آخوندوا (Eshaghi and Akhundova, 2010) برای کنترل صفت ارتفاع بوته در جو غالبیت نسبی گزارش نمودند. نخجوان و همکاران (Nakhjavan et al., 2009) گزارش نمودند که عمل ژن در کنترل صفات تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله به صورت فوق‌غالبیت می‌باشد. در اغلب صفات مورد مطالعه نقاط آرایه‌های والدین در اطراف خط رگرسیون پراکنده شدند که نشان‌دهنده تفاوت ژنتیکی والدین مورد استفاده می‌باشد. نقاط نزدیک به محور مختصات دارای بیشترین آل غالب و دورترین نقاط از محور مختصات نشان‌دهنده والدین دارای بیشترین آل مغلوب می‌باشد. رقم افضل در کلیه صفات و شرایط مورد مطالعه، نسبت به سایر ارقام به محور مختصات نزدیک‌تر بود و نشان می‌دهد که این رقم دارای بیشترین آل غالب می‌باشد. ارقام یوسف و صحرا در بیشتر صفات مورد مطالعه در نقطه دورتر از محور مختصات قرار گرفتند؛ بنابراین این ارقام دارای بیشترین آل مغلوب می‌باشند (شکل ۱).

تجزیه دی‌آل به روش گریفینگ: نتایج تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری نشان داد که ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها تحت هر سه شرایط معنی‌دار می‌باشد (جدول ۶) و این امر حاکی از اهمیت واریانس افزایشی در توارث این صفت است. ترکیب‌پذیری خصوصی اغلب صفات نیز معنی‌دار شد که نشان می‌دهد برای شکل‌گیری این صفات علاوه بر واریانس افزایشی، جزء واریانس غالبیت هم مهم می‌باشد (جدول ۶). زانگ و همکاران (Zhang et al., 2015) در

تحقیق خود بر لاین‌های جو، معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی را در صفات زراعی گزارش نمودند. صادق‌زاده اهری و همکاران (Sadeghzadeh-Ahari et al., 2015) نیز معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی صفت وزن صددانه در گندم را گزارش نمودند. تعیین ترکیب‌پذیری و اجزاء واریانس ژنتیکی از مهم‌ترین کارهای هر برنامه به‌نژادی برای دورگ‌گیری می‌باشد (Fehr, 1993) و به‌نژادگران می‌توانند با کمک آن‌ها نحوه عمل ژن یا ژن‌های دخیل در تظاهر صفات کمی مهم را تعیین و والدین با ترکیب‌پذیری عمومی و هیبریدهایی با ترکیب‌پذیری خصوصی بالا را شناسایی نمایند (Eraja et al., 1997).

بر اساس نتایج ترکیب‌پذیری عمومی والدین (جدول ۷)، رقم یوسف تحت شرایط بدون تنش، رقم کویر تحت تنش ۸ دسی‌زیمنس بر متر و رقم والفجر تحت تنش ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر به دلیل داشتن GCA بالا دارای آل‌های مطلوبی برای صفت ارتفاع بوته هستند و در صورت استفاده از آن‌ها در تلاقی، نتاج به‌دست آمده از لحاظ این صفت مطلوب خواهد بود. رقم نصرت تحت شرایط بدون تنش، رقم ریحان تحت تنش ۸ و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر به دلیل داشتن GCA بالا دارای آل‌های مطلوبی برای صفت وزن سنبله بودند. برای صفت تعداد دانه در سنبله و در هر سه شرایط، رقم نصرت دارای GCA بالا بود. برای صفت وزن دانه در سنبله و در شرایط بدون تنش و تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، رقم کویر و تحت تنش ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر، رقم والفجر دارای GCA بالاتر بودند. برای صفت وزن صددانه و در هر سه شرایط، رقم کویر دارای GCA بالا بود (جدول ۷). لاین‌هایی که ترکیب‌پذیری عمومی بالایی دارند، می‌توانند به‌عنوان یک والد عمومی در برنامه‌های به‌نژادی بکار روند یا در تهیه واریته‌های مصنوعی و یا ترکیبی استفاده گردند و لاین‌هایی که قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی دارند به‌عنوان والدین هیبرید مورد استفاده قرار می‌گیرند.



شکل ۱- خط رگرسیون W_p/V_r صفات مورد مطالعه

Figure 1. Regression line W_p/V_r of studied traits

الف: رگرسیون W_p/V_r برای صفت ارتفاع بوته در شرایط کنترل، ب: رگرسیون W_p/V_r برای صفت ارتفاع بوته در شرایط تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، ج: رگرسیون W_p/V_r برای صفت ارتفاع بوته در شرایط تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر؛ د: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن سنبله در شرایط کنترل، ه: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن سنبله در شرایط تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، و: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن سنبله در شرایط تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر؛ ز: رگرسیون W_p/V_r برای صفت تعداد دانه در سنبله در شرایط کنترل، ح: رگرسیون W_p/V_r برای صفت تعداد دانه در سنبله در شرایط تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، ط: رگرسیون W_p/V_r برای صفت تعداد دانه در سنبله در شرایط تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر؛ ی: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن دانه در سنبله در شرایط کنترل، ک: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن دانه در سنبله در شرایط تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، ل: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن دانه در سنبله در شرایط تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر؛ م: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن صدانه در شرایط کنترل، ن: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن صدانه در شرایط تنش شوری ۸ دسی‌زیمنس بر متر، س: رگرسیون W_p/V_r برای صفت وزن صدانه در شرایط تنش شوری ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر

a: w_p/v_r regression for plant height trait under control conditions, b: w_p/v_r regression for plant height trait under 8 ds m⁻¹ salinity, c: w_p/v_r regression for plant height trait under 12 ds m⁻¹ salinity; d: w_p/v_r regression for spike weight trait under control conditions, e: w_p/v_r regression for spike weight trait under 8 ds m⁻¹ salinity, f: w_p/v_r regression for spike weight trait under 12 ds m⁻¹ salinity; g: w_p/v_r regression for grain per spike trait under control conditions, h: w_p/v_r regression for grain per spike trait under 8 ds m⁻¹ salinity, i: w_p/v_r regression for grain per spike trait under 12 ds m⁻¹ salinity; j: w_p/v_r regression for grain weight per spike trait under control conditions, k: w_p/v_r regression for grain weight per spike trait under 8 ds m⁻¹ salinity, l: w_p/v_r regression for grain weight per spike trait under 12 ds m⁻¹ salinity; m: w_p/v_r regression for 100 grain weight trait under control conditions, n: w_p/v_r regression for 100 grain weight trait under 8 ds m⁻¹ salinity, o: w_p/v_r regression for 100 grain weight trait under 12 ds m⁻¹ salinity

جدول ۶- تجزیه واریانس دی آلل صفات مورد مطالعه

Table 6. Analysis of variance of studied traits

منابع تغییرات S.O.V	df	میانگین مربعات Mean of Squares														
		ارتفاع بوته Plant height		وزن سنبله Spike weight		تعداد دانه در سنبله Grain per spike										
		0	8	12	0	8	12									
ت ترکیب پذیری عمومی GCA	6	124.9**	80.6**	48.1*	7.39**	1.7**	6.1**	56.6**	40.7**	49.9**	0.08**	0.07**	0.03*	237.7**	223.9**	257.4**
ت ترکیب پذیری خصوصی SCA	21	22.4**	16.1**	20.4 ^{ns}	1.8**	0.95**	0.65*	5.2**	3.5*	4.7**	0.008**	0.006 ^{ns}	0.002 ^{ns}	14.4**	22.3**	21.8**
خطا Error	54	2.8	3.5	15.5	0.07	0.14	0.34	0.75	1.8	0.69	0.002	0.007	0.01	2.02	2.8	5.1

ns, * and **: Non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; 0, 8 and 12: Levels of salinity stress/ ds m⁻¹ و **: به ترتیب غیر معنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، ۰، ۸ و ۱۲: سطوح تنش شوری برحسب دسی زیمنس بر متر

جدول ۷- برآورد ترکیب پذیری عمومی والدین

Table 7. General combining ability estimates of parents

والدین Parents	ت ترکیب پذیری عمومی General combining ability														
	ارتفاع بوته Plant height				وزن سنبله Spike weight				تعداد دانه در سنبله Grain per spike						
	0	8	12	0	8	12	0	8	12	0	8	12			
افضل	-3.6	-2.7	-2.8	-0.76	-0.48	-0.7	-2.01	-1.96	-2	-0.09	-0.09	-0.04	-3.9	-3.8	-4.4
نصرت	-2.5	-2.3	-0.5	0.55	0.33	0.5	1.9	1.36	1.2	-0.02	0.02	0.02	-4.6	-4.6	-4.3
والنجر	1.3	0.7	1.3	-0.60	-0.23	-0.1	1.5	1.35	2	0.05	0.02	0.04	1.9	1.8	1.4
کوبر	0.78	1.4	0.7	0.16	-0.20	0.01	-1.2	-1.1	-0.8	0.07	0.07	0.03	2.7	2.04	3.1
ریحان	0.67	0.99	0.4	0.48	0.55	0.7	0.75	0.21	0.25	-0.03	-0.04	-0.04	1.2	1.2	1
صحرا	1.3	0.59	0.3	-0.16	-0.30	-0.3	-0.16	0.41	0.26	-0.09	-0.09	-0.04	-3.9	-3.8	-4.4
یوسف	2.01	1.3	0.7	0.35	0.32	-0.1	-0.77	-0.26	-0.9	-0.02	0.02	0.02	-4.6	-4.6	-4.3

۰، ۸ و ۱۲: سطوح تنش شوری (دسی زیمنس بر متر)
0, 8 and 12: Levels of salinity stress (ds m⁻¹)

غیر افزایشی کنترل می‌شوند، روش انتخاب دوره‌ای متقابل یا تلاقی خواهر - برادری مناسب است. برای صفاتی که به‌صورت غیرافزایشی (غالبیت و اپیستازی) توارث می‌یابند دورگ‌گیری بهترین روش اصلاحی می‌باشد.

سپاسگزاری

با سپاس از اساتید بزرگوار راهنما و مشاور و مسئولین محترم آزمایشگاه و ایستگاه تحقیقات کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی واحد اردبیل که در تمام مراحل تحقیق با من همکاری نمودند.

بر اساس نتایج به‌دست آمده، تنوع ژنتیکی کافی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه وجود داشت. اثرهای افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل صفات مؤثر بود. علیرغم اهمیت صفات زراعی و فیزیولوژیکی به‌عنوان ابزار گزینش در برنامه‌های اصلاحی، نباید از اثرهای بزرگ غالبیت غفلت نمود و بایستی انتخاب بر اساس این صفات را به نسل‌های پیشرفته انتقال داد. با شناخت نحوه عمل ژن صفات، برای صفاتی که به‌صورت افزایشی کنترل می‌شوند روش اصلاحی گزینش مناسب است و برای صفاتی که هم به‌صورت افزایشی و هم

References

- Ali, M.A. and Awan, S.I. (2009). Inheritance pattern of seed and lint traits in cotton (*Gossypium hirsutum*). *International Journal of Agriculture and Biology*, **11(1)**: 44-48.
- AL-Tabbal, J.A. and AL-Fraihat, A.H. (2012). Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. *Journal of Agricultural Science*, **4**: 193-210.
- Ashraf, M. (2002). Salt tolerance of cotton: some new advances. *Crit. Rev. Plant Science*, **21**: 1-30.
- Ashraf, M. (2010). Registration of 'S-24' spring wheat with improved salt tolerance. *Journal of Plant Registrations*, **4**: 34-37.
- Ayers, R.S., and Wescot, D.W. (1985). *Water Quality for Agriculture*. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, Rome, IT.
- Baghizadeh, A., Talei, E., Naghavi, M.R. and Zeinali Khanghah, H. (2005). Genetic analysis of grain yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.), Afzal/Cwb cross. *Journal of Plant and Seed*, **20**: 235-243 (In Persian).
- Bhatnagar, V.K., Sharma, S.N. and Sastry, E.V.D. (2001). Genetics of quantitative characters in six rowed barley over environments. *Indian Journal of Genetics*, **61**: 358-359.
- Chaudhry, F.M., Alam, S.M., Rashid, A. and Latif, A. (1977). Mechanism of differential susceptibility of tow rice varieties to zinc deficiency. *Plant and Soil*, **46**: 637-642.
- Chen, Z.H., Sgabala, S., Mendham, N., Newman, I., Zhang, G.P. and Zhou, M.X. (2008). Combining ability of salinity tolerance on the basis of NaCl-induced K⁺ flux from roots of barley. *Crop Science*, **48**: 1382-1388.
- Chowdhry, M.A., Ambreen, A. and Khalig, I. (2002). Genetic control of some polygenic traits in vulgare Species. *Plant Science*, **1**: 235-237.
- Dharam, P. and Sanjay, K. (2009). Genetic analysis of forage yield and other traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Barley Genetics Newsletter*, **39**: 13-19.
- Ehab, M.R.M., Saeid, H.M.A., Rania, A.R.E. and Naif, M.S.K. (2014). An investigation of gene action on different traits of barley (*Hordeum Vulgare* L.) using partial diallel crosses system. *Life Science Journal*, **11(1)**: 64-71.
- Eraja, L., Chuhan, T.P.S., Thiagaraja, V., Lakshman, V. and Kamble, C.K. (1997). Line×tester analysis of combining ability in new genotypes of bivoltine silkworm. *Indian Journal of Agriculture Science*, **67**: 287-290.
- Eshaghi, R. and Akhundova, E. (2010). Inheritance pattern of β -glucan and protein contents in hullless barley. *International Journal of Agriculture and Biology*, **12**: 68-72 (In Persian).
- FAO. (2018). FAO Soil Portal, Extents of Salt Affected Soils. Accessed 05 June 2018. Available at: <http://www.fao.org/soils-portal/soil-management/management-of-some-problem-soils/salt-affected-soils/more-information-on-saltaffected-soils/en/>.

- Farooq, J., Khaliq, I., Kashif, M., Ali, Q. and Mahpara, S.** (2011). Genetic analysis of relative cell injury percentage and some yield contributing traits in wheat under normal and heat stress conditions. *Chilean Journal of Agricultural Research*, **71(4)**: 511-520.
- Fehr, W.R.** (1993). *Principles of Cultivar Development*. MacMillan Publish. Co. New York, USA.
- Flower, T.J.** (2004). Improving crop salt tolerance. *Journal of Experimental Botany*, **55**: 307-319.
- Fronza, V., Vello, N.A. and Camargo, L.E.A.** (2004). Genetic analysis of soybean resistance to *Fusarium solani* f. sp. *glycines*. *Genetics and Molecular Biology*, **27(3)**: 400-408.
- Genec, Y., Oldach, K., Verbyla, A., Lott, G., Hassan, M., Tester, M., Wallwork, H. and McDonald, G.K.** (2010). Sodium exclusion QTL associated with improved seedling growth in bread wheat under salinity stress. *Theoretical and Applied Genetics*, **121**: 877-894.
- Griffing, B.** (1956). A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, **10**: 31-50.
- Hayman, B.I.** (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, **39**: 789-809.
- Jagtap, D.R. and Mehetre, S.** (1996). Combining ability analysis for agronomic traits in *Gossypium hirsutum* L. *Journal of Cotton Research and Development*, **10(1)**: 12-19.
- Jibr, N., Ayadi, A., Amar, S., Chaibi, W. and Brulfert, J.** (2002). Seed germination of two wheat species differing in their sensitivity to NaCl, in response to salt stress. *Journal of Trace and Microprobe Techniques*, **20**: 625-637.
- Katerji, N., Van Hoorn, J.W., Hamdy, A., Mastroilli, M. and Fares, C.** (2006). Classification and salt tolerance analysis of barley varieties. *Agricultural Water Management*, **85**: 184-192.
- Madhukar, K., Prasad, L.C., Lal, J.P., Prasad, R. and Chandra, K.** (2018). Generation mean analysis for yield and drought related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *International Journal of Pure and Applied Biological Science*, **6(1)**: 1399-1408.
- Madić, M.R., Djurović, D.S., Knezević, D.S., Paunović, A.S. and Tanaskovic, S.T.** (2014). Combining abilities for spike traits in a diallel cross of barley. *Journal of Central European Agriculture*, **15(1)**: 108-116.
- Mahmood, T., Turner, M., Stoddard, F.L. and Javed, M.A.** (2004). Genetic analysis of quantitative traits in rice (*Oryza sativa* L.) exposed to salinity. *Crop and Pasture Science*, **55(11)**: 1173-1181.
- Mansour, E. and Moustafa, E.S.A.** (2016). Estimation of combining ability and genetic components for yield contributing traits in spring barley under normal and salinity conditions. *Egyptian Journal of Agronomy*, **38**: 431-453.
- Mantri, N., Patade, V., Penna, S., Ford, R. and Pang, E.** (2012). Abiotic Stress Responses in Plants Present and Future. In: Ahmad, P. and Prasad, M.N.V., Eds., *Abiotic Stress Responses in Plants: Metabolism to Productivity*, pp. 1-20. Springer, New York, USA.
- Mather, K. and Jinks, J.L.** (1971). *Biometrical Genetics*. Chapman & Hall: London, UK.
- Moameni, A.** (2010). Geographical distribution and salinity levels of soil resources of Iran. *Soil Research Journal*, **24**: 203-215 (In Persian).
- Mohammadi, M. and Roustaei, M.** (2016). Estimation of genetic parameters of grain yield and some agronomic traits in bread wheat using diallel crosses. *Plant Genetic Researches*, **2(2)**: 57-72 (In Persian).
- Munns, R., Husain, S., Rivelli, A.R., James, R.A., Condon, A.G., Lindsay, M.P., Lagudah, E.S., Schahtman, D.P. and Hare, R.A.** (2002). Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically based selection traits. *Plant Soil*, **247**: 93-105.
- Munns, R. and James, R.A.** (2003). Screening methods for salinity tolerance: A case study with tetraploid wheat. *Plant and Soil*, **253**: 201-218.
- Nakhjavan, SH., Darvish, F., Sorkhi, B. and Zahravi, M.** (2009). Assessment Inheritance ability quantitative of traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) under irrigation and drought season using mean gene ration analysis. *The New Journal of Agricultural*, **3**: 204-223 (In Persian).
- Naseer, S.H.** (2001). Response of barley (*Hordeum vulgare* L.) at various growth stages to salt stress. *Journal of Biological Science*, **1(5)**: 326-329.
- Parida, A.K. and Das, A.B.** (2005). Salt tolerance and salinity effects on plants. *A review Ecotoxicology and Environmental Safety*, **60(11)**: 324-349.
- Patial, M., Pal, D. and Kumar, J.** (2016). Combining ability and gene action studies for grain yield and its component traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, **48**: 90-96.

- Rahimi, M., Ebrahimpour, F. and Eshgi, R.** (2013). Determine heritability and mapping controlling genes agronomic traits on barley. *Crop Biotechnology*, **2**: 35-48 (In Persian).
- Rohman, M.M., Sultana, R., Podder, R., Tanjimul Islam, A.T.M., Kamrul Islam, M. and Islam, M.S.** (2006). Nature of gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, **5**: 170-173.
- Sadeghzadeh-Ahari, D., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Mohammadi, M.** (2015). Estimation of genetic parameters of morphological traits in rainfed durum wheat (*Triticum turgidum* L.) using diallel method. *Plant Genetic Researches*, **2(1)**: 45-62 (In Persian).
- Shahbazi, H., Ali, E., Imani, A.A. and Zaefizadeh, M.** (2013). Inheritance of cell membrane stability under heat and osmotic stresses in bread wheat. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, **45(2)**: 187-194.
- Shakeel, A.I., Ahmad Khan, K. and Azhar, F.M.** (2001). Study pertaining to the estimation of gene action controlling yield and related traits in upland cotton. *Online Journal of Biological Sciences*, **1(12)**: 67-70.
- Shavrukov, Y., Gupta, N.K., Miyazaki, J., Baho, M.N., Chalmers, K.J., Tester, M., Langridge, P. and Collins, N.C.** (2010). HvNax3-a locus controlling shoot sodium exclusion derived from wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). *Functional & Integrative Genomics*, **10**: 277-291.
- Sing, N.** (2012). Study of heritability and genetic advance in barley (*Hordeum vulgare* L.) on affected soil. *International Journal of Food, Agriculture and Veterinary Sciences*, **2**: 35-39.
- Singh, M. and Singh, R.K.** (1984). A comparison of different methods of half-diallel analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, **67**: 323-326.
- Singh, S.K., Singh, H.C. and Singh, H.L.** (2006). Inheritance of quality traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *International Journal of Plant Sciences*, **1**: 304-305.
- Tofiq, S.E., Amin, T.N.H., Abdulla, S.M.S. and Abdulkhaleq, D.A.** (2015). Genetic analysis in some barley varieties and their hybrids in F₂ generation. *International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences*, **5**: 208-217.
- Zhang, X., Lv, L., Lv, C., Guo, B. and Xu, R.** (2015). Combining ability of different agronomic traits and yield components in hybrid barley. *PLoS ONE*, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0126828>
- Walter, D.E. and Morton, R.** (1978). On the analysis of variance of half diallel table. *Biometrics*, **34**: 91-94.
- Ukai, Y.** (1989). A microcomputer program DIALL for diallel analysis of quantitative characters. *Japanese Journal of Breeding*, **39**: 107-109.

Genetic Analysis of Agronomic Traits of Barley (*Hordeum vulgare* L.) Cultivars under Salinity Stress using Diallel Cross

Jamal Rahimi Darabad¹, Varahram Rashidi^{2,*}, Hossein Shahbazi³,
Mohammad Moghaddam Vahed⁴ and Ebrahim Khalilvand⁵

- 1- Ph.D. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran
- 2- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran
- 3- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Ardabil Branch, Islamic Azad University, Ardabil, Iran
- 4- Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran
- 5- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran

(Received: January 22, 2020 – Accepted: December 10, 2020)

Abstract

In order to determine the heritability and genetic parameters of some agronomic traits in barely (*Hordeum vulgare* L.) cultivars, a seven-parent half diallel (F_1 crosses + parents) was conducted in the non-stress and salt stress (8 and 12 ds m^{-1}) conditions in a randomized complete block design with three replications. Genetic analysis was performed by Hayman's method and Griffing's fixed model, method 2. The slope of linear regression of W_r on V_r were significantly higher than 0 and had not significant difference with 1 indicating the additive-dominant model was satisfied in all cases. The narrow-sense heritability of traits was medium to high (0.4-0.8) but their broad-sense heritability was estimated relatively high (0.7-0.9). Results of regression graphs showed that Afzal parent had the most dominant allele. The significance of "a" component in most of the studied traits indicated the presence of the additive effects in controlling of traits. The significance of "b" component in most of the studied traits indicated the presence of the dominance effects in controlling of traits. The proportion of positive and negative genes was lower than 0.25 in all of the traits (except for grain weight per spike in 12 ds m^{-1} salinity), indicating the presence of asymmetry in the distribution of the positive and negative alleles in the parents. Based on general combining ability effects, it was concluded that under salinity, cultivar "Kavir" had favorable alleles in plant height, grain weight per spike and 100 grain weight traits and can be used as a general parent in breeding programs. Estimates of high broad-sense heritability and narrow-sense heritability in most traits indicated that these genetic materials were promising for breeding under normal and salinity stress conditions.

Keywords: Additive and dominance effects, Combining ability, Hayman's approach, Heritability

* Corresponding Author, E-mail: rashidi@iaut.ac.ir