



۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

برآورد ترکیب پذیری عمومی و خصوصی مقاومت گندم به ویروس موزائیک رگه ای (WSMV)

علی افتخاری

عضو هیات علمی دانشگاه پیام نور

خراسان جنوبی بیرجند مدرس ۱۷ پ ۲ a.alieftekharian@gmail.com

چکیده

به منظور بررسی مقاومت ژنتیکی و قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی ۵ ژنوتیپ گندم نان، تلاقی هایی به صورت دی آلل یکطرفه بین آنها انجام شد. والد ها و ده تلاقی نسل اول در طرح بلوکهای کامل تصادفی در گلخانه کشت شدند. و پس از مایه زنی با ویروس موزائیک رگه ای (WSMV) صفات تیپ آلودگی (IT)، دوره کمون (Lp)، سطح زیرمنحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و میزان غلظت ویروس براساس آزمون Elisa ارزیابی شد. نتایج تجزیه واریانس بیانگر وجود تلاقیهای ژنتیکی بین تیمارها بود در نتیجه وجود اثر افزایشی و غیر افزایشی ژنها در کنترل صفات مورد بررسی محرز گردید. در روش گریفینگ نسبت MS(GCA)/MS(SCA) برای تمام صفات معنی دار بود، که حاکی از اهمیت بیشتر واریانس افزایشی نسبت به واریانس غیر افزایشی می باشد. براساس تجزیه و تحلیل به روش هیمن - جینکز برای صفات مورد مطالعه احتمالاً مدل افزایشی - غالبیت مناسب می باشد. با توجه به نتایج به دست آمده، غالبیت از نوع نسبی و فوق غالبیت بود. مقدار قابلیت توارث عمومی و خصوصی بین ۷۱-۲۶ درصد برآورد گردید. در میان والدین M_{۷۳-۱} بیشترین GCA را در جهت افزایش مقاومت دارا بود. نتایج همچنین نشان داد که حالت غالبیت برای اکثر آللهها وجود داشت. تجزیه همبستگی، همبستگی معنی داری را بین اکثر صفات اندازه گیری شده نشان داد.

واژه های کلیدی: ویروس موزائیک رگه ای، گندم، ترکیب پذیری عمومی و خصوصی، توارث مقاومت.

مقدمه

در کشور ما گندم یکی از محصولات مهم استراتژیک است. بیماریها از جمله عواملی هستند که باعث کاهش عملکرد گندم می شوند. در بین آنها، ویروس ها از اهمیت بسزایی برخوردار بوده و در بین ویروسها ویروس موزائیک رگه ای

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

مهمترین و خطرناکترین بیماری ویروسی گندم می باشد. عامل بیماری Wheat Streak Mosaic Virus است که در طبیعت با کنه *Aceria Tu5lipae* منتقل می شود (معصومی و همکاران ۱۳۷۸). اجزاء مقاومت به ویروس از جمله مواردی هستند که در تعیین نحوه توارث مقاومت به کار گرفته می شوند. هر یک از اجزاء مقاومت، به تنهایی یا با همدیگر قادر به تعیین پارامترهای ژنتیکی جامعه مورد بررسی از نظر مقاومت به بیماریها می باشند. مهمترین اجزاء مقاومت به ویروس تیپ آلودگی، دوره کمون، میزان غلظت ویروس در بافت برگ و سطح زیرمنحنی پیشرفت بیماری است. هدف از این تحقیق تعیین نحوه توارث اجزاء مقاومت در گندمهای حاصل از تلاقی دای آلی یکطرفه به منظور تعیین بهترین روش اصلاحی بوده است.

مواد و روشها

به منظور شناخت خصوصیات ژنتیکی و قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی ارقام مختلف گندم، سه رقم (عدل، فلات، M_{V3-1}) مقاوم به همراه دو رقم حساس (M_{V5-1} ، M_{V5-15}) به ویروس موزائیک رگه ای به روش دای آلی یکطرفه دو رگ گیری شدند (معصومی و همکاران ۱۳۷۸). بذور والدین و نتاج F_1 در گلدانهای حاوی مخلوط خاک، ماسه، خاک برگ و خاک پوسیده (به نسبت ۳:۳:۱) به صورت طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردیدند. پس از کامل شدن رشد برگ دوم، گیاهان بامخلوط عصاره گیاه آلوده (حاصل از نسبت ۱ به ۳ وزنی حجمی برگ گیاه آلوده و بافر فسفات پتاسیم ۰/۰۵ مولار) و پودر کاربوراتدوم به ویروس موزائیک رگه ای به صورت میکانیکی مایه زنی شدند. سپس گلدانها در محیط گلخانه با دمای متوسط ۲۰ درجه سانتیگراد نگهداری و پس از ظهور علائم ارزیابی تیپ آلودگی براساس مقیاس ۰-۷ معصومی و همکاران (۱۳۷۸) پس از ۴۰ روز از مایه زنی انجام گرفت. بر این اساس:

(۰) بدون علائم.

(۱) موزائیک و رگه های بسیار ضعیف.

(۲) موزائیک مشخص و رگه در طول برگ بدون لکه یا رگه سبز زرد و زرد.

(۳) موزائیک مشخص و رگه های سبز زرد و زرد در طول برگ.

(۴) موزائیک شدید، سبز زرد و زردی حدود ۵۰٪ از برگ.

(۵) موزائیک و رگه های سبز زرد و زردی حدود ۷۰٪ از برگ.

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

(۶) زرد شدن کامل برگ.

(۷) زردی کل برگ و نکره‌ها قسمتهایی از آن.

علاوه بر تیپ آلودگی (IT) صفت دوره کمون برحسب تعداد روز از زمان مایه زنی تا ظهور اولین رگه‌ها یادداشت برداری شد. یادداشت برداری دوره کمون تا ظهور رگه‌ها در تمامی گیاهان یک گلدان ادامه یافت. با توجه به قرائت تیپ آلودگی در دو نوبت، نوبت اول ۲۱ روز از مایه زنی و نوبت نهایی ۴۰ روز از مایه زنی AUDPC طبق فرمول زیر محاسبه گردید.

$$\text{AUDPC} = \sum_{i=1}^K \frac{1}{2} (x_{i+1} + x_i)(t_{i+1} - t_i)$$

در فرمول فوق K تعداد دفعات قرائت آلودگی، t زمان قرائت و X تیپ آلودگی می باشد.

همچنین میزان غلظت ویروس در بافت برگ همزمان با یادداشت برداری صفت تیپ آلودگی (IT) براساس روش DAS_Elisa انجام گرفت. داده‌های به دست آمده از والدین و F_1 ها با استفاده از مدل دو مدول یک گریفینگ و روش جینکز هیمن تجزیه گردید. در روش گریفینگ ترکیب پذیری عمومی و خصوصی، نسبت MS(GCA)/MS(SCA) و نسبت بیکر محاسبه گردید. در روش، هیمن جینکز، علاوه بر محاسبه آماره‌های ژنتیکی از روش گرافیکی برای تجزیه و تحلیل بهتر استفاده شد. برای تجزیه داده‌ها از نرم افزار D_2 استفاده گردید.

نتیجه و بحث

با توجه به اینکه میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات تیپ آلودگی (IT) و AUDPC در سطح ۱٪ و برای دو صفت دوره کمون و میزان غلظت ویروس براساس آزمون Elisa در سطح ۵٪ معنی دار می باشد، این امر حاکی از وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین ارقام و هیبریدهای گندم از نظر صفات مورد ارزیابی است. بنابراین می‌توان تغییرات ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌ها را به دو جزء واریانس افزایشی و غیر افزایشی تقسیم کرد. به عبارت دیگر اختلاف بین ژنوتیپ‌ها به علت اثر افزایشی و غیر افزایشی ژنهاست. همچنین معنی دار شدن تفاوت بین ارقام براساس آزمون دانکن بیانگر انجام آنالیز ژنتیکی و بررسی نحوه توارث برای ارقام مورد بررسی است. در جدول اوریانس ترکیب پذیری عمومی همه صفات مورد بررسی معنی دار شده است. ولی واریانس ترکیب پذیری

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

خصوصی معنی دار نشده است. که نشان دهنده وجود اثر افزایشی ژنهاست. معنی دار شدن نسبت $MS(GCA)/MS(SCA)$ و نزدیک بودن نسبت بیکر به یک مؤید این مطلب است و می توان نتیجه گرفت که اثر افزایشی نقش بیشتری در کنترل صفات فوق دارد که با نتایج هاکایزیمانان و همکاران (۲۰۰۴) در تضاد است. و علت آن را می توان به شرایط محیطی و ژنوتیپ های مورد بررسی نسبت داد اما با نتایج کیسار و همکاران (۱۹۸۲) مطابقت دارد. با توجه به جدول ۲ ترکیب پذیری عمومی M_{V5-15} برای صفات تیپ آلودگی، AUDPC و میزان غلظت ویروس در جهت مثبت معنی دار شده است و برای صفت دوره کمون در جهت منفی معنی دار است و ترکیب پذیری عمومی والدین M_{V3-1} ، عدل برای صفات تیپ آلودگی، AUDPC و میزان غلظت ویروس در جهت منفی معنی دار و برای صفت دوره کمون در جهت مثبت معنی دار است. بنابراین از والدین فوق که در جهت کاهش تیپ آلودگی، AUDPC و میزان غلظت ویروس و افزایش دوره کمون (افزایش مقاومت) دارای ترکیب پذیری عمومی بالایی هستند می توان در تلاقی های مورد نظر استفاده نمود. در ضمن هیبرید فلات $M_{V3-1} \times$ برای سه صفت تیپ آلودگی، دوره کمون، AUDPC و هیبرید $M_{V5-1} \times$ فلات برای صفت میزان غلظت ویروس بهترین می باشد. چون دارای بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی در جهت افزایش مقاومت می باشند. در جدول ۳ آماره های W_r+V_r و W_r-V_r برای تمام صفات مورد مطالعه معنی دار گردیدند. معنی دار شدن آماره W_r+V_r به منزله وجود اثر غالبیت می باشد و معنی دار شدن آماره W_r-V_r به منزله وجود اثر غیر آلی (اپیستازی) است. ماتر و جینکز بیان داشتند که تنها زمانی که توزیع ژنها در والدین مستقل باشند، چنین آزمونی (W_r-V_r) می تواند بیانگر وجود یا عدم وجود اثرات اپیستازی باشد. عدم تطابق نتایج هیمن جینکز با نتایج گریفینگ را می توان به وجود اثرات اپیستازی نسبت داد. در روش جینکز و هیمن، رگرسیون واریانس ردیف ها (W_r) روی واریانس ردیف ها (V_r) تولید یک خط مستقیم می نماید که شیب آن معادل یک است اما اگر اثر غیر آلی وجود داشته باشد، شیب خط رگرسیون فوق با شیب واحد، اختلاف معنی دار خواهد داشت. در مورد تمام صفات مورد بحث، شیب خط رگرسیون (B) با شیب واحد اختلاف معنی داری نداشت، پس می توان گفت که در مورد این صفات اثر غیر آلی وجود ندارد. بین نتایج حاصل از آماره W_r-V_r و انحراف شیب خط رگرسیون از یک (B) برای تمام صفات هماهنگی وجود ندارد. ماتر و جینکز بیان کردند که عدم هماهنگی بین این نتایج، نشان می دهد که احتمالاً مناسب بودن مدل ژنتیکی در نظر گرفته شده، مورد شک و تردید است مقدار جزء افزایشی (D)، نسبت به اجزاء غالبیت (H_2, H_1) ، برای تمام صفات بیشتر بوده است که این با نتیجه حاصل از روش گریفینگ هماهنگی دارد. مقدار درجه

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

غالبيت $(H_1/D)^{1/2}$ برای تیپ آلودگی و AUDPC کمتر از یک و برای دوره کمون و میزان غلظت ویروس بزرگتر از یک به دست آمد، کوچکتر بودن این مقدار از یک نشان دهنده غالبیت نسبی و بزرگتر بودن آن از یک، نشان دهنده فوق غالبیت و مساوی بودن آن با یک بیانگر غالبیت کامل است. بنابراین نتیجه می گیریم که در کنترل صفات، غالبیت نسبی فوق غالبیت نقش دارد. با توجه به توضیحات بالا می توان گفت که مدل افزایشی _ غالبیت احتمالاً مناسب می باشد. میانگین حاصلضرب فراوانی آل های غالب و مغلوب در والدها (UV)، در صورتی که فراوانی آللهای غالب و مغلوب مساوی ۰/۵ باشد، حداکثر می تواند ۰/۲۵ گردد. مقدار UV برای تمام صفات کمتر از ۰/۲۵ برآورد گردید بنابراین می توان نتیجه گرفت که فراوانی آللهای غالب و مغلوب مساوی نیستند. تفاوت بین اجزاء غالبیت (H_1-H_2) عددی مثبت است که بیانگر عدم برابری آللهای غالب و مغلوب کنترل کننده صفت در کلیه لکوس ها می باشد. برای دانستن اینکه فراوانی آللهای غالب بیشتر است یا مغلوب، از علامت F استفاده می شود. چنانچه F منفی باشد فراوانی آللهای مغلوب بیشتر از فراوانی آللهای غالب خواهد بود. مقدار F برای صفت دوره کمون منفی است بنابراین، در این صفت فراوانی آللهای مغلوب بیشتر از غالب است. و برای سایر صفات F مثبت است که نشان دهنده فراوانی آللهای غالب نسبت به مغلوب است. نتایج نسبت آللهای غالب به مغلوب نیز مؤید این مطلب است که نشانگر اهمیت اثر غالبیت نسبت به مغلوبیت برای صفات تیپ آلودگی، AUDPC، میزان غلظت ویروس است ضریب همبستگی بین میانگین والد مشترک هر ردیف با $Wr+Vr$ برای تمام صفات نسبت به صفر معنی دار بود. بنابراین می توان گفت که توزیع آللهای غالب به مغلوب با فنوتیپ والد مشترک همبستگی دارد. مثبت بودن این ضریب برای صفات تیپ آلودگی و AUDPC نشان می دهد که افزایش صفت با آللهای مغلوب و کاهش آن با آللهای غالب کنترل می شود و بدین معنی است که والدین با میانگین فنوتیپی کمتر بر والدین با میانگین فنوتیپی بیشتر غالبیت دارند. همبستگی بین میانگین والد مشترک هر ردیف با $(Wr+Vr)$ کمیت غالبیت برای صفات دوره کمون و میزان غلظت ویروس منفی بوده و نشان دهنده این است که افزایش صفت با آللهای غالب و کاهش آن با آللهای مغلوب کنترل می شود منفی بودن این ضریب دلیل بر غالبیت والدین با میانگین فنوتیپی بیشتر بر والدین با میانگین فنوتیپی کمتر است. h^2 ، مجموع انحرافات غالبیت روی تمام مکانهای ژنی بیانگر اثر غالبیت در تمام مکانهای ژنی است علامت مثبت این پارامتر مبین اثر افزایشی آللهای غالب است. کمیت r^2 نیز والدهای کاملاً غالب و مغلوب را تخمین می زند. بیشترین وراثت پذیری عمومی مربوط به AUDPC و بیشترین وراثت پذیری خصوصی مربوط به صفت دوره کمون (Lp) می باشد. در بررسی

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

گرافیکی نتایج دی آل، اگر خط رگرسیون محور Wr را در بالای مبدأ قطع کند بیانگر غالبیت نسبی است قطع محور فوق توسط خط رگرسیون در زیر مبدأ بیانگر فوق غالبیت است و اگر خط رگرسیون محور Wr را در مبدأ قطع نماید بیانگر غالبیت کامل است. در ضمن از توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون می‌توان نسبت فراوانی ژنهای غالب و مغلوب را در آنها مورد مقایسه قرار داد. به این ترتیب که نقاط واقع در بالای خط رگرسیون دارای درصد بیشتری از ژنهای مغلوب می‌باشند و هرچه این نقاط به پایین خط رگرسیون نزدیکتر می‌شوند از تعداد ژنهای مغلوب کاسته شده و به تعداد ژنهای غالب اضافه می‌شود بنابراین با توجه به شکل ۱ می‌توان نتیجه گرفت که برای صفات تیپ آلودگی و میزان غلظت ویروس براساس الیزا فوق غالبیت و برای صفات AUDPC و دوره کمون غالبیت نسبی وجود دارد. و با توجه به پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون والدین M_{13-1} و عدل بیشترین ژنهای غالب و والد M_{15-7} بیشترین ژنهای مغلوب را دارا هستند. و بقیه والدها در حد واسط می‌باشند تنوع ژنتیکی والدین در اطراف خط رگرسیونی بیانگر برگشت غالبیت می‌باشد که دلیل آن را می‌توان به تغییر سویه ویروس نسبت داد. ضرایب همبستگی اجزای مقاومت در جدول ۶ آمده است همبستگی طول دوره کمون با تیپ آلودگی در سطح احتمال یک درصد معنی دار و منفی است. از رابطه دوره کمون و تیپ آلودگی نتیجه گیری می‌شود که با افزایش دوره کمون تیپ آلودگی کاهش یافته و باعث مقاومت می‌شود بین مقدار غلظت ویروس و سایر صفات به ویژه تیپ آلودگی همبستگی معنی داری دیده نشد که دلیل آن افت غلظت ویروس به دلیل شرایط محیطی قبل از ظهور تیپ آلودگی بالا در گیاه می‌باشد. همبستگی تیپ آلودگی یا AUDPC نیز در سطح یک درصد مثبت و معنی دار است و نشان می‌دهد که این صفات در جهت هم افزایش پیدا کرده اند و با افزایش این صفات مقاومت کاهش یافته است.

جدول (۱): میانگین مربعات قدرت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی برای صفات مختلف در مرحله گیاهچه

منابع تغییر	df	IT	Lp	AUDPC	Elisa
GCA	۴	۰/۳۰۵**	۱/۳۰۶**	۱۲۰/۲۶۶**	۰/۰۰۷*
SCA	۱۰	۰/۰۹۵	۰/۲۴۴	۲۵/۰۶۶	۰/۰۰۴



ششمین همایش ملی ایده های نو در کشاورزی



همایش ملی
ایده های نو در کشاورزی

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

خطا	۲۸	۰/۰۵۲	۰/۲۰۵	۱۲/۱۱۷	۰/۰۰۲
GCA/SCA		۳/۲۱**	۵/۳۵**	۴/۷۹**	۱/۷۵ ⁺
نسبت بیکر		۰/۸۶۵	۰/۹۱۴	۰/۹۰۵	۰/۷۷۷

* معنی دار در سطح ۵ درصد

+ معنی دار در سطح ۱۰ درصد

** معنی دار در سطح یک درصد

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خواراسگان دانشکده کشاورزی

جدول (2): برآورد قدرت ترکیب پذیری عمومی (قطر اصلی) و خصوصی (خارج قطر) برای اجزاء مقاومت

IT	M _{۷۵-۱}	فلات	عدل	M _{۷۳-۱}	M _{۷۵-۱۵}
M _{۷۵-۱}	۰/۱۳۹ ⁺	۰/۰۱۷	-۰/۳۶۵ [*]	۰/۰۲۱	۰/۱۴۲
فلات		-۰/۱۳۵ ⁺	۰/۲۹۷ ⁺	-۰/۱۰۶	-۰/۵۴۳ ^{**}
عدل			-۰/۱۳۵ ⁺	۰/۲۷۳ ⁺	-۰/۱۳۸
M _{۷۳-۱}	SE(GCA)=۰/۰۷۷			-۰/۱۶۸ [*]	-۰/۰۹۸
M _{۷۵-۱۵}	SE(GCA)=۰/۱۵۷				۰/۳ ^{**}
Lp	M _{۷۵-۱}	فلات	عدل	M _{۷۳-۱}	M _{۷۵-۱۵}
M _{۷۵-۱}	-۰/۲۳۱	-۰/۰۵۴	-۰/۱۶	-۰/۱۹۵	-۰/۶۹۱ [*]
فلات		۰/۴۱۲ [*]	-۰/۲۰۷	-۰/۰۴۳	+۰/۹۰۸ ^{**}
عدل			۰/۲۶۹ ⁺	-۰/۲۳۶	+۰/۵۲۸
M _{۷۳-۱}	SE(GCA)=۰/۱۵۳			۰/۵۸۹ ^{**}	-۰/۳۰۳
M _{۷۵-۱۵}	SE(GCA)=۰/۳۱۲				-۰/۳۲۳ ^{**}
AuPDC	M _{۷۵-۱}	فلات	عدل	M _{۷۳-۱}	M _{۷۵-۱۵}
M _{۷۵-۱}	۳/۵۳۱ ^{**}	-۰/۴۵۴ ^{**}	-۵/۶۲۸ [*]	-۰/۶۶ [*]	۳/۸۵۹
فلات		۰/۶۸۳ ^{**}	-۱/۰۰۴ ^{**}	۰/۶۱ [*]	-۴/۲۸۹ [*]
عدل			-۵/۷۵۲ ^{**}	۳/۰۵۹	-۴/۳۷۱ [*]
M _{۷۳-۱}	SE(GCA)=۱/۱۷۷			-۲/۵۱ [*]	-۵/۱۰۲ [*]
M _{۷۵-۱۵}	SE(GCA)=۲/۴۰۲				۴/۰۴۹ ^{**}
Elisa	M _{۷۵-۱}	فلات	عدل	M _{۷۳-۱}	M _{۷۵-۱۵}
M _{۷۵-۱}	۰/۰۱۲	-۰/۱۰۵ ^{**}	۰/۰۱۱	-۰/۰۲۲	۰/۰۴۱
فلات		-۰/۰۱۴	-۰/۰۸۱ [*]	-۰/۰۰۲	۰/۰۱۶
عدل			-۰/۰۱۷	۰/۰۱۹	۰/۰۱۷
M _{۷۳-۱}	SE(GCA)=۰/۰۱۶			-۰/۰۰۳ [*]	-۰/۰۷۸ [*]
M _{۷۵-۱۵}	SE(GCA)=۰/۰۳۲				۰/۰۵ ^{**}

+ معنی دار در سطح احتمال ده درصد

* معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد
** معنی دار در سطح احتمال یک درصد

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

جدول (۳): اجزاء ژنتیکی هیمن جینکز ، تجزیه دی آلل برای صفات مختلف در مرحله گیاهچه

پارامتر	IT	Lp	AUDPC	Elisa
Wr-Vr	-۰/۰۱۱	-۰/۵۹۲	۲۸/۹۰۹	-۰/۰۱۳
Wr+Vr	۱/۰۳۴	۳/۶۲	۳۴۳/۱۹۹	+۰/۰۲۸
DISED	$۰/۳۱۴ \pm ۳/۶۹ \times ۱۰^{-۲}$	$۰/۳۷۱ \pm ۰/۱۷۶$	$۹۳/۶۹۲ \pm ۴/۰۸$	$۵/۴۹ \times ۱۰^{-۲} \pm ۱/۸۹ \times ۱۰^{-۲}$
F \pm SEF	$۰/۲۷ \pm ۹/۲۲ \times ۱۰^{-۲}$	$-۰/۲۸۳ \pm ۰/۴۴۱$	$۵۰/۱۰۶ \pm ۱۰/۲$	$۶/۸۵ \times ۱۰^{-۲} \pm ۴/۷۴ \times ۱۰^{-۲}$
H ₁ \pm SEH ₁	$۰/۲۲۱ \pm ۶/۹۶ \times ۱۰^{-۲}$	$۰/۴۶۷ \pm ۰/۴۷۷$	$۴۷/۴۳۴ \pm ۱۱/۰۳$	$۱/۲ \times ۱۰^{-۲} \pm ۵/۱۲ \times ۱۰^{-۲}$
H ₂ \pm SEH ₂	$۰/۱۷۳ \pm ۹/۰۴ \times ۱۰^{-۲}$	$۰/۳۳۷ \pm ۰/۴۳۲$	$۳۸/۹۴۶ \pm ۱۰/۰۱$	$۷/۵۲ \times ۱۰^{-۲} \pm ۴/۶۵ \times ۱۰^{-۲}$
h ₂	$۰/۱ \pm ۶/۰۱ \times ۱۰^{-۲}$	$-۰/۱۰۳ \pm ۰/۲۹۲$	$۹۹/۲۲۰ \pm ۶/۷۵$	$۱/۲۷ \times ۱۰^{-۲} \pm ۳/۱۴ \times ۱۰^{-۲}$
E	$۶/۳۶ \pm ۱/۵ \times ۱۰^{-۲}$	$۰/۲۳۵ \pm ۷/۲۱ \times ۱۰^{-۲}$	$۱۴/۴۵۶ \pm ۱/۶۶$	$۲/۴۴ \times ۱۰^{-۲} \pm ۷/۷۵ \times ۱۰^{-۲}$
(H ₁ /D) ^{0.5}	۰/۸۳	۱/۱۲۲	۰/۷۱۱	۱/۴۸۱
UV(H ² /4H ₁)	۰/۱۹۶	۰/۱۸۰	۰/۲۰۵	۰/۱۵۶
h _n ²	۰/۲۹۹	۰/۵۵۰	۰/۵۱۸	۰/۲۶
h _b ²	۰/۵۸۲	۰/۶۶۸	۰/۷۱۲	۰/۵۸
نسبت آلهای غالب	3/11	۰/۴۹۱	۲/۲۰۴	۲/۴۵۴
r	۰/۹۲۴	-۰/۶۳۱	۰/۹۷۷	-۰/۲۳۶
r ²	۰/۸۵۴	۰/۳۹۸	۰/۹۵۶	$۵/۹۷ \times ۱۰^{-۲}$
b	$۱/۰۷۴ \pm ۰/۲۵۸$	$۰/۴۹۳ \pm ۰/۱۹۷$	$۱/۱ \pm ۸/۸۴ \times ۱۰^{-۲}$	$۰/۸۰۸ \pm ۰/۶۸۹$
VA	۰/۰۶	۰/۳	۲۷/۲	۰/۰۲۵
VD	۰/۰۴	۰/۰۴	۱۲/۹۵	۰/۰۳۱

جدول (۴): ضرایب همبستگی فنوتیپی اجزاء مقاومت برای ژنوتیپ ها

	AUPDC	LP	Elisa
IT	۰/۷۹۶**	-۰/۶۶۶**	۰/۵۲۳
AUDPC		-۰/۴۹۸	۰/۳۲۴
LP			-۰/۳۲۴



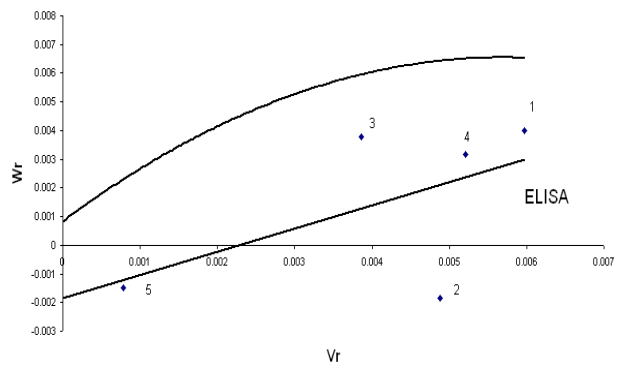
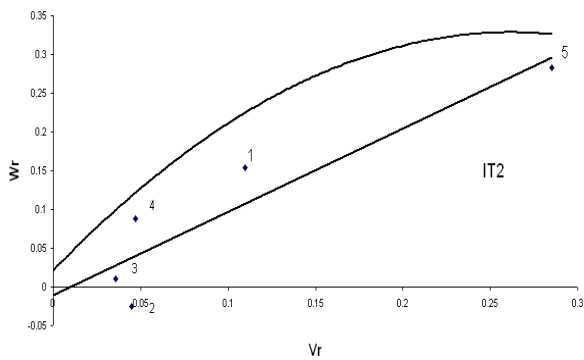
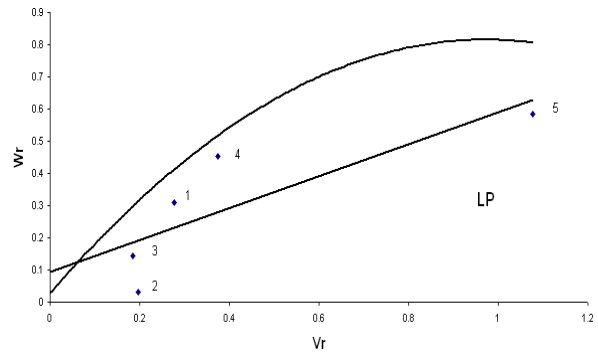
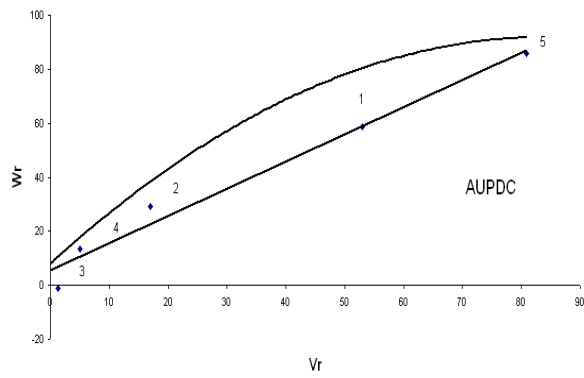
ششمین همایش ملی ایده‌های نو در کشاورزی



همایش ملی
ایده‌های نو در کشاورزی

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی



M75-1 - ۱

۲- فلات

۳- عدل

M75-15 - ۵

M73-1 - ۴

شکل ۱- منحنی سهمی محدود کننده و خط رگرسیون Wr/Vr و نقاط مربوط به والدین



منابع

1. معصومی، م. کامران، ر. شیروانی، ع. ب. و ایزدپناه، ک. ۱۳۷۸. واکنش ژنوتیپ های گندم به ویروس موزائیک گندم در ایران. مجله بیماریهای گیاهی ۱۸: ۳۵-۹.
2. Cisar, C., C.M.Broun, and H.Jedlinski. 1982. Diallel analysis for tolerance in winter wheat to the barley yellow dwarf virus. *Cropsic*.22:323-333.
3. Hakizimana, F. 2004. Diallel analysis of wheat streak mosaic virus tolerance in winter wheat crop sci. 44:82-92.
4. Jinks and Hayman, 1953. The analysis of diallel crosses. *Maize gen. Coop nerslet*. 27: 48-54.
5. Mather, K. and J. Jinks. 1982. *Biometrical genetic the study of continuous variation*. Chopman and Hall. London.



Estimation of general and specific combining ability of Wheat Resistance to Wheat Streak Mosaic Virus

A. EFTEKHARI

Instructor of payamnoor university
a.alieftekhari@gmail.com

Abstract

In order to evaluate the genetic resistance in response with Wheat Streak Mosaic Virus and general and specific combining abilities in wheat a half diallel was made among five genotypes. Parents and ten hybrids planted in a randomized complete block design and Infection type, latent period, Area under the disease progress curve (AUDPC) and the content of virus in plant tissue according to Elisa was determined with Wheat Streak Mosaic Virus in greenhouse. Analysis of variance showed significant differences between genotypes, indicating the presence of additive and non-additive effects of genes for all characters. Combining ability analysis showed significant, MS_{gca} , MS_{sca} ratio for all characters indicating additive variance to be more important than non-additive variance. The diallel analysis as described by Hayman and Jinks showed that probably additive-dominance model can be appropriate and results showed the presence of partial dominance. Broad and narrow sense heritability estimates ranged from 26% to 71%. Genotype M73-1 had the most GCA among other parents for resistance increase. The results of experiment further showed dominant effects for most alleles. Significant correlation was observed among the most trait.

Key words: wheat streak mosaic virus, wheat, combining ability, inheritance of resistance.