



دانشگاه گوردی و منابع طبیعی گرگان

نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی

جلد بیست و هفتم، شماره دوم، ۱۳۹۹

۲۳۳-۲۴۶

<http://jopp.gau.ac.ir>

DOI: 10.22069/jopp.2020.14217.2586

## مطالعه توارث مقاومت به زنگ قهوه‌ای در برخی ژنوتیپ‌های گندم نان به روش دای آلل

فاطمه مهاجر وطن<sup>۱</sup>، \*علی اصغر نصراله‌نژاد قمی<sup>۲</sup>، مهدی کلاته‌عربی<sup>۳</sup> و محمدعلی دهقان<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>دانشجوی کارشناسی ارشد گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران،

<sup>۲</sup>استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران،

<sup>۳</sup>استادیار عضو هیأت علمی مرکز تحقیقات علوم کشاورزی گرگان، گرگان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۷/۱۶؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۱/۲۳

### چکیده

**سابقه و هدف:** گندم در طول دوره رشد مورد حمله بسیاری از عوامل بیماری‌زا از جمله زنگ‌ها قرار می‌گیرد. عامل بیماری زنگ قهوه‌ای گندم قارچی با نام *Puccinia recondita* f. sp. *Tritici* می‌باشد که به نام زنگ برگی نیز معروف است. مهم‌ترین راه کنترل بیماری زنگ قهوه‌ای استفاده از ارقام مقاوم اصلاح شده است که به‌طور مؤثری باعث کنترل این بیماری شده و خسارت آن را کاهش می‌دهد. بررسی نحوه توارث مقاومت به زنگ قهوه‌ای در ارقام مختلف گندم و برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از تلاقی دای آلل از اهداف این پژوهش می‌باشد.

**مواد و روش‌ها:** شش رقم گندم نان شامل ژنوتیپ‌های گنبد، شیرودی، دریا، اترک، مغان ۳ و رقم حساس بولانی همراه با ۱۵ نتاج  $F_1$  حاصل از تلاقی دای آلل یک‌طرفه مورد بررسی قرار گرفت. این پژوهش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط مزرعه و گلخانه انجام شد. صفات مورد بررسی شامل تیپ آلودگی، شدت آلودگی، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری و دوره کمون بودند. تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای SAS ver 9.1 و Excel و برآورد پارامترهای ژنتیکی و نحوه توارث صفات مورد بررسی از طریق تجزیه دای آلل با استفاده از روش دوم گریفینگ با مدل ثابت و روش جینکز و هیمن صورت گرفت.

**یافته‌ها:** نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها برای تمام صفات اختلاف معنی‌داری وجود داشت که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی برای این صفات بود و در نتیجه می‌توان تجزیه ژنتیکی را انجام داد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای تمامی صفات معنی‌دار بود که مبین اهمیت هر دو اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در توارث این صفات بود. نسبت بیکر، برای صفت دوره کمون بیانگر اهمیت یکسان اثرات افزایشی و غالبیت بود و برای صفات مذکور دیگر بیانگر اهمیت بیش‌تر اثرات افزایشی بود. برآورد پارامترهای ژنتیکی به روش جینکز و هیمن نشان داد که برای هر چهار صفت، مقدار جزء افزایشی D نسبت به اجزاء غالبیت ( $H_1$  و  $H_2$ ) کم‌تر بود که بیانگر اهمیت بیش‌تر جزء غالبیت نسبت به جزء افزایشی در کنترل این صفات می‌باشد. علامت F برای تمام صفات مثبت بود، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که فراوانی آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب بیش‌تر بود. همچنین آماره  $wr-vr$  برای تمام صفات مورد بررسی معنی‌دار شد که به منزله وجود اثرات غیرآللی (ایستازی) می‌باشد. به عبارت دیگر معنی‌دار شدن این آماره نشان‌دهنده عدم صحت مدل افزایشی - غالبیت برای صفات می‌باشد.

\* مسئول مکاتبه: [nasrollahnejad@gau.ac.ir](mailto:nasrollahnejad@gau.ac.ir)

**نتیجه‌گیری:** براساس صفات ارزیابی‌شده در مزرعه، رقم اترک و در گلخانه، رقم گنبد مقاومت خوبی به بیماری زنگ قهوه‌ای داشتند. وراثت‌پذیری خصوصی صفات بین ۵۱ تا ۸۶ درصد برآورد گردید. برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان داد که مدل افزایشی - غالبیت کفایت نمی‌کند. به عبارت دیگر حداقل دو ژن مقاومت در ارقام مقاوم قابل پیش‌بینی است.

**واژه‌های کلیدی:** تجزیه دای‌آل، ترکیب‌پذیری خصوصی، ترکیب‌پذیری عمومی، زنگ قهوه‌ای، گندم

### مقدمه

در ایران داشته باشد (۱۲). اگر کوچک‌ترین تغییری در شرایط آب و هوای مناطق مستعد ایجاد شود، این بیماری به صورت بسیار شدیدی گسترش یافته و باعث خسارات جبران‌ناپذیری خواهد شد. بررسی ژنتیک بیماری‌زایی در عوامل بیماری‌زا چندین مزیت دارد که مهم‌ترین آن‌ها تشخیص و تعیین نژاد و آگاهی به موقع از بروز نژادهای جدید بیماری‌زا در یک کشور یا منطقه می‌باشد. این امر می‌تواند حداقل سه تا چهار سال قبل از توسعه شدید آن نژاد، در برنامه‌های به‌نژادی جهت کنترل بیماری مورد استفاده قرار گیرد. استمرار تعیین طیف ژنتیک بیماری‌زایی عامل بیماری‌زا در مدیریت استفاده از ژن‌های مقاومت و به‌کارگیری ترکیب مؤثری از آن‌ها موجب خواهد شد که با ایجاد تنوع ژنتیکی بیشتر برای ژن‌های مقاومت مؤثر، از بروز زود هنگام و یا نابهنگام بیماری‌زایی در عامل بیماری جلوگیری به عمل آید. این امر در کنترل بیماری نقش اساسی خواهد داشت (۱۷).

**سوابق کار:** در پژوهشی با استفاده از تجزیه دای‌آل در گندم، ژنتیک مقاومت مزرعه‌ای نسبت به زنگ قهوه‌ای مورد مطالعه قرار گرفت که هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل مقاومت مهم ارزیابی شدند (۲۰). در بررسی تلاقی‌های گندم نان به کمک تلاقی دای‌آل به منظور بررسی عملکرد دانه و اجزای آن (تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه سنبله، وزن هزاردانه) در شرایط تنش خشکی نتیجه گرفته شد که اثرات غیرافزایشی ژن‌ها سهم بیشتری از واریانس

**طرح مسأله:** گندم در طول دوره رشد مورد حمله بسیاری از عوامل بیماری‌زا از جمله زنگ‌ها قرار می‌گیرد. عامل بیماری زنگ قهوه‌ای گندم قارچی با نام *Puccinia recon dita f. sp. Tritici* می‌باشد که به نام زنگ برگی نیز معروف است. این بیماری روی پهنک برگ‌ها ایجاد می‌شود، اگرچه غلاف برگ‌ها نیز در شرایط مطلوب و تراکم بالای عامل بیماری آلوده می‌شوند. زنگ قهوه‌ای به ندرت باعث مرگ بوته می‌شود، اما زمانی که پدیده همه‌گیری رخ دهد و شدت آلودگی در مرحله پنجه‌دهی به ۴۰-۲۵ درصد و در مرحله گلدهی به ۱۰۰ درصد برسد، عملکرد گندم تا میزان ۵۰-۳۵ درصد کاهش خواهد یافت (۳). کاهش در عملکرد دانه اولین نتیجه کاهش تشکیل گلچه‌ها و چروکیدگی دانه‌ها می‌باشد. مهم‌ترین راه کنترل بیماری زنگ قهوه‌ای استفاده از ارقام مقاوم اصلاح شده است که به‌طور مؤثری باعث کنترل این بیماری شده و خسارت آن را کاهش می‌دهد. استفاده از ارقام مقاوم حذف مصرف سموم را به همراه داشته و ضمن نداشتن آثار سوء زیست‌محیطی شناخته شده و از نظر اقتصادی نیز با صرفه‌تر می‌باشد. قارچ عامل زنگ قهوه‌ای نسبت به شرایط محیطی، به خصوص درجه حرارت محیط حساس است. متوسط دمای لازم برای گسترش وسیع این بیماری حدود ۲۲-۲۰ درجه سلسیوس است، که در اواخر دوره رشد گندم، در بیش‌تر مناطق گندم‌کاری ایران مهیا می‌باشد (۱۱) که این امر باعث می‌شود زنگ قهوه‌ای گسترش وسیعی

F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> و خانواده‌های F<sub>2:3</sub> حاصل از تلاقی Zhengzhou 538 و Neijiang 977671 (رقم حساس) انجام گرفت. در این پژوهش گیاهان با یک عامل بیماری‌زای چینی به نام FHNQ در گلخانه مایه‌زنی شدند. نتایج بیانگر آن بود که یک ژن غالب به نام *LrNJ97* باعث مقاومت به زنگ برگی می‌شود (۲۲).

**اهداف:** بررسی نحوه توارث مقاومت به زنگ قهوه‌ای در ارقام مختلف گندم و برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از تلاقی دای‌آلل از اهداف این پژوهش می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

به منظور مطالعه توارث بیماری زنگ قهوه‌ای، شش رقم گندم نان شامل ژنوتیپ‌های گنبد، شیرودی، دریا، اترک، مغان ۳ و رقم حساس بولانی (جدول ۱) همراه با نتاج F<sub>1</sub> حاصل از تلاقی بین آن‌ها به روش نیمه دای‌آلل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه و گلخانه دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان مورد ارزیابی قرار گرفتند.

ژنتیکی را در بیش‌تر صفات به خود اختصاص دادند (۸). در یک پژوهش علمی جهت مشخص کردن ژن‌های جدید مقاومت به زنگ برگی مطالعه‌ای روی گیاهان F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> و لاین‌های F<sub>3</sub> حاصل از تلاقی بین رقم مقاوم Bimai16 و رقم حساس Thatcher انجام گرفت. در این آزمایش مایه‌زنی گیاهان با دو پاتوتیپ چینی عامل بیماری به نام‌های FHTT و PHTS انجام شد. ابتدا این گیاهان با FHTT مایه‌زنی شدند که نتایج بیانگر وجود یک ژن مقاوم با اثر غالب به نام *LrBi16* در رقم Bimai16 بود. سپس این گیاهان با PHTS مایه‌زنی شدند که نتایج بیانگر وجود دو ژن مقاوم به نام‌های *LrBi16* و *LrZH84* بودند. در نهایت اعلام گردید که ژن *LrBi16* می‌تواند یک ژن مناسب جهت مقاومت به زنگ برگی باشد (۲۱). پژوهشگران با مطالعه روی جمعیت‌های F<sub>2</sub> و F<sub>2:3</sub> حاصل از تلاقی بین لاین مقاوم Fundulea900 و رقم حساس Thatcher گزارش نمودند که ژن غالب به نام *LrFun* باعث مقاومت به زنگ برگی در مرحله گیاهچه‌ای و ژن دیگری به نام *Lr68* باعث مقاومت در گیاه بالغ گندم می‌شود (۱۹). به منظور شناسایی ژن‌های مقاومت به زنگ برگی مطالعه‌ای روی گیاهان

جدول ۱- شجره و عکس‌العمل ارقام نسبت به پاتوتیپ زنگ قهوه‌ای.

Table 1. Pedigree and reaction of wheat cultivars to the Pathotype of leaf rust.

عکس‌العمل Reaction	سال معرفی	شجره Pedigree	ژنوتیپ‌ها Genotypes
مقاوم Resistance	2007	Atrak/Wangshuibai	گنبد Gonbad
مقاوم Resistance	1997	Attila,CM85836-4Y-OM-OY-8M-OY-OPZ	شیرودی Shirudi
متحمل Sufferer	2006	SHA4/CHILCM91099-25Y-OM-3N-1Y-OYZ-O10M-OY-3M-O10	دریا Darya
مقاوم Resistance	1995	Kauz"s"-CIMMYT, Mexico	اترک Atrac
متحمل Sufferer	2006	Luan/3/V763.23/V879.C8//Pvn/4/Picus/5 /Opata	مغان ۳ Moghan3
حساس Susceptible			بولانی Bolani

مصنوعی، گلدان‌ها توسط پلاستیک پوشیده شده و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۲۰ درجه سلسیوس و رطوبت ۹۰ درصد درون انکوباتور آزمایشگاه اصلاح نباتات دانشکده تولید گیاهی نگهداری و پس از آن به محیط گلخانه با دمای ۲۲ درجه سلسیوس و رطوبت نسب ۶۰ درصد منتقل گردیدند. صفات مورد مطالعه در مرحله گیاهچه‌ای، دوره کمون و تیپ آلودگی بود که ۱۰ روز بعد از مایه‌زنی ارزیابی برگ‌های گیاهچه در تمام گلدان‌ها صورت گرفت. سپس تعداد روز از زمان مایه‌زنی تا زمان مشاهده جوش یادداشت شد و در مورد بوته‌هایی که بر روی آن‌ها جوش مشاهده نشد دوره کمون ۲۰ روز در نظر گرفته شد و پس از گذشت ۱۵ روز از تلقیح صفت تیپ آلودگی به روش مک‌نیل و همکاران (۱۹۷۱) ثبت شد (۹). یادداشت‌برداری‌ها روی اولین برگ انجام شد. تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای SAS ver 9.1 و Excel و برآورد پارامترهای ژنتیکی و نحوه توارث صفات مورد بررسی با استفاده از رابطه‌ها به شرح ذیل بر اساس روش گریفینگ دو مدل یک انجام شد.

$$\sigma_D^2 = 2\sigma_{GCA}^2 \quad (2)$$

که در آن،  $\sigma_D^2$  واریانس افزایشی و  $\sigma_{GCA}^2$  واریانس ترکیب‌پذیری عمومی است.

$$\sigma_H^2 = \sigma_{SCA}^2 \quad (3)$$

که در آن،  $\sigma_H^2$  واریانس غالبیت و  $\sigma_{SCA}^2$  واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی است.

$$H_{B.S}^2 = \frac{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2 + Error} \quad (4)$$

که  $H_{B.S}^2$  وراثت‌پذیری عمومی است.

در آزمایش مربوط به مزرعه هر پلات مربوط به یک رقم در یک ردیف به طول حدود یک متر و تعداد ۱۵ بذر روی هر ردیف با فاصله هفت سانتی‌متر کشت گردید. فاصله دو ردیف (دو پلات) از هم نیم متر در نظر گرفته شد. در این آزمایش در اطراف کرت‌ها و هم‌چنین به‌ازای هر هفت خط، یک خط رقم حساس بولانی به‌عنوان پخش‌کننده طبیعی بیماری کشت گردید. جهت فراهم کردن رطوبت مزرعه، از سیستم مه‌پاش استفاده گردید. در شرایط مزرعه‌ای، صفات مورد مطالعه در مرحله گیاه بالغ شامل تیپ آلودگی، شدت بیماری در چهار دفعه به فاصله زمانی پنج روز و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری بدین ترتیب که بعد از مشاهده اولین علائم بیماری روی برگ پرچم یادداشت‌برداری برای شدت بیماری شروع گردید و در چهار نوبت با فاصله زمانی پنج روز ادامه یافت. صفت دوم تیپ آلودگی بود که با مشاهده ۸۰ درصدی شدت بیماری روی رقم حساس بولانی براساس مقیاس صفر تا ۹ به روش مک‌نیل و همکاران (۱۹۷۱) ثبت (۹) و با استفاده از روش تبدیل‌یافته کاب (۱۶) ارزیابی گردید. سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (رابطه ۱) با استفاده از فرمول ویلکاکسون و همکاران (۱۹۷۵) محاسبه گردید (۱۸).

$$AUDPC = \sum_{i=1}^k \left[ \left( \frac{X_{i+1} + X_i}{2} \right) (t_{i+1} - t_i) \right] \quad (1)$$

که در آن،  $X_i$  درصد آلودگی در زمان  $t_i$  است. در هر پلات یادداشت‌برداری روی پنج بوته انجام شد. در آزمایش مربوط به گلخانه، هر گلدان به‌عنوان یک واحد آزمایشی بود که داخل آن پنج عدد بذر از هر ژنوتیپ کشت گردید. پس از ظهور کامل برگ اول، تمام گیاهچه‌ها با آب‌پاش دستی حاوی آب مقطر مه‌پاشی شدند و بعد با سوسپانسیون اسپور زنگ قهوه‌ای مایه‌زنی شدند. بعد از انجام عمل تلقیح

$$BR = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2} \quad (7)$$

$$H_{N.S}^2 = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2 + Error} \quad (8)$$

### نتایج و بحث

تجزیه واریانس برای صفات تیپ آلودگی، شدت آلودگی و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در مزرعه و صفات تیپ آلودگی و دوره کمون در گلخانه نشان داد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی برای این صفات است و در نتیجه می‌توان تجزیه ژنتیکی را انجام داد (جدول ۲).

که در آن،  $H_{N.S}^2$  وراثت‌پذیری خصوصی است.

$$\sqrt{\frac{H}{D}} = \sqrt{\frac{\sigma_{SCA}^2}{\sigma_{GCA}^2}} \quad (6)$$

که در آن، میانگین درجه غالبیت و  $D$  جزء ناشی از تنوع اثر افزایشی و  $H$  جزء ناشی از اثر غالبیت ژن‌ها است.

نسبت بیکر (Baker, 1978) مطابق رابطه ۷

محاسبه شد.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده برای ۶ والد و ۱۵ تلاقی آن‌ها.

Table 2. Analysis of variance of measured traits for six parents and their 15 hybrids.

میانگین مربعات MS						
منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	دوره کمون (روز) Latent Period (d)	تیپ آلودگی (گلخانه) Infection Type(Greenhouse)	تیپ آلودگی (مزرعه) Infection Type (Field)	شدت بیماری (%) Disease Severity (%)	سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری AUDPC
تکرار Repeat	2	0.49 <sup>ns</sup>	1.85*	1.47*	173.01 <sup>ns</sup>	88452.77**
ژنوتیپ Genotype	20	73.19**	9.24**	3.63**	509.68**	81400.27**
خطا Error	40	2.75	0.55	0.39	69.68	16974.02
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)	13		14.50	7.69	9.50	13.92

<sup>ns</sup>, \* و \*\* به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح پنج و یک درصد.

<sup>ns</sup>, \* and \*\* Non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

آن‌ها) بر اساس دوره کمون به هفت گروه، تیپ آلودگی گلخانه به ۱۱ گروه، تیپ آلودگی مزرعه به سه گروه، شدت آلودگی به چهار گروه و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری به ۱۳ گروه تقسیم شدند (جدول ۳).

ارزانی و همکاران (۲۰۰۴) با بررسی روی ارقام (مهدوی، زرین، نیک‌نژاد، داراب ۲ و آتیلا ۵) و قنادها و همکاران (۱۹۹۵) و نصراله‌نژاد قمی و همکاران (۲۰۰۳) با مطالعه ارقام دیگر در مورد این صفات به نتایج مشابهی دست یافتند (۱، ۴ و ۱۳). گروه‌بندی به روش LSD نشان داد که ژنوتیپ‌ها (والدین و نتاج

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات در ژنوتیپ‌های والدینی گندم و تلاقی‌های آنها به روش LSD در سطح یک درصد.

**Table 3. Comparison of Mean values of traits in wheat parent's genotypes and their hybrids based on LSD at 1% probability level.**

سطح زیر منحنی بیشرفت بیماری AUDPC	شدت بیماری (%) Disease Severity (%)	تیپ آلودگی (مزرعه) Infection Type (Field)	تیپ آلودگی (گلخانه) Infection Type (Greenhouse)	دوره کمون (روز) Latent period (d)	
956.7 <sup>cdef</sup>	93.33 <sup>ab</sup>	8 <sup>a</sup>	5.66 <sup>bcd</sup>	13 <sup>b</sup>	گنبد Gonbad
991.7 <sup>bcd</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	4.33 <sup>efg</sup>	10 <sup>ede</sup>	شیرودی Shirudi
1015 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	5.33 <sup>bcd</sup>	8.33 <sup>de</sup>	دریا Darya
641.7 <sup>gh</sup>	60 <sup>c</sup>	6.33 <sup>b</sup>	5.33 <sup>bcd</sup>	8.33 <sup>de</sup>	اترک Atrac
1015 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	8 <sup>a</sup>	19 <sup>a</sup>	مغان ۳ Moghan3
1015 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	8 <sup>a</sup>	8 <sup>e</sup>	بولانی Bolani
921.7 <sup>def</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	6 <sup>bc</sup>	18.33 <sup>a</sup>	گنبد × شیرودی Gonbad × Shirudi
933.33 <sup>def</sup>	93.33 <sup>ab</sup>	8.66 <sup>a</sup>	4.66 <sup>def</sup>	10 <sup>ede</sup>	گنبد × اترک Gonbad × Atrac
513.3 <sup>h</sup>	56.66 <sup>c</sup>	6.66 <sup>b</sup>	6.33 <sup>b</sup>	10.67 <sup>bcd</sup>	گنبد × مغان ۳ Gonbad × Moghan3
1003.3 <sup>bcd</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	4 <sup>fgh</sup>	8.67 <sup>de</sup>	گنبد × دریا Gonbad × darya
1178.3 <sup>ab</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	5 <sup>cdef</sup>	8.33 <sup>de</sup>	گنبد × بولانی Gonbad × Bolani
1015 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	3.33 <sup>gh</sup>	19 <sup>a</sup>	شیرودی × مغان ۳ Shirudi × Moghan3
933.3 <sup>def</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	4.33 <sup>efg</sup>	18.33 <sup>a</sup>	شیرودی × اترک Shirudi × Atrac
1225 <sup>a</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	3 <sup>h</sup>	20 <sup>a</sup>	شیرودی × بولانی Shirudi × Bolani
1131.7 <sup>abcd</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	5 <sup>cdef</sup>	12.33 <sup>bc</sup>	شیرودی × دریا Shirudi × Darya
851.7 <sup>efg</sup>	83.33 <sup>b</sup>	8 <sup>a</sup>	3 <sup>h</sup>	20 <sup>a</sup>	دریا × اترک Darya × Atrac
956.7 <sup>cdef</sup>	86.66 <sup>ab</sup>	8.33 <sup>a</sup>	4.33 <sup>efg</sup>	9 <sup>de</sup>	دریا × مغان ۳ Darya × Moghan3
1155 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	3.33 <sup>gh</sup>	20 <sup>a</sup>	دریا × بولانی Darya × Bolani
828.3 <sup>fg</sup>	80 <sup>b</sup>	5 <sup>c</sup>	7.66 <sup>a</sup>	9.67 <sup>cde</sup>	اترک × مغان ۳ Atrac × Moghan3
1050 <sup>abcde</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	8.33 <sup>a</sup>	8.33 <sup>de</sup>	اترک × بولانی Atrac × Bolani
1015 <sup>abc</sup>	100 <sup>a</sup>	9 <sup>a</sup>	8 <sup>a</sup>	8 <sup>de</sup>	مغان ۳ × بولانی Moghan3 × Bolani

کمون و بیشترین تیپ آلودگی در بررسی گلخانه‌ای بود. نسبت بیکر برای صفات دوره کمون در گلخانه (۰/۵۱) نزدیک به یک برآورد گردید که بیانگر اهمیت یکسان اثرات افزایشی و اثرات غیرافزایشی است و برای صفات تیپ آلودگی در گلخانه (۰/۸۲)، تیپ آلودگی در مزرعه (۰/۸۴)، شدت بیماری (۰/۸۲) و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (۰/۸۶) بیانگر اهمیت بیش‌تر آثار افزایشی نسبت به غیرافزایشی می‌باشد (جدول ۴).

با توجه به نتایج جدول ۳، والد اترک دارای کم‌ترین تیپ آلودگی، شدت آلودگی و مقدار سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در شرایط مزرعه بود که بیانگر مقاومت مناسب این رقم در مرحله گیاه بالغ بوده است. در آزمایش گلخانه‌ای، رقم گنبد دارای تیپ آلودگی پایین و دوره کمون بالا بود که بیانگر مقاومت مناسب در مرحله گیاهچه‌ای می‌باشد. والد بولانی به‌عنوان رقم حساس دارای حداکثر تیپ آلودگی، شدت بیماری و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در شرایط مزرعه‌ای و دارای کم‌ترین دوره

جدول ۴- تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی به روش گریفینگ، نسبت بیکر و وراثت‌پذیری صفات.

**Table 4. Analysis of variance for general and specific combining abilities based on Griffing method, Baker ratio and heritability for traits.**

میانگین مربعات MS						
منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	دوره کمون (روز) Latent Period (d)	تیپ آلودگی (گلخانه) Infection Type (Greenhouse)	تیپ آلودگی (مزرعه) Infection Type (Field)	شدت بیماری (%) Disease Severity (%)	سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری AUDPC
ژنوتیپ Genotype	20	73.19**	9.24**	3.63**	509.68**	81400.27**
ترکیب‌پذیری عمومی GCA	5	42.99**	15.65**	6.85**	874.44**	161774.86**
ترکیب‌پذیری خصوصی SCA	15	83.26**	7.1**	2.56**	388.09**	54608.75**
خطا Error	40	2.75	0.55	0.39	69.68	16974.02
نسبت بیکر		0.51	0.82	0.84	0.82	0.86
وراثت‌پذیری عمومی $H^2_{BS}$		0.99	0.99	0.99	0.99	0.99
وراثت‌پذیری خصوصی $H^2_{NS}$		0.51	0.81	0.84	0.81	0.86
درجه غالبیت $\sqrt{H/D}$		1.39	0.67	0.61	0.67	0.58
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)		13.07	13.87	7.43	8.97	13.44

\*\* معنی‌دار در سطح یک درصد.

\*\* significant at 1% probability level.

کنترل ژنتیکی این صفات به مراتب بیشتر از اثر افزایشی است. قنادها و همکاران (۲۰۰۴) به منظور ارزیابی نحوه توارث مقاومت به زنگ زرد، شش رقم گندم هگزپلوئید و ۱۵ نتاج  $F_1$  حاصل از تلاقی دای آل را مورد بررسی قرار دادند. صفات مرتبط با مقاومت شامل دوره کمون، تیپ آلودگی، اندازه جوش و تعداد جوش ارزیابی شدند. تجزیه دای آل نشان داد که واریانس غالبیت از اهمیت بالایی برخوردار بود (۵). در بررسی نحوه توارث عملکرد دانه و اجزای آن در ارقام گندم نان با استفاده از تجزیه تلاقی‌های دای آل مشخص گردید که اثر غیرافزایشی ژن‌ها نقش بیشتری در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه داشته که مشابه با نتیجه پژوهش حاضر می‌باشد (۶). نیک‌فطرت و همکاران (۲۰۱۱) با مطالعه نحوه عمل ژن با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که علاوه بر آثار افزایشی و غالبیت، اثرات اپیستازی نیز نقش مهمی را در کنترل صفات تیپ آلودگی و دوره کمون در والدین و نتاج آن‌ها دارند، به طوری که واریانس غالبیت نسبت به واریانس افزایشی نقش مهم‌تری را در کنترل صفات مذکور داشت. متوسط وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفت دوره کمون به ترتیب ۳۳ و ۲۸ درصد و برای صفت تیپ آلودگی ۴۲ و ۳۹ درصد برآورد گردید (۱۵). در مطالعه‌ای با بررسی نتاج  $F_1$  حاصل از تلاقی چهار رقم مقاوم و یک رقم حساس نتیجه گرفته شد که اثرات ژنتیکی افزایشی و غیرافزایشی با هم در جهت افزایش مقاومت به زنگ قهوه‌ای نقش دارند (۱۰). دهقانی و همکاران (۲۰۰۵) شش رقم گندم را به صورت دای آل یک‌طرفه تلاقی داده و واکنش والدین و نتاج را در برابر سه نژاد زرد بررسی نموده و مشاهده کردند که اثر ژنی افزایشی در کنترل نوع آلودگی نقش مهمی دارد (۲). نصراله‌نژاد قمی و همکاران (۲۰۰۳) نحوه توارث مقاومت به بیماری

به عبارت دیگر صفات مذکور (تیپ آلودگی، شدت آلودگی و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری) از والدین به نتاج قابل انتقال هستند و اعمال گزینش بر اساس آن‌ها در نسل‌های اولیه امکان‌پذیر می‌باشد. تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری (جدول ۴) نشان داد که مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) برای همه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که بیانگر نقش توأم آثار افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی آن‌ها می‌باشد. سهم بسیار بیش‌تر اثر غالبیت در واریانس ژنتیکی بیانگر آن می‌باشد که اهمیت اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات به مراتب بیشتر از اثر افزایشی است. خان و همکاران (۱۹۹۴) با تجزیه داده‌های حاصل از تلاقی نیمه دای آل  $9 \times 9$  گزارش کردند که مقاومت به زنگ زرد توسط عمل افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود. دلیل متفاوت بودن نتیجه این مطالعه می‌تواند به خاطر تفاوت در ارقام مورد استفاده، نوع نژاد و ژن‌های مقاومت آن باشد (۷). نازان (۲۰۰۸) در مطالعه خود بر روی ارقام گندم نان و با استفاده از تجزیه دای آل دریافت که نقش اثر افزایشی ژن‌ها در توارث عملکرد دانه به مراتب بیش از اثر غیرافزایشی می‌باشد. بنابراین، انتخاب را از نسل‌های مقدماتی به منظور بهبود این صفت توصیه نمود (۱۴). برآورد پارامترهای ژنتیکی به روش جینکز و هیمن (۱۹۵۳) (جدول ۶) نشان داد که برای هر چهار صفت، مقدار جزء افزایشی D نسبت به اجزاء غالبیت ( $H_1$  و  $H_2$ ) کم‌تر بود که بیانگر اهمیت بیش‌تر جزء غالبیت نسبت به جزء افزایشی در کنترل این صفات می‌باشد. همچنین مقدار D برای صفت دوره کمون معنی‌دار بود. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که این صفت تحت تأثیر ژن‌های با عمل افزایشی و غالبیت است. سهم بسیار بیش‌تر اثر غالبیت در واریانس ژنتیکی بیانگر آن می‌باشد که اهمیت اثر غیرافزایشی ژن‌ها در



نتاج این تلاقی‌ها ممکن است نتایج مطلوبی در پی داشته باشد و باعث کاهش شدت آلودگی شود. اثرات ترکیب‌پذیری برای صفت سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری نشان داد که ارقام بولانی و شیروودی به ترتیب بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار را به خود اختصاص دادند. رقم دریا نیز دارای اثر ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و غیرمعنی‌داری بود. بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار نیز مربوط به تلاقی گنبد × بولانی بود. رقم بولانی که یکی از والدین این تلاقی بود خود دارای اثر ترکیب‌پذیری عمومی بالایی بوده است. برای صفت تیپ آلودگی در گلخانه، ارقام مغان ۳ و بولانی به ترتیب بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار را به خود اختصاص دادند. بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار نیز به ترتیب مربوط به تلاقی‌های اترک × بولانی، گنبد × شیروودی، مغان ۳ × بولانی، شیروودی × دریا و اترک × مغان ۳ می‌باشد. نتاج حاصل از تلاقی مغان ۳ × بولانی بیش‌ترین تیپ آلودگی را داشتند، زیرا والدین آن‌ها دارای بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری عمومی از لحاظ این صفت بودند. برای صفت دوره کمون ارقام شیروودی و مغان ۳ به ترتیب دارای بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند. بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار نیز به ترتیب مربوط به تلاقی‌های دریا × اترک، دریا × بولانی، گنبد × شیروودی، شیروودی × اترک و شیروودی × مغان ۳ بود. نتاج حاصل از تلاقی شیروودی × مغان ۳ بیش‌ترین تیپ آلودگی را داشتند، زیرا والدین آن‌ها دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی از لحاظ این صفت بودند (جدول ۵).

زنگ قهوه‌ای را در گندم به روش دای‌آل بررسی نموده و نتیجه گرفتند که برای صفت دوره کمون وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به ترتیب ۹۲ و ۵۵ درصد و برای صفت نوع آلودگی ۹۴ و ۵۸ درصد می‌باشد (۱۳). میانگین درجه غالبیت برای صفت دوره کمون بیش‌تر از یک برآورد گردید که نشانگر کنترل این صفت توسط اثر فوق غالبیت ژن‌ها می‌باشد. برای صفات شدت آلودگی، سطح زیرمنحنی پیشرفت بیماری، تیپ آلودگی در مزرعه و تیپ آلودگی در گلخانه، درجه غالبیت کم‌تر از یک برآورد گردید که بیانگر کنترل این صفات توسط اثر غالبیت ناقص ژن‌ها می‌باشد (جدول ۴). آثار ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی والدین در جدول ۵ ارائه شده است. در مورد صفت تیپ آلودگی در مزرعه بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار مربوط به ارقام شیروودی، دریا و بولانی بود. بنابراین، می‌توان انتظار داشت که در بین نتاج حاصل از تلاقی این ارقام ژنوتیپ‌ها دارای تیپ آلودگی بالاتری باشند. بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار برای صفت تیپ آلودگی به ترتیب در تلاقی‌های مغان ۳ × بولانی، گنبد × اترک و شیروودی × اترک مشاهده شد. ارقام شیروودی و بولانی بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار را برای صفت شدت آلودگی به خود اختصاص دادند. بنابراین، استفاده از این ارقام در تلاقی‌ها باعث افزایش این صفت، یعنی افزایش حساسیت به بیماری زنگ قهوه‌ای می‌گردد. بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار برای صفت شدت آلودگی به ترتیب مربوط به تلاقی‌های مغان ۳ × بولانی، گنبد × اترک و شیروودی × اترک بوده است. البته با توجه به اثر منفی و معنی‌دار برای ارقام گنبد، اترک و مغان ۳ استفاده از

جدول ۵- اثرات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی والدین.

Table 5. General and specific combining ability effects of parents.

سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری AUDPC	شدت بیماری (%) Disease Severity	تیپ آلودگی (مزرعه) Infection Type (Field)	تیپ آلودگی (گلخانه) Infection Type (Greenhouse)	دوره کمون Latent Period (d)	ژنوتیپ Genotype
-39.86 <sup>ns</sup>	-1.80 <sup>ns</sup>	-0.08 <sup>ns</sup>	-0.04 <sup>ns</sup>	-0.86 <sup>**</sup>	گنبد Gonbad
53.47 <sup>*</sup>	6.10 <sup>**</sup>	0.5 <sup>**</sup>	-0.91 <sup>**</sup>	2.38 <sup>**</sup>	شیرودی Shirudi
43.26 <sup>ns</sup>	2.30 <sup>ns</sup>	0.29 <sup>*</sup>	-0.91 <sup>**</sup>	-0.27 <sup>ns</sup>	دریا Darya
-112.77 <sup>**</sup>	-9.30 <sup>**</sup>	-0.83 <sup>**</sup>	0.12 <sup>ns</sup>	-0.74 <sup>*</sup>	اترک Atrac
-52.98 <sup>*</sup>	-3.40 <sup>*</sup>	-0.37 <sup>**</sup>	1.00 <sup>**</sup>	0.68 <sup>*</sup>	مغان ۳ Moghan3
108.88 <sup>**</sup>	6.10 <sup>**</sup>	0.5 <sup>**</sup>	0.75 <sup>**</sup>	-1.19 <sup>**</sup>	بولانی Bolani
-60.83 <sup>ns</sup>	2.67 <sup>ns</sup>	0.15 <sup>ns</sup>	1.57 <sup>**</sup>	4.10 <sup>**</sup>	گنبد × شیرودی Gonbad × Shirudi
117.08 <sup>ns</sup>	11.42 <sup>*</sup>	1.15 <sup>**</sup>	-0.79 <sup>*</sup>	-1.10 <sup>ns</sup>	گنبد × اترک Gonbad × Atrac
-362.7 <sup>**</sup>	-31.07 <sup>**</sup>	-1.30 <sup>**</sup>	-0.006 <sup>ns</sup>	-1.85 <sup>*</sup>	گنبد × مغان ۳ Gonbad × Moghan3
31.04 <sup>ns</sup>	6.42 <sup>ns</sup>	0.36 <sup>ns</sup>	-0.42 <sup>ns</sup>	-2.89 <sup>**</sup>	گنبد × دریا Gonbad × darya
207.91 <sup>**</sup>	6.6 <sup>ns</sup>	-0.11 <sup>ns</sup>	-0.72 <sup>ns</sup>	-0.28 <sup>ns</sup>	گنبد × بولانی Gonbad × Bolani
45.62 <sup>ns</sup>	4.34 <sup>ns</sup>	0.44 <sup>ns</sup>	-2.13 <sup>**</sup>	3.23 <sup>**</sup>	شیرودی × مغان ۳ Shirudi × Moghan3
23.75 <sup>ns</sup>	10.17 <sup>*</sup>	0.9 <sup>**</sup>	-0.25 <sup>ns</sup>	3.98 <sup>**</sup>	شیرودی × اترک Shirudi × Atrac
9.58 <sup>ns</sup>	-10.47 <sup>*</sup>	-0.86 <sup>*</sup>	-1.42 <sup>**</sup>	-1.36 <sup>ns</sup>	شیرودی × بولانی Shirudi × Bolani
66.04 <sup>ns</sup>	-1.48 <sup>ns</sup>	-0.22 <sup>ns</sup>	1.45 <sup>**</sup>	-2.47 <sup>**</sup>	شیرودی × دریا Shirudi × Darya
-47.71 <sup>ns</sup>	-2.73 <sup>ns</sup>	0.11 <sup>ns</sup>	-1.58 <sup>**</sup>	8.31 <sup>**</sup>	دریا × اترک Darya × Atrac
-2.50 <sup>ns</sup>	-5.23 <sup>ns</sup>	0.45 <sup>ns</sup>	-1.13 <sup>**</sup>	-4.10 <sup>**</sup>	دریا × مغان ۳ Darya × Moghan3
-6.45 <sup>ns</sup>	0.77 <sup>ns</sup>	-0.87 <sup>*</sup>	-0.09 <sup>ns</sup>	4.96 <sup>**</sup>	دریا × بولانی Darya × Bolani
25.21 <sup>ns</sup>	-0.23 <sup>ns</sup>	-2.22 <sup>**</sup>	1.16 <sup>**</sup>	-2.97 <sup>**</sup>	اترک × مغان ۳ Atrac × Moghan3
-16.66 <sup>ns</sup>	-4.22 <sup>ns</sup>	0.47 <sup>ns</sup>	1.77 <sup>**</sup>	-5.32 <sup>**</sup>	اترک × بولانی Atrac × Bolani
142.29 <sup>ns</sup>	18.27 <sup>**</sup>	1.76 <sup>**</sup>	1.48 <sup>**</sup>	0.75 <sup>ns</sup>	مغان ۳ × بولانی Moghan3 × Bolani

<sup>ns</sup>، \* و <sup>\*\*</sup> به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح پنج و یک درصد.

<sup>ns</sup>, \* and \*\* Non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

بیشترین ژنهای مغلوب و افزایش‌دهنده صفت و گنبد و به‌خصوص اترک بیشترین ژنهای مغلوب و کاهش‌دهنده این صفت را دارا بودند. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت، بر اساس سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، اترک و گنبد منبع خوبی برای مقاومت می‌باشند. برای تیپ آلودگی مزرعه (شکل ۱-۱c)، بولانی، شیروودی و دریا بیشترین ژنهای غالب و افزایش‌دهنده صفت (کاهش مقاومت)، مغان ۳، بیشترین ژنهای مغلوب و افزایش‌دهنده صفت، اترک بیشترین ژنهای مغلوب و کاهش‌دهنده این صفت و گنبد، بیشترین ژنهای غالب و کاهش‌دهنده تیپ آلودگی در مزرعه را دارا بودند، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت بر اساس این صفت، اترک و گنبد منبع خوبی برای مقاومت می‌باشند. برای تیپ آلودگی گلخانه (شکل ۱-۱d)، بولانی و مغان ۳ بیشترین ژنهای مغلوب و افزایش‌دهنده صفت (کاهش مقاومت)، اترک، بیشترین ژنهای مغلوب و کاهش‌دهنده صفت و گنبد، شیروودی و دریا بیشترین ژنهای غالب و کاهش‌دهنده تیپ آلودگی در گلخانه را دارا بودند، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت بر اساس این صفت، اترک، گنبد، شیروودی و دریا منبع خوبی برای مقاومت می‌باشند. برای دوره کمون در گلخانه (شکل ۱-۱e)، گنبد بیشترین ژنهای غالب و افزایش‌دهنده صفت (افزایش مقاومت)، مغان ۳ بیشترین ژنهای مغلوب و افزایش‌دهنده صفت، شیروودی بیشترین ژنهای مغلوب و کاهش‌دهنده صفت و بولانی، دریا و اترک بیشترین ژنهای غالب و کاهش‌دهنده دوره کمون در گلخانه را دارا بودند، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت بر اساس این صفت، مغان ۳ و گنبد منبع خوبی برای مقاومت می‌باشند.

برآورد پارامترهای ژنتیکی به روش جینکز و هیمن (۱۹۵۳) (جدول ۶) نشان داد که علامت  $F$  برای تمام صفات مثبت بود، در نتیجه فراوانی آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب بیشتر بود. آماره  $W_T+V_T$  برای صفات تیپ آلودگی مزرعه، تیپ آلودگی گلخانه، شدت آلودگی و دوره کمون معنی‌دار شد که به منزله وجود واریانس غیرافزایشی می‌باشد. آماره  $W_T-V_T$  برای تمام صفات مورد بررسی معنی‌دار شد که به منزله وجود اثرات غیرآلی (اپیستازی) می‌باشد. به عبارت دیگر معنی‌دار شدن این آماره نشان‌دهنده عدم صحت مدل افزایشی - غالبیت برای صفات می‌باشد. در بین صفات مورد بررسی، برای تیپ آلودگی مزرعه، شدت آلودگی و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری شیب خط با یک اختلاف معنی‌دار داشت. بنابراین، در این صفات اثرات غیرآلی (اپیستازی) دارای اهمیت هستند. برای صفات تیپ آلودگی در گلخانه و دوره کمون، شیب خط با یک اختلاف معنی‌دار نداشت که با نتایج نصراله‌نژاد قمی و همکاران (۲۰۰۳) برای صفت تیپ آلودگی در گلخانه همخوانی داشت ولی برای صفت دوره کمون متفاوت بود. همان‌طور که در شکل یک مشاهده می‌شود، برای شدت آلودگی (شکل ۱-۱a)، بولانی، شیروودی و دریا بیشترین ژنهای غالب و افزایش‌دهنده شدت آلودگی (کاهش مقاومت)، مغان ۳ و گنبد، بیشترین ژنهای مغلوب و افزایش‌دهنده شدت آلودگی و اترک، بیشترین ژنهای مغلوب کاهش‌دهنده آلودگی را دارا بودند. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت، بر اساس شدت آلودگی، اترک منبع خوبی برای مقاومت می‌باشد. برای سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (شکل ۱-۱b) بولانی، شیروودی و دریا بیشترین ژنهای غالب و افزایش‌دهنده صفت (کاهش مقاومت)، مغان ۳،

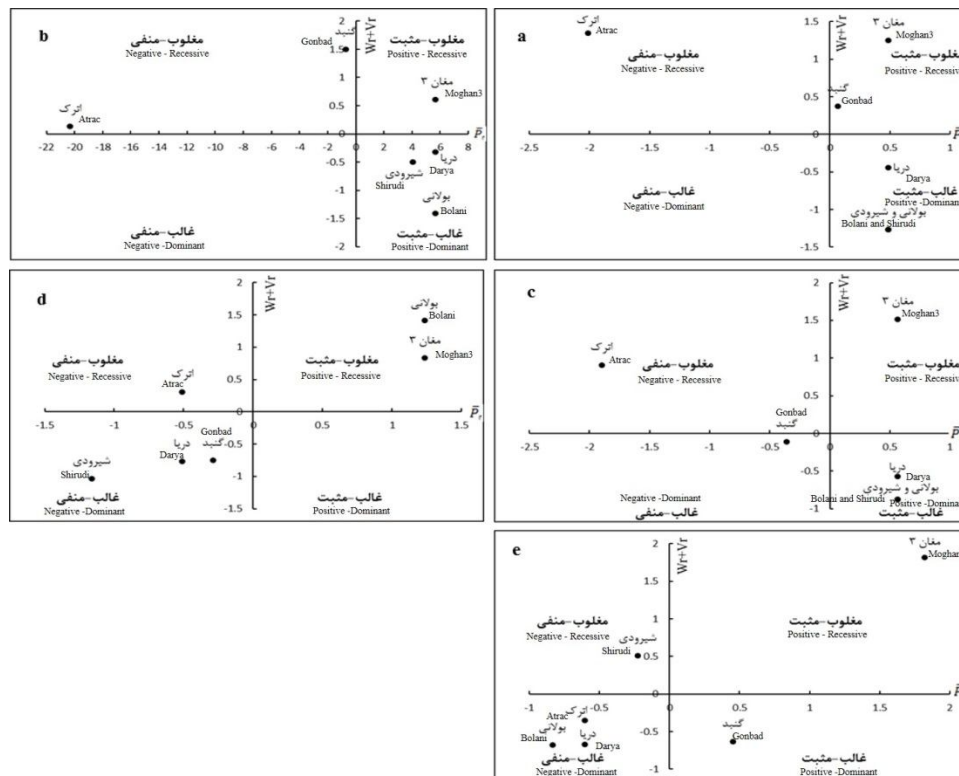
جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده با استفاده از روش جینکز و هیمن.

Table 6. Genetic parameters estimated by Jinks and Hayman method.

دوره کمون (روز)	تیپ آلودگی گلخانه	سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC)	شدت آلودگی (%)	تیپ آلودگی مزرعه	برآوردها
Latent Period (d)	Infection Type (Greenhouse)		Disease Severity (%)	Infection Type (Field)	Estimates
16.33 <sup>*</sup>	1.17 <sup>ns</sup>	4790.16 <sup>ns</sup>	186.29 <sup>ns</sup>	1.34 <sup>ns</sup>	واریانس افزایشی D Additive variance (D)
21.77 <sup>ns</sup>	1.56 <sup>ns</sup>	6386.88 <sup>ns</sup>	248.39 <sup>ns</sup>	1.78 <sup>ns</sup>	میانگین کواریانس اثرات افزایشی و غالبیت (F) Mean covariance of additive and dominance effects (F)
89.85 <sup>**</sup>	47.95 <sup>**</sup>	562104.61 <sup>**</sup>	5711.11 <sup>**</sup>	24.31 <sup>**</sup>	واریانس غالبیت (H <sub>1</sub> ) Dominance variance (H <sub>1</sub> )
83.25 <sup>**</sup>	47.43 <sup>**</sup>	563747.65 <sup>**</sup>	5643.86 <sup>**</sup>	23.93 <sup>**</sup>	واریانس غالبیت (H <sub>2</sub> ) Dominance variance (H <sub>2</sub> )
286.52 <sup>*</sup>	36.76 <sup>**</sup>	1438066494 <sup>ns</sup>	174052.71 <sup>*</sup>	12.41 <sup>**</sup>	وجود واریانس غیرافزایشی (W <sub>r</sub> + V <sub>r</sub> ) Existence of non-additive variance (W <sub>r</sub> + V <sub>r</sub> )
826.53 <sup>**</sup>	2.83 <sup>*</sup>	1615111334 <sup>*</sup>	74485.05 <sup>*</sup>	3.56 <sup>*</sup>	W <sub>r</sub> - V <sub>r</sub>
-0.68 <sup>ns</sup>	0.68 <sup>ns</sup>	-0.03 <sup>*</sup>	0.24 <sup>*</sup>	0.33 <sup>*</sup>	ضریب رگرسیون (β) Regression coefficient (β)

<sup>ns</sup>، \* و \*\* به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح پنج و یک درصد.

<sup>ns</sup>، \* and \*\* Non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.



شکل ۱- نمودار مقادیر استاندارد شده میانگین والدین (محور x) و  $w_r+v_r$  (محور y) برای صفات شدت آلودگی (a)، AUDPC (b)، تیپ آلودگی در مزرعه (c)، تیپ آلودگی در گلخانه (d) و دوره کمون (e).

Fig. 1. Plot of standardized value of parents means (x axis) and  $w_r+v_r$  (y axis) for severity of infection (a), AUDPC (b), infection type in field (c), infection type in greenhouse (d) and latent period (e).

### نتیجه‌گیری کلی

ترکیب‌پذیری عمومی رقم اترک در جهت کاهش (منفی) تیپ آلودگی، شدت بیماری و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در مزرعه بیش‌ترین بود که بیانگر مناسب بودن این رقم در تلاقی‌ها برای افزایش مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای بود. در مورد صفت تیپ آلودگی در مزرعه بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار مربوط به ارقام شیروودی، دریا و بولانی بود. بنابراین، می‌توان انتظار داشت که در بین نتایج حاصل از تلاقی این ارقام ژنوتیپ‌ها دارای تیپ آلودگی بالاتری باشند. ارقام شیروودی و بولانی بیش‌ترین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار را برای صفت شدت آلودگی به خود اختصاص دادند. بنابراین، استفاده از این ارقام در تلاقی‌ها باعث افزایش این صفت، یعنی افزایش

حساسیت به بیماری زنگ قهوه‌ای می‌گردد. بالاترین ترکیب‌پذیری عمومی در مورد صفات مرتبط به مقاومت در مزرعه مربوط به رقم بولانی بود که با مقاومت رابطه عکس دارند و در گلخانه برای دوره کمون که با مقاومت رابطه مستقیم دارد، در جهت منفی بالا بود. بنابراین استفاده از آن در تلاقی‌ها باعث کاهش مقاومت به زنگ قهوه‌ای می‌گردد. برای صفت دوره کمون ارقام شیروودی و مغان ۳ به‌ترتیب دارای بیش‌ترین اثر ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند ولی ترکیب‌پذیری عمومی والد گنبد برای دوره کمون در گلخانه در جهت منفی بالاترین است که می‌تواند جهت افزایش مقاومت در مرحله گیاهچه‌ای در تلاقی‌ها استفاده شود.

### منابع

1. Arzani, A., Ahoon Manesh, A. and Torabi, M. 2005. Study on the genetics of resistance to leaf rust in some bread wheat genotypes at maturity stage. Iranian J. Agric. Sci. 36: 2. 363-373. (In Persian with English Abstract)
2. Dehghani, H., Torabi, M., Moghaddam, M. and Ghannadha, M.R. 2005. Diallel analysis for infection type of yellow rust of wheat. J. Seed Plant. 21: 1. 123-138. (In Persian with English Abstract)
3. Feuillet, C. and Keller, B. 1999. High gene density is conserved at syntentic loci of small and large grass genomes. Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 96: 8265-8270.
4. Ghannadha, M.R., Gordon, I.L. and Cromey, M.G. 1995. Diallel analysis of the latent period of stripe rust in wheat. Theor. Appl. Genet. 90: 471-76.
5. Ghannadha, M.R., Soltanloo, H., Torabi, M. and Ramezanpoor, S.S. 2004. Inheritance of resistance to yellow rust, race 134E182A+, in six wheat cultivars using diallel cross. Iranian J. Agric. Sci. 35: 3. 643-656. (In Persian with English Abstract)
6. Kamaluddin, R., Singh, M., Prasad, L.C., Abidin, M.Z. and Joshi, A.K. 2007. Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). Genet. Mol. Biol. 30: 411-416.
7. Khan, N.I., Muhammad, S. and Bajwa, M.A. 1994. Combining ability analysis of adult plant yellow and leaf rust resistance in wheat. Pakistan J. Agric. Pp: 70-73.
8. Kheirella, K.A., Defrawy, M. and Sherif, T. 1993. Genetic analysis of grain yield, biomass and harvest index in wheat under drought stress and normal moisture conditions. Asian. J. Agric. Sci. 24: 163-183.
9. McNeal, F.H., Konzak, C.F., Smith, E.P., Tate, W.S. and Russell, T.S. 1971. A uniform system for recording and processing cereal research data. U.S. Department of Agriculture Research Service. Pp: 34-121.
10. Meghdadzadeh-Kermani, A. 1997. Study on inheritance of resistance to leaf rust in some bread wheat genotypes. M.Sc. Dissertation, University of Karaj.

11. Moeni, R. 1998. Evaluation of disease of wheat and barley and amount of infection and dispread in Zanjan Region. Fani. Press. 52: 12-16. (In Persian with English Abstract)
12. Moeni, R. and Bamdadeian, A. 1994. Distribution of yellow and brown rust disease of wheat in Zanjan Region. 11<sup>th</sup> Congress of Plant Pathology, Iran, 44p. (In Persian with English Abstract)
13. Nasrollahnejad Ghomi, A.A., Hoseinzadeh, A., Torabi, M. and Ghannadha, M.R. 2003. Study on the genetics of resistance to leaf rust in some advanced lines of wheat at seedling stage. J. Seed Plant. 19: 281-294. (In Persian with English Abstract)
14. Nazan, D. 2008. Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Turkish J. Agric. For. 32: 249-258.
15. Nicfetrat, A., Taherian, M., Ghanbari, A., Bihamta, M. and Razavi, S.A. 2011. Genetic analysis of resistance to yellow rust of wheat. 6<sup>th</sup> Congress of Genetics. 2: 13-21. (In Persian with English Abstract)
16. Peterson, R.F., Champbell, A.B. and Hannah, A.E. 1948. Adigrammatic scale for estimating rust intensity of leaves and stem of cereals. Canadian J. Res. Sec. C: Pp: 26-496.
17. Torabi, M., Nazari, K. and Afshari, F. 2001. Genetics of pathogenicity of *Puccinia recondita* f. sp. tritici, the causal agent of leaf rust of wheat. Iranian J. Agric. Sci. 32: 3. 625-635. (In Persian with English Abstract)
18. Wilcoxson, R.D., Skovmand, B. and Atif, A.H. 1975. Evaluation of wheat cultivars for ability to retard development of stem rust. Ann. Appl. Biol. 80: 275-281.
19. Xing, L., Wang, C., Xia, X., He, Z.H., Chen, W., Liu, T., Li, Z. and Liu, D.Q. 2014. Molecular mapping of leaf rust resistance gene LrFun in Romanian wheat line Fundulea 900. Mol. Breed. 33: 931-937.
20. Yadav, B., Tyagi, C.S. and Singh, D. 1998. Genetical studies and transgressive segregation for field resistance to leaf rust of wheat. Wheat Inf. Serv. 87: 151.
21. Zhang, H., Xia, X.C., He, Z.H., Li, X., Li, Z.F. and Liu, D.Q. 2011. Molecular mapping of leaf rust resistance gene LrBi16 in Chinese wheat cultivar Bimai 16. Mol. Breed. 28: 527-534.
22. Zhao, X.L., Xia, X.C., He, Z.H., Li, X., Wang, C., Li, Z.F. and Liu, D.Q. 2013. Molecular mapping of leaf rust resistance gene LrNJ97 in Chinese wheat line Neijiang 977671. Theor. Appl. Gen. 126: 2141-2147.