برآورد همبستگی ژنتیکی، وراثت‌پذیری و گروه‌بندی لاین‌های جو هاپلوئید مضاعف بر اساس شاخص‌های مرتبط با جوانه‌زنی در شرایط تنش شوری

محمدعلی ابراهیمی[۱،*]، رحیم محمدیان[۲] و معروف خلیلی[۳]

۱- دانشیار، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران

۲- دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران

۳- استادیار، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹٤/۰۸/۱٦ – تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۱/۲۸)

چکیده

به منظور ارزیابی روابط بین صفات و گروه‌بندی لاین‌های جو بر اساس شاخص‌های مرتبط با جوانه‌زنی در شرایط تنش شوری، ۷۲ لاین حاصل از تلاقی استپتو و مورکس در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با دو تکرار، در سه سطح تنش شوری شامل وضعیت نرمال و دو سطح شوری (۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار NaCl) مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین کلیه ژنوتیپ‌ها در تمام صفات مورد بررسی وجود دارد. بررسی همبستگی ژنتیکی در میانگین سه محیط نشان داد که بین صفت میانگین جوانه‌زنی روزانه و درصد جوانه‌زنی نهایی همبستگی بالا و معنی‌داری (r=۰/۸۵**) وجود دارد. در این تحقیق، بیشترین مقدار تنوع فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی و پیشرفت ژنتیکی برای درصد جوانه‌زنی نهایی برآورد شد. پیشرفت ژنتیکی در جهت مثبت و منفی، نشان داد که آلل‌های کاهنده و افزایش‌دهنده در بین والدین وجود دارد. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها، منجر به ایجاد سه کلاستر گردید که ژنوتیپ‌های کلاستر سوم از نظر صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی، شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه دارای ویژگی‌های برتری بودند ولی از سرعت جوانه‌زنی کمتری برخوردار بودند. بنابراین از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در امر اصلاح برای درصد جوانه‌زنی بالا استفاده کرد. با استفاده از تجزیه به مؤلفه اصلی، پنج صفت مورد مطالعه در قالب دو متغیر جدید در مجموع ۹۹/۰٦۱ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. نتایج تجزیه بای‌پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های گروه اول دارای درصد شاخص جوانه‌زنی و ضریب شاخص جوانه‌زنی بالایی هستند.

واژگان کلیدی: تجزیه بای‌پلات، تجزیه خوشه‌ای، جو، جوانه‌زنی، همبستگی ژنتیکی

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: ma_ebrahimi@pnu.ac.ir

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

مقدمه

با افزایش تقاضای جمعیت جهان برای تولیدات گیاهی از جمله غلات همراه با زمین‌های قابل کشت به واسطه محدودیت منابع آب و خاک و تنش‌های غیر زنده از جمله شوری، نیاز به راه حل‌های فنی و زیستی برای فائق آمدن بر عوامل محدود کننده تولید محصولات گیاهی نظیر شوری، بیش از پیش روشن می‌شود. بنابراین به‌نژادگران باید همواره در اندیشه ایجاد ارقامی با پتانسیل بالا و متحمل به تنش شوری باشند. شوری به عنوان یکی از شدیدترین تنش‌ها در میان تنش‌های غیر زنده در نظر گرفته می‌شود (Tuteja, 2007). شوری خاک و آب آبیاری، از مهم‌ترین عوامل محدود کنندهٔ افزایش تولیدات کشاورزی می‌باشند. مناطق وسیعی از سطح زمین به دلیل تحمل کم گیاهان زراعی به تنش شوری و نبود اطلاعات کافی در مورد ساز و کارهای تحمل به این تنش (در زمینهٔ گزینش مؤثر ارقام متحمل)، عملاً برای کشاورزی کاربرد ندارند. تخمین زده می‌شود که ۷٪ از خشکی‌های جهان و ۲۰٪ از مناطق زیر کشت جهان و حدود نیمی از زمین‌های آبیاری شده تحت تأثیر تنش شوری قرار دارند که این سطوح همچنان در حال افزایش است. وسعت اراضی شور ایران بر اساس آمار منابع مختلف بین ۲۴-۲۳ میلیون هکتار برآورد شده است. به طوری که آمار فائو در سال ۲۰۱۰ حاکی از این است که ۲۵/۵ میلیون هکتار از اراضی ایران شور و ۸/۵ میلیون هکتار بسیار شور هستند (Farhoudi, 2013).

جوانه‌زنی یکی از بحرانی‌ترین مراحل رشد گیاه در شرایط تنش شوری می‌باشد. عدم جوانه‌زنی گیاهان در خاک‌های شور، اغلب در اثر تجمع زیاد نمک در ناحیه کاشت بذر، به دلیل حرکت رو به بالای محلول خاک و متعاقب آن، وقوع تجمع نمک در سطح خاک می‌باشد که این نمک‌ها از جوانه‌زنی و استقرار گیاه ممانعت می‌نمایند (Bernestin, 1974). بررسی و بازبینی مراحل جوانه‌زنی و گیاهچه برای مشخص کردن تحمل گیاهان به شوری مؤثر و کاربردی‌تر بوده و مرحله مناسبی برای شناسایی گیاهان متحمل به شوری است (Blum, 1988; Greenway *et al.*, 1980). در بین غلات، گیاه جو در مرحله‌ی جوانه‌زنی و حالت گیاهچه‌ای، مقاوم‌ترین گیاه زراعی نسبت به تنش شوری است (Sarmadnia and Koocheki, 1989)، به همین دلیل همیشه در احیای زمین‌های بایر و شوره‌زار از جو استفاده می‌شود و کشت آن را به مناطق کم باران و خاک‌های که برای رشد و نمو گندم مساعد نیستند، اختصاص می‌دهند. همچنین جو یکی از غلات مهم و اساسی در تهیه غذای انسان و دام به حساب می‌آید. جو از غلات سردسیری و یکی از قدیمی‌ترین گیاهان است و به علت تحمل در مقابل ناسازگاری‌های محیطی و نیز به سبب نیاز کم به رطوبت، تحمل به شوری و تطابق با مناطق آب و هوایی مختلف، دوره رشد سریع و فصل رشد کوتاه، می‌تواند گیاه مناسبی جهت تولید در شرایط نامساعدتر نسبت به سایر غلات باشد (Matus and Hayes, 2002).

با توجه به کوشش‌های انجام شده در جهت اصلاح گیاهان زراعی متحمل به شوری، موفقیت‌هایی در جهت اصلاح گیاهان کسب شده است، هر چند این موفقیت‌ها در مقابل سرعت روز افزون شور شدن اراضی کشاورزی دنیا بسیار اندک است. اصلاح به روش‌های معمول به دلیل زمان‌بر و هزینه‌بر بودن، انتقال ژن‌های نامطلوب همراه با ژن‌های مطلوب و پیچیدگی مقاومت به شوری موفقیت‌های کمی را داشته است (Kafi *et al.*, 2010). با توجه به نظر هال (Hall, 2001) قبل از اقدام به اصلاح گیاهان نیاز است تیپ ایده‌آل برای هر منطقه تعریف و انتخاب بر اساس آنها انجام شود. به منظور غربال کردن ژنوتیپ‌ها تحت تنش شوری نیاز است ژنوتیپ‌های مورد بررسی از تنوع بالایی برخوردار باشند. برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی، نقش بسیار مهمی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی دارد که از طریق صفات مورفولوژیکی، میسر می‌شود (Romesburg, 1984). مطالعه تنوع ژنتیکی فرآیندی است که تفاوت یا شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها و یا افراد را با استفاده از

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

روش‌ها و مدل‌های آماری خاص بر اساس صفات مورفولوژیک، اطلاعات شجره‌ای یا خصوصیات مولکولی افراد بیان می‌کند (Mohammadi and Prasanna, 2003). تنوع ژنتیکی اساس بیشتر برنامه‌های به‌نژادی بوده و انجام گزینش منوط به وجود تنوع ژنتیکی مطلوب از نظر ویژگی‌های مورد بررسی است (Ashrafi Parchin, 2011).

تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی با گذشت زمان کاهش یافته است که دلیل این کاهش اهلی کردن گیاهان است. در اثر این کاهش، تنوع ژنتیکی ژن‌های مفید از دست رفته و به دنبال آن محصول در معرض تهدید روز افزون شرایط محیطی نامناسب و تنش‌های زیستی و غیر زیستی قرار گرفته است (Gepts, 2006). بنابراین امروزه آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به عنوان اجزاء مهم پروژه‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود. تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه به‌نژادی بوده و انجام انتخاب منوط به وجود تنوع مطلوب با توجه به هدف مورد بررسی است (Aghaee Sarbarze and Amini, 2011). امروزه در راستای بررسی تنوع ژنتیکی، روش‌های آماری چند متغیره از مهم‌ترین راهکارها برای مطالعه و دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها می‌باشند (Ajmal *et al*., 2013). هدف کلی از تجزیه چند متغیره، در نظر گرفتن هم‌زمان چندین متغیر است که با یکدیگر در ارتباط بوده و هر یک از آن‌ها در ابتدای تجزیه داده‌ها از نظر محقق دارای اهمیت یکسان می‌باشند (Johnson and Wichern, 2007). وجود همبستگی بالا بین صفات می تواند ما را در رسیدن به این هدف یاری کند اما نمی‌تواند دلیل وجود این روابط را توضیح دهد. همچنین از آنجایی که بین صفات مرتبط با عملکرد همبستگی‌های منفی وجود دارد و با توجه به ارتباط پیچیده صفات با همدیگر، قضاوت نهایی نمی‌تواند فقط بر مبنای ضرایب همبستگی ساده انجام گیرد و لازم است از روش‌های آماری چند متغیره جهت درک عمیق‌تر روابط بین صفات بهره برد (Cooper, 1983). یکی از روش‌های پیشرفته آماری که در بررسی ارتباط بین متغیرها در بسیاری از علوم کاربرد فراوانی پیدا کرده است، تحلیل عاملی (تجزیه به عامل‌ها) است. در تحلیل عاملی هدف یافتن عوامل پنهانی است که باعث ایجاد همبستگی‌های خاصی بین متغیرهای اندازه‌گیری شده می‌شوند (Johnson and Wichern, 2007).

هوشمند و همکاران (Houshmand *et al*., 2005) گزارش نمودند، اصلاح نباتات راه حل مناسبی برای کاهش اثر تنش شوری می‌باشد، زیرا می‌توان از طریق اصلاح ارقامی که قادر به رشد و تولید اقتصادی در شرایط شوری متوسط هستند بر اثرات سوء تنش شوری فائق آیند. کاهش در صفات مختلف مرتبط با رشد رویشی و زایشی در شرایط تنش شوری و اثر مخرب آن بر رشد گیاه توسط محققان زیادی مورد تأکید قرار گرفته است (Munns *et al*., 2006). جهت کسب موفقیت در این زمینه و دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوب، باید والدین تلاقی از ژنوتیپ‌های انتخاب شوند که دارای حداکثر فاصله ژنتیکی و کمترین میزان تشابه، باشند. تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی افراد یا ژنوتیپ‌ها بکار می‌رود. زمانی که بررسی تنوع ژنتیکی افراد از اهداف تحقیق باشد، محقق می‌تواند از تجزیه خوشه‌ای یا کلاستر به منظور گروه‌بندی افراد استفاده نماید (Morphy *et al*., 1992). نقوی و همکاران (Naghavi *et al*., 2003) در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰۸ ژنوتیپ گندم صفات مختلفی را مورد ارزیابی قرار دادند و بیان کردند ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر اکثر صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری با یکدیگر دارند. فراهانی و ارزانی (Farahani and Arzani, 2009) بیان کردند که تجزیه خوشه‌ای، یکی از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره است که جهت بررسی رابطه خویشاوندی گونه‌های گیاهی استفاده می‌شود. این روش برای گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه یک گیاه از نظر ژنتیکی و جغرافیایی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید است. شوشی دزفولی و همکاران (Shoushi Dezfuli *et al*., 2016) بیان کردند که تنوع بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و شاخص‌ها وجود دارد که

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

پاسخ بالایی برای تحمل به شوری در بین تمام ژنوتیپ‌ها وجود دارد. همچنین این محققان بیان کردند که مطالعه ضریب همبستگی بین صفات مختلف به اصلاح کنندگان کمک می‌کند که برای تعیین و اهمیت و ارزش صفات به عنوان معیارهای انتخاب بهره بگیرند.

هدف از انجام این پژوهش ارزیابی روابط بین صفات و گروه‌بندی لاین‌های جو بر اساس شاخص های مرتبط با جوانه‌زنی در شرایط تنش شوری بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از بذور ۷۲ لاین جو هاپلوئید مضاعف (*Hordeum vulgare* L., 2n=2x=14) که از تلاقی رقم Steptoe با رقم Morex به وسیله برنامه اصلاح جو دانشگاه ایالت اورگون (OSUBBP[1]) توسط هیاس و همکاران (Hayes *et al.*, 1993) برای پروژه تعیین نقشه ژنوم جو آمریکای شمالی (NABGMP) بدست آمده به همراه والدین استفاده شد. بذور لاین‌های هاپلوئید مضاعف مورد استفاده به همراه والدین آنها از دانشگاه تهران (توسط دکتر علی پیغمبری) دریافت گردید. این پژوهش در سال ۱۳۹٤ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در آزمایشگاه دانشگاه مهاباد انجام گردید. لازم به ذکر است که هر پتری‌دیش حاوی ۲۵ عدد بذر به عنوان یک تکرار، برای هر تیمار یا ژنوتیپ در نظر گرفته شد. برای اعمال تنش شوری از نمک کلریدسدیم با سطوح شوری به شرح زیر استفاده گردید: ۱- S_0 بدون شوری (تیمار شاهد)؛ ۲- S_1 با شوری ۱۰۰ میلی‌مولار NaCl که EC آن به ۱۳/۵ دسی‌زیمنس بر متر رسانده شد؛ ۳- S_2 با شوری ۲۰۰ میلی مولار NaCl که EC آن به ۲۷ دسی‌زیمنس بر متر رسانده شد.

ابتدا بذور ۷۲ ژنوتیپ جو هاپلوئید مضاعف همراه با والدین (Steptoe و Morex) با دقت ضدعفونی شدند، برای این منظور، ابتدا بذرها به مدت ۱۰ ثانیه در محلول هیپوکلریت سدیم ۵ درصد، قرار گرفتند و پس از آن چندین بار با آب مقطر استریل شست‌وشوی داده شدند.

1- Oregon State University Barley Breeding Program

آنگاه بذور به پتری‌دیش‌های از قبل استریل شده‌ای که در کف آنها یک عدد کاغذ صافی واتمن قرار گرفته بود، منتقل گردیدند. تعداد بذر در هر پتری‌دیش ۲۵ عدد در نظر گرفته شد. سپس به هر پتری‌دیش ٤ میلی لیتر آب مقطر با محلول‌های کلرور سدیم (سنجیده شده با EC متر از نوع جن وی[2] مدل ٤٥١٠) مشخص افزوده شد. پتری‌دیش‌ها در طول اجرای آزمایش در داخل ژرمیناتور (مدل X680، شرکت فاتر) و در دمای ۲۰-۱۹ درجه سانتی‌گراد، رطوبت ۸۰-۷۵ درصد و تاریکی مطلق نگهداری شدند. هر روز بذور را از نظر جوانه‌زنی، سایر شاخص‌های جوانه‌زنی و صفات مربوطه و نیاز به افزودن محلول مورد بررسی قرار گرفت و بعد از هفت روز درصد جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی و... اندازه‌گیری شدند. شمارش بذور جوانه‌زده از روزهای دوم تا هفتم صورت گرفت. براساس داده‌های به دست آمده از این شمارش‌ها، ضریب تغییرات جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی، شاخص میزان جوانه‌زنی، میانگین سرعت جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه محاسبه شد. در این تحقیق بذری جوانه‌زده محسوب گردید که طول ریشه‌چه آن به اندازه قطر بذر (تقریباً ۲ میلی‌متر) ظاهر شده بود. صفات مورد اندازه‌گیری مرتبط با شاخص‌های جوانه‌زنی در این تحقیق عبارتند بودند از: ضریب تغییرات جوانه‌زنی، شاخص میزان جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی، میانگین زمان جوانه‌زنی و میانگین سرعت جوانه‌زنی که بر اساس روش‌های Al-mudaris (1998) و De and Kar (1994) اندازه‌گیری شدند و محاسبه آنها از روابط ذیل برآورد گردید:

ضریب تغییرات جوانه‌زنی $CVG = 100 \times \frac{\sum N_I}{\sum N_i T_i}$

شاخص میزان جوانه‌زنی $RGI=\frac{G_1}{1}+\frac{G_2}{2}+\cdots+\frac{G_i}{i}$

درصد جوانه‌زنی نهایی $FGP=\frac{N_g}{N_t}\times 100$

میانگین جوانه‌زنی روزانه $MDG=\sum(\frac{N_t}{\sum N})$

میانگین سرعت جوانه‌زنی $MSG=\sum_t^n T=\frac{N}{T}$

2- Jenway

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

که در این فرمول‌ها Ti و Ni به ترتیب تعداد بذرهای جوانه زده در هر روز و تعداد روز از شروع آزمایش؛ Gi: درصد جوانه زنی در روز درصد جوانه زنی در روز i ام؛ Ng و Nt : به ترتیب تعداد کل بذر های جوانه زده و تعداد کل بذرهای مورد ارزیابی می‌باشد.

در این بررسی آماره‌های میانگین، دامنه تغییرات، ضریب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت‌پذیری خصوصی و بازده ژنتیکی برای شدت گزینش ۵ درصد برای کلیه صفات اندازه‌گیری شده با رویه Univariate در نرم‌افزار SAS محاسبه شدند. وراثت‌پذیری خصوصی صفات از فرمول $h^2=[\sigma^2A/(\sigma^2g+ \sigma^2ge/e+ \sigma^2e/re]$ محاسبه گردید (Therrien, 2003)؛ که در آنها σ^2A و σ^2ge و σ^2e به ترتیب واریانس افزایشی، واریانس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و واریانس خطا، r تعداد تکرار و e تعداد محیط می‌باشد. تفکیک متجاوز برای صفات در جهت مثبت و منفی با استفاده از فرمول‌های GGP=BDH-BP و GGN=WDH-WP محاسبه گردید که در آن GGN،GGP به ترتیب تفکیک متجاوز مثبت و منفی، BDH و WDH به ترتیب لاین‌های دارای بیشترین و کمترین ارزش و BP و WP به‌ترتیب والدین برخوردار از بالاترین و کمترین ارزش هستند (Miller *et al.*, 1957). ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از فرمول‌های ۱۰۰× (σp/x) =PCV و GCV=(σg/x)×۱۰۰ محاسبه گردیدند، که درآن‌ها σp و σg به ترتیب انحراف معیارهای فنوتیپی و ژنوتیپی و x میانگین صفت در کل جمعیت است. بازده ژنتیکی برای شدت گزینش ۵ درصد با استفاده از رابطه GC=Kh2σp محاسبه شد، که در آن K دیفرانسیل گزینش استاندارد شده (۲/۰۶۵ برای ۵ درصد گزینش)، σp انحراف معیار فنوتیپی و h^2 وارثت‌پذیری خصوصی صفات است.

ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی با استفاده از واریانس‌ها و کواریانس‌های فنوتیپی و ژنتیکی از طریق فرمول‌های ارائه شده توسط میلر و همکاران (Miller *et al.*, 1957) به شرح زیر محاسبه گردید.

$$r\,ph = \frac{\sigma_{ph1,2}}{\sigma_{ph1}\cdot\sigma_{ph2}}$$

$$r\,g = \frac{\sigma_{g1,2}}{\sigma_{g1}\cdot\sigma_{g2}}$$

تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۲) انجام شد. تجزیه بای‌پلات، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه عامل‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS (نسخه ۲۰) انجام شد. برای تفکیک کامل عامل‌ها از روش چرخش عامل‌ها استفاده شد. در هر عامل اصلی و مستقل، ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا معنی‌دار در نظر گرفته شدند. برای تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از روش وارد (Ward) استفاده شد.

نتایج و بحث

ابتدا برقراری فرض‌های تجزیه واریانس، یعنی نرمال بودن توزیع خطاها، یکنواختی واریانس‌های درون تیماری و اثر افزایشی بلوک با تیمار که به ترتیب به کمک آزمون شاپیرو- ویلک[1]، توزیع باقیمانده و آزمون غیر افزایشی توکی صورت گرفت، مورد بررسی و تأیید قرار گرفت. تجزیه واریانس مرکب صفات مورد مطالعه (جدول ۱) نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد نظر با یکدیگر در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌دار داشتند. تأثیر سطوح مختلف شوری نیز بر صفات یاد شده در سطح یک درصد معنی‌دار گردید و همچنین ژنوتیپ و اثر متقابل شوری × ژنوتیپ در ارتباط با کلیه صفات معنی‌دار بدست آمد. گالیش و هوشمند (Chalish and Houshmand, 2011) اثر ژنوتیپ را در تجزیه آزمایش گلدانی و مزرعه‌ای برای ۱۰٤ لاین خالص گندم و والدین آنها برای تمام صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک معنی‌دار اعلام کردند و این نتیجه، نشان‌دهندهٔ تنوع فنوتیپی بالا در داخل جمعیت می‌باشد. پارامترهای آماری و ژنتیکی بین ۷۲ لاین دابل هاپلوئید مورد مطالعه به همراه دو والد (Steptoe × Morex) در میانگین سه محیط در جدول ۲ درج شده است. اختلاف بین والدین برای صفت شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. و برای بقیه صفات غیرمعنی‌دار بدست آمد.

1- Shapiro-Wilk

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب صفات مرتبط با جوانه‌زنی در شرایط تنش شوری و بدون تنش

Table 1. Combined analysis of varianc of germination characteristics under salt stress and non-stress

منابع تغییر S.O.V.	درجه آزادی d.f.	میانگین مربعات				
		ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination	درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination percentage	شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate
شوری(محیط)Salinity	2	0.57**	29353.6**	12300.1**	599.05**	43.15**
خطای اول (E_a)	3	0.0009	45.0	17.3	0.91	0.05
ژنوتیپ Genotype	73	0.005**	741.1**	183.4**	15.12**	0.38**
شوری×ژنوتیپ S×G	146	0.002**	124.2**	27.8**	2.53**	0.20**
خطای دوم (E_b)	219	0.0002	33.1	6.5	0.67	0.01

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

**: Significant at 1% of probability level

در نتیجه، هاپلوئیدهای مضاعف مورد مطالعه نماینده کل هاپلوئیدهای مضاعف ممکن حاصل از تلاقی استپتو × مورکس بوده و شاخص‌های مورد بررسی عمدتاً با اثرات جمع‌پذیر ژن‌ها کنترل می‌شوند. پدیده تفکیک متجاوز از والدین نشان دهنده این است که آلل های مثبت و منفی افزایش دهنده و کاهش دهنده زیادی بین دو لاین والدینی برای صفات مذکور پراکنده شده‌اند (Fakheri and Mehravaran, 2013). به عبارتی بین نتاج حاصل از تلاقی استپتو× مورکس برای صفات مورد بررسی تنوع وجود دارد. معنی‌دار بودن پیشرفت ژنتیکی در جهت مثبت و منفی، نشان می‌دهد که آلل‌های کاهنده و افزاینده، در بین والدین وجود دارد. در گزارش‌های متعدد تأکید شده است که بدون پیشرفت ژنتیکی، مقادیر وراثت‌پذیری اهمیت کاربردی در گزینش بر اساس فنوتیپ نخواهد داشت (Ehdaie and Waines, 1989). از این‌رو در برنامه‌های اصلاحی برای گزینش توأم، پیشرفت ژنتیکی باید همراه با وراثت پذیری در نظر گرفته شود. در این تحقیق، مقادیر وراثت‌پذیری بالا، با پیشرفت ژنتیکی زیاد برای برخی از صفات مانند درصد جوانه‌زنی نهایی و شاخص میزان جوانه‌زنی (جدول ۲) نشان داد که در مورد این صفت، ماهیت افزایشی واریانس ژنتیکی از والدین به نتاج انتقال می‌یابد. همچنین، این صفات به راحتی می‌توانند از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در ژنوتیپ‌ها تثبیت شوند.

عدم توجه به ارتباط بین صفات مختلف و انتخاب بر اساس یک صفت بدون توجه به سایر صفات در برنامه‌های اصلاحی، نتایج مطلوبی به دنبال نخواهد داشت. به منظور برنامه‌ریزی بهتر عمل انتخاب در برنامه‌های اصلاحی، توجه به همبستگی‌های بین صفات مورد تأکید قرار گرفته است. در مواردی که صفتی در گیاه وراثت‌پذیری پایین داشته باشد می‌توان از صفات دیگر با وراثت‌پذیری بالا که با صفت مذکور همبستگی بالایی داشته باشد به عنوان معیار غیر مستقیم در گزینش استفاده نمود (Agrama and Moussa, 1996). تجزیه ضرایب همبستگی ژنتیکی صفات مختلف با درصد جوانه‌زنی نهایی به تصمیم‌گیری در مورد اهمیت نسبی این صفات و ارزش آنها به عنوان معیار انتخاب، کمک می‌کند.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

جدول ۲- پارامترهای آماری و تنوع صفات مورد مطالعه بین ۷۲ لاین دابل هاپلوئید جو مورد مطالعه به همراه دو والد (Steptoe × Morex) در میانگین سه محیط شور

Table 2. Statistical parameters and diversity of traits among the 72 doubled haploid lines of barley with two parents (Steptoe × Morex) on average three salt environments

صفات Characteristics	میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate	میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination percentage	ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination
والد مورکس Morex parent	10	29.19	2.73	70	0.38
والد استپتو Stepto parent	9.14	26.92	2.62	64	0.38
اختلاف والدین Parents difference	0.86 **	2.27 **	0.11 ns	6 ns	0 ns
اختلاف میانگین لاینها از والدین Difference between parentand lines	-0.41 **	-0.07 ns	-0.16 ns	-2.84 ns	0.02 *
تفکیک متجاوز مثبت Positive transgrisive	3.67**	10.11**	0.71 ns	25.67**	0.04**
تفکیک متجاوز منفی Negaive transgrisive	-1.81 ns	-8.86**	-0.27 ns	-12.67*	-0.08**
ضریب تنوع ژنوتیپی Genotypic variation coefficient	10.64	25.01	31.05	25.01	10.55
ضریب تنوع فنوتیپی Genotypic variation coefficient	11.21	26.30	32.32	26.31	11.23
وراثت پذیری عمومی Braod sense heritability	0.90	0.90	0.92	0.90	0.88
وراثت پذیری خصوصی narrow sense heritability	0.45	0.45	0.46	0.45	0.44
بازده ژنتیکی Genetic gain	2.46	8.73	0.29	17.23	0.04
حداقل اختلاف معنی دار ۵٪ LSD 5%	0.16	1.34	4.18	9.44	0.02
حداقل اختلاف معنی دار ۱٪ LSD 1%	0.23	1.92	5.97	13.46	0.03

براساس نتایج بدست آمده در رابطه با ضریب همبستگی ژنتیکی در میانگین سه محیط (جدول ۳)، درصد جوانه‌زنی نهایی با ضریب تغییرات جوانه‌زنی (r=۰/۳۸**) همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. شاخص میزان جوانه‌زنی با صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی (r=۰/٦۳**)، درصد جوانه‌زنی نهایی (r=۰/۷۹**) همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری نشان داد. همچنین صفت میانگین جوانه‌زنی روزانه با صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی (r=۰/۳٦**)، درصد جوانه‌زنی نهایی (r=۰/۸۵**) و شاخص میزان جوانه‌زنی (r=۰/۷۱**) همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری داشت. صفت سرعت جوانه‌زنی با صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی (r=۰/۷۹**)، درصد جوانه‌زنی نهایی (r=۰/۳۹**)، شاخص میزان جوانه‌زنی (r=۰/۵۰**) و میانگین جوانه‌زنی روزانه (r=۰/۳٤*) همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان داد. شوشی دزفولی و همکاران (Shoushi Dezfuli *et al.*, 2016) در تحقیق خود بیان کردند که درصد جوانه‌زنی نهایی همبستگی مثبت و معنی‌داری با ضریب تغییرات

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه دارد، علاوه بر این درصد جوانه‌زنی نهایی ضریب همبستگی منفی و معنی‌داری با میانگین زمان جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی روزانه داشت که با تحقیق حاضر مطابقت دارد. بیشترین مقدار همبستگی معنی‌دار و مثبت در میانگین سه محیط مربوط به صفت درصد جوانه‌زنی نهایی با میانگین جوانه‌زنی روزانه (r=۰/۸۵**) و همچنین بیشترین همبستگی منفی معنی‌دار مربوط به صفت میانگین سرعت جوانه‌زنی با ضریب تغییرات جوانه‌زنی (r=-۰/۷۹**) بود که نشان‌دهندهٔ اهمیت این صفات در جوانه‌زنی می‌باشد.

با توجه به اینکه بیشتر برنامه‌های اصلاحی بر پایه انجام تلاقی صورت می‌گیرند، بنابراین دانستن میزان قرابت ژنتیکی والدین اهمیت زیادی دارد. پس برای در این مطالعه ۷۲ لاین دابل‌هاپلوئید مضاعف به همراه والدین آنها از نظر ۵ صفت اندازه‌گیری شده، با استفاده از تجزیه کلاستر، طبقه‌بندی شدند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین صفات داده‌های اصلی انجام گردید که نتایج آنها به صورت دندروگرام نشان داده شده است (شکل ۱). نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها براساس میانگین سه محیط نشان داد برش دندروگرام در فاصله تشابه ۵ منجر به ایجاد سه گروه شد که بیشترین نسبت واریانس بین گروهی به درون گروهی در این فاصله دیده شد. بر این اساس مجموع شرایط‌های ۷٤ ژنوتیپ مورد بررسی به ۳ گروه تقسیم‌بندی شدند. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت ژنوتیپ‌ها از نظر صفت جوانه‌زنی دارای تنوع ژنتیکی می‌باشند. تجزیه واریانس سه گروه ایجاد شده از نظر صفات مورد مطالعه نشان داد که در مجموع کلیه محیط‌ها، بین گروه‌ها از نظر صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی، میانگین سرعت جوانه‌زنی، شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه اختلاف معنی‌داری وجود داشت (جدول ٤).

بر اساس تجزیه خوشه‌ای گروه اول شامل ژنوتیپ‌های ۵، ٦، ۵۹، ۳٤، ۳۵، ۷۰، ۱٦، ۳۲، ۳٦، ۲۹، ٦٦، ٤٤، ۲۸، ٦۷، ۲، ۱۲، ۸ و ۵۰ بود. ژنوتیپ‌های موجود در این کلاستر برای صفت سرعت جوانه‌زنی بیشتر از میانگین کل بودند، ولی برای بقیه صفات کمتر از میانگین کل برآورد شدند. کلاستر دوم ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۳۸، ٤۸، ٦۹، ۱۵، ۷۱، ٤۳، ٤٦، ۵۱، ۳۷، ٤۱، ۵٦، ٦۵، ۱٤، ۱۸، ۱۷ و ٤۹ را در بر گرفت. ژنوتیپ‌های موجود در این کلاستر برای صفات مؤثر در جوانه‌زنی از جمله صفات درصد جوانه‌زنی نهایی، سرعت جوانه‌زنی، شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه نسبت به میانگین کل از درصد بیشتری برخوردار بودند. لذا این ژنوتیپ‌ها را می‌توان برای صفات مؤثر در جوانه‌زنی به شمار آورد. کلاستر سوم شامل ژنوتیپ‌های شماره ۲۲، ۵۳، ٦۱، ۵۵، ٦٤، ٤، ٤۰، ۷٤، ۵۷، ۹، ۲۷، ٦۸، ۳، ۱۳، ٤۵، ٦۰، ۳۰، ۵۲، ۳۹، ۷۲، ۲۵، ۱۰، ۲۰، ۲٦، ۱۹، ۵٤، ۳۳، ٦۲، ٤۷، ۲٤، ۷، ۵۸، ۱۱، ۳۱، ٤۲، ۲۱، ٦۳، ۲۳، ۷۳ بود. ژنوتیپ‌های مذکور در مقایسه با میانگین سه گروه از سرعت جوانه‌زنی کمتر، ولی برای صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی، شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه بالاتری بر خوردار بودند (جدول ٤). لذا ژنوتیپ‌های موجود در این کلاستر از لحاظ کمیت و کیفیت جوانه‌زنی دارای ویژگی‌های برتری بودند. بنابراین از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در امر اصلاح برای درصد جوانه‌زنی بالا استفاده کرد. با استفاده از اطلاعات استاندارد مورد استفاده در کلاستربندی، با توجه به لاین‌های به دست آمده از والدین (از تک بوته‌های متفاوت)، قرار گرفتن لاین‌ها در یک کلاستر نشان‌دهندهٔ شباهت آن‌هاست و از این طریق می‌توان با آزمایش تکمیلی، لاین‌هایی (ژنوتیپ‌هایی) که در کلاسترهای دور از هم قرار گرفته‌اند جهت انجام کارهای به‌نژادی استفاده کرد (Romesburg, 1984; Hotteling, 1963).

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

جدول ۳- ضریب همبستگی ژنتیکی بین کلیه صفات مورد مطالعه در لاین‌های هاپلوئید مضاعف جو در میانگین سه محیط شور

Table 3. The genetic correlation between the traits in barley doubled haploid lines over average of three salt environments

صفات Characteristics	ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination	درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination percentage	شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate
ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination	1				
درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination	0.38**	1			
شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	0.63**	0.79**	1		
میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	0.36**	0.85**	0.71**	1	
میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate	0.79**	0.39**	0.50**	0.34**	1

ns و **: به ترتیب غیرمعنی دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد.

ns and**: Non significant and significant at 1% of probability levels, respectively

جدول ٤- نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه کلاستر در میانگین سه محیط برای لاین‌های هاپلوئید مضاعف جو

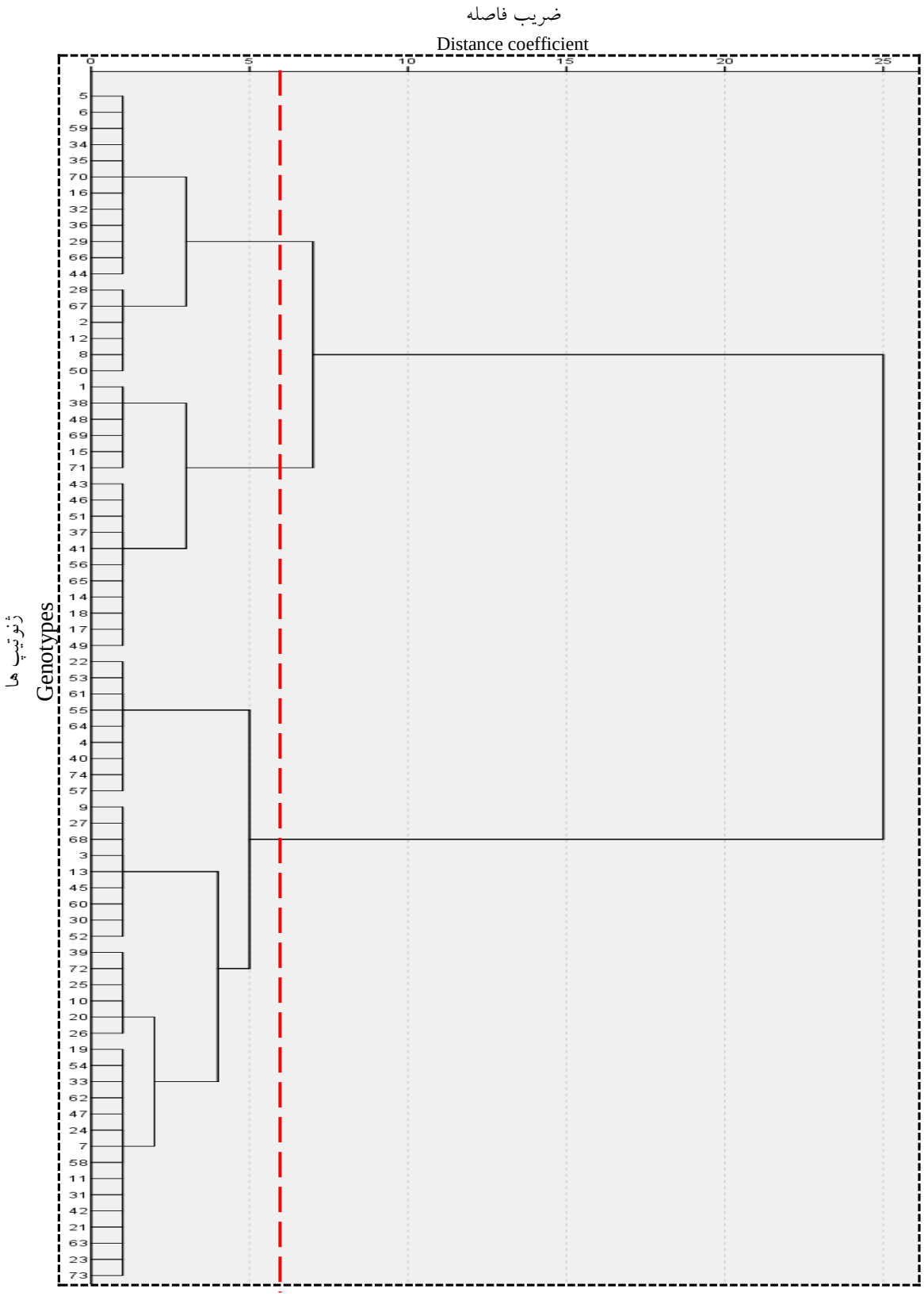
Table 4. Analysis of variance and mean comparison of cluster analysis on the average of three environmental groups for barley doubled haploid lines

منابع تغییر S.O.V.	درجه آزادی D.F.	میانگین مربعات				
		ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination	درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination percentage	شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate
بین گروه Between group	2	0.02**	2602.5**	1.53**	768.52**	53.11**
درون گروه Within group	71	0.0003	53.31	0.03	10.07	1.09
کلاستر ۱ Cluster 1	–	0.34b	55.35b	3.03b	21.05b	7.91b
کلاستر ۲ Cluster 2		0.33b	71.13b	3.06a	26.62b	10.16b
کلاستر ۳ Cluster 3		0.39a	75.83a	2.64b	32.04a	10.83a
میانگین Average	–	0.36	67.44	2.91	26.57	9.63

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه‌ای خوشه‌ای لاین‌های هاپلوئید مضاعف جو در میانگین سه محیط تنش شوری

Figure 1. The dendrogram of cluster analyze of barley double haploids lines in average of three environments salinity s

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از صفات مورفولوژیک مورد اندازه‌گیری در ۷٤ ژنوتیپ جو انجام شد و مقادیر ریشه‌های مشخصه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و کل واریانس توجیه شده در جدول ۵ درج شده است. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای رسیدن به اهداف تشریح و توجیه تنوع موجود در جامعه، تغییر سهم هر صفت در تنوع و کاهش تعداد متغیرهای اصلی از طریق محاسبه مؤلفه‌های غیر همبسته که ترکیبی از متغیرهای اصلی می‌باشند، استفاده می‌شود. با استفاده از تجزیه به عامل‌ها، صفات مختلف می‌توانند در قالب عامل‌ها یا مؤلفه‌هایی مورد بحث قرار گیرد که هر کدام چند صفت را شامل می‌شوند. این تجزیه می‌تواند عامل فرق‌گذار اصلی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی را روشن سازد. عامل اول که ۷٦/۸۲٤ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد دارای ضریب همبستگی درونی مثبت و معنی‌دار برای صفات درصد جوانه‌زنی نهایی، شاخص میزان جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه و دارای ضرایب منفی برای صفت سرعت جوانه‌زنی بود. با توجه به قرار گرفتن صفات مذکور در این عامل، عامل مذکور را می‌توان عامل درصد شاخص جوانه‌زنی نامید. عامل دوم هم با توجه به اینکه ۲۲/۲۳۸ درصد از واریانس کل را به خود اختصاص داده است دارای ضریب همبستگی مثبت بالایی برای صفات ضریب تغییرات جوانه‌زنی و شاخص میزان جوانه‌زنی و ضریب همبستگی منفی برای سرعت جوانه‌زنی بود. که عامل مذکور را می‌توان ضریب شاخص جوانه‌زنی نامید (جدول ۵). شوشی دزفولی و همکاران (Shoushi Dezfuli *et al*., 2016) به منظور تعیین ارقام متحمل و حساس به تنش شوری، تجزیه به عامل‌ها را انجام دادند و بیان کردند که عامل اول دارای سهم بیشتری از واریانس کل بود که همبستگی مثبت و نسبتاً بالایی بین این عامل‌ها و شاخص‌های ضریب تغییرات جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی نهایی و میانگین جوانه‌زنی روزانه وجود دارد که با تحقیق حاضر هم‌خوانی دارد.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مؤلفه اول که بالاترین حجم تغییرات داده‌ها را توجیه کردند نشان داد ۷٤ ژنوتیپ مورد بررسی به چهار گروه دسته بندی شدند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱۳، ٤۵، ٦۰، ۳۰، ۵۲، ٦۸، ۹، ۲۷، ۳، ۲٤، ٤۲، ۲۱، ۳۱، ٦۳، ۲۳، ٤۷، ۱۹، ۵٤، ۳۳، ٦۲ بود. این ژنوتیپ‌ها داری مقادیر مثبت برای هر دو عامل بودند. به این ترتیب که ژنوتیپ‌های مذکور هم دارای درصد شاخص جوانه‌زنی بالایی و هم دارای ضریب شاخص جوانه‌زنی بالایی هستند. در گروه دوم ژنوتیپ‌های ۲٦، ۳۸، ۱، ٦۹، ٤۸، ۷۱، ۱۵، ۲۰، ۱۰، ۷۲، ۳۹، ۲۵، ۱۱، ۵۸، ۷، ٤۹، ۱۷ و ۱٤ قرار گرفت. این ژنوتیپ‌ها دارای مقادیر مثبت برای درصد شاخص جوانه‌زنی و مقادیر منفی برای ضریب شاخص جوانه‌زنی بودند. بنابراین می‌توان اظهار نمود که ژنوتیپ‌های مذکور داری درصد جوانه‌زنی نهایی بالا و میزان جوانه‌زنی کمی هستند. گروه سوم ژنوتیپ‌های شماره ۸، ۲، ۱۲، ۵۱، ٤۳، ٤٦، ۳۷، ۵۸، ٤۱، ٦۵، ۳٦، ۳۲، ۳۵، ۷۰، ۵، ٦، ۵۹، ۳٤، ۲۸، ٦۷ و ۵۰ را در بر گرفت. ژنوتیپ‌های مذکور داری مقادیر منفی برای هر دو مؤلفه بودند. در نهایت در گروه چهارم ژنوتیپ‌های شماره ۷۳، ۵۵، ٦٤، ٤، ۲۹، ۱٦، ٤٤، ٦٦، ٤۰، ۷٤، ٦۱، ۵۷، ۲۲ و ۵۳ قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های مذکور دارای ضرایب منفی برای عامل اول یعنی درصد شاخص جوانه‌زنی و ضرایب مثبت برای عامل ضریب شاخص جوانه‌زنی می‌باشند. به این ترتیب که ژنوتیپ های شماره ۷۳، ۵۵، ٦٤، ٤، ۲۹، ۱٦، ٤٤، ٦٦، ٤۰، ۷٤، ٦۱، ۵۷، ۲۲ و ۵۳ از میزان سرعت جوانه‌زنی پایینی برخوردار هستند.

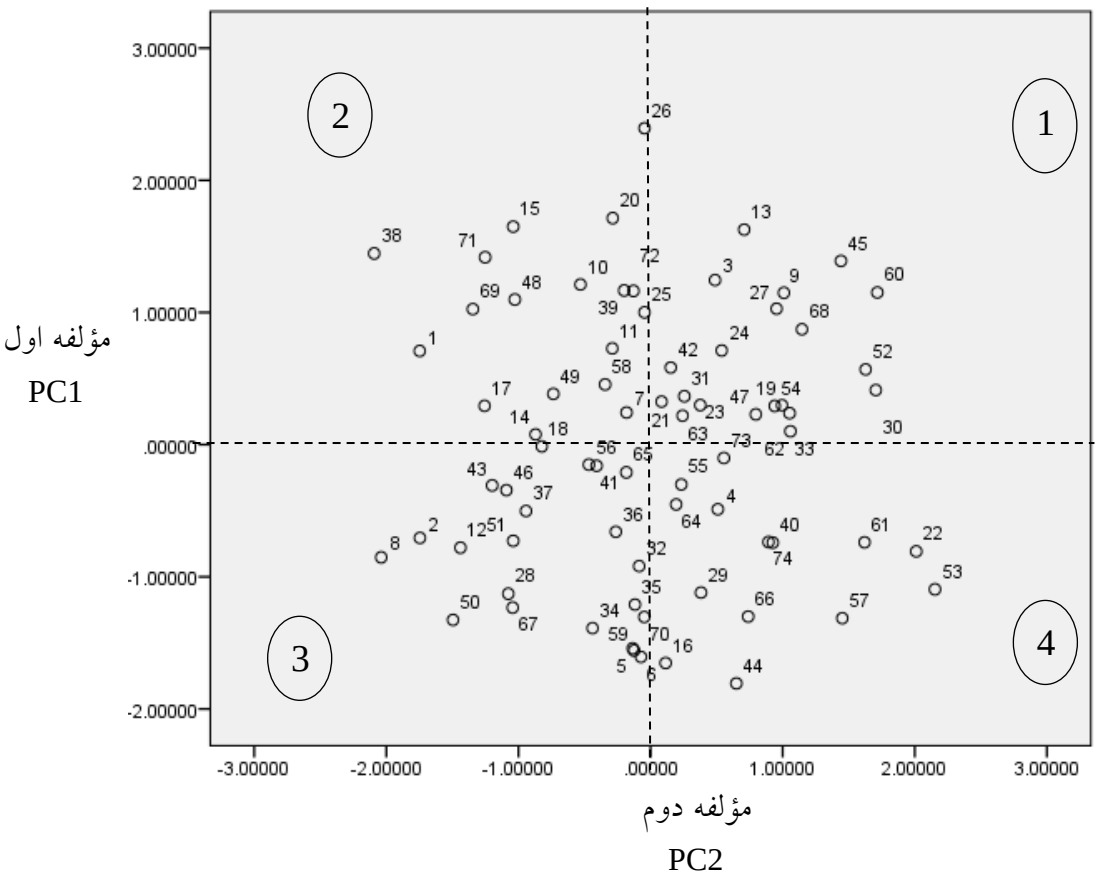
به‌طور کلی نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات وجود دارد که این اختلاف آماری معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بالا بین مواد گیاهی مورد ارزیابی و احتمالاً مکانیسم‌های متفاوت بین آنها در واکنش به تنش شوری است که می‌توانند در انتخاب ژنوتیپ مناسب مورد استفاده قرار گیرند.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

جدول ۵- تجزیه مؤلفه‌های اصلی برای صفات مورد بررسی

Table 5. Principal component analysis for studied traits

صفات Traits	مؤلفه اول PC_1	مؤلفه دوم PC_2
درصد جوانه‌زنی نهایی Final germination	0.24	0.96
شاخص میزان جوانه‌زنی Germination rate index	0.97	0.20
میانگین جوانه‌زنی روزانه Mean daily germination	-0.26	-0.95
میانگین سرعت جوانه‌زنی Mean germination rate	0.85	0.51
ضریب تغییرات جوانه‌زنی Coefficient of variation of germination	0.97	0.21
نسبت واریانس توجیه شده Proportion of variance explained	76.824	22.238
جمع کل واریانس‌های توجیه شده Total of explained variance	76.824	99.061



شکل ۲- تجزیه بای‌پلات ۷۲ ژنوتیپ جو هاپلوئید مضاعف به همراه دو والد (Steptoe × Morex) در میانگین سه محیط

Figure 2. Biplot analysis of 72 double haploid barley genotypes along with two parents (Steptoe × Morex) on average of three environments

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]
[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

در این تحقیق، مقادیر وراثت‌پذیری بالا، با پیشرفت ژنتیکی زیاد برای برخی از صفات مانند درصد جوانه‌زنی نهایی و شاخص میزان جوانه‌زنی (جدول ۲) نشان داد که در مورد این صفات، ماهیت افزایشی واریانس ژنتیکی از والدین به نتاج انتقال می‌یابد.

همچنین، این صفات به راحتی می‌توانند از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در ژنوتیپ‌ها تثبیت شوند. ضرایب تنوع فنوتیپی کلیه صفات مورد بررسی بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی بودند. با توجه به بالا بودن ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی برای صفت سرعت جوانه‌زنی، می‌توان گفت این صفت نقش تعیین کننده‌ای در تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی دارد. در رابطه با ضریب همبستگی، درصد جوانه‌زنی نهایی همبستگی مثبت و معنی‌داری با ضریب تغییرات جوانه‌زنی و میانگین جوانه‌زنی روزانه داشت که نشان از تغییرات همسو در شرایط تنش شوری مختلف بین این صفات می‌باشد. همچنین درصد جوانه‌زنی نهایی با میانگین جوانه‌زنی روزانه دارای بالاترین ضریب همبستگی مثبت و معنی‌دار بودند که نشان‌دهندهٔ اهمیت این صفات در جوانه‌زنی می‌باشد. با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های مورد بررسی به ۳ گروه طبقه‌بندی شدند، می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌ها از نظر صفت جوانه‌زنی دارای تنوع ژنتیکی می‌باشند. طبق نتایج مشاهده شده ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر سوم به غیر از سرعت جوانه‌زنی برای بقیه صفات مورد بررسی بیشتر از میانگین کل برآورد شدند. لذا از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در امر اصلاح برای درصد جوانه‌زنی بالا با انجام آزمایشات تکراردار در سال‌ها و تنش‌های شوری مختلف استفاده کرد.

در مجموع نتایج این پژوهش نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین کلیه صفات مورد مطالعه بین ژنوتیپ‌های این جمعیت وجود دارد، که این تنوع کارایی بالای روش‌های به‌نژادی را در بهبود این صفات نشان می‌دهد. به منظور تعیین ارقام متحمل به شوری در مراحل اولیه رشد، علاوه بر روش آزمایشگاهی باید در گلخانه و مزرعه این مراحل را تکرار کرد تا ارقام نسبتا متحمل به شوری در شرایط مزرعه هم شناسایی شوند. نتایج این آزمایش گروه‌بندی مطلوبی از ژنوتیپ‌ها در ارتباط با خصوصیات کمی و کیفی جوانه‌زنی نشان داد. این نتایج می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی کمیت و کیفیت جوانه‌زنی و نیز معرفی ژنوتیپ‌هایی که کیفیت و کمیت جوانه‌زنی مطلوبی دارند، به کشاورزان و کارشناسان اجرائی کشور کمک نماید. البته برای حصول اطمینان کافی باید این آزمایش‌ها را در مزرعه و گلخانه تکرار کرد. شوشی دزفولی و همکاران (Shoushi Dezfuli *et al*., 2016) برای تجزیه به عامل‌های اصلی بیان کردند که عامل اول می‌تواند به عنوان یک شاخص عملکرد بالقوه و عامل تحمل به شوری در نظر گرفته شود که نتایج آن‌ها با پژوهش حاضر نسبتاً هم‌خوانی دارد.

وجود تغییرات ژنتیکی، یکی از ابتدایی‌ترین پیش نیازها جهت اصلاح برای تحمل به شوری در هر گیاهی است. ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از این گروه‌ها بر اساس میزان تشابه صفات مختلف دسته‌بندی شده‌اند. بنابراین در برنامه‌های به نژادی با توجه به هدف اصلاحی مورد نظر می‌توان از تنوع بین این گروه‌ها و ژنوتیپ‌های موجود در این گروه‌ها استفاده نمود و با انجام تلاقی بین آنها امکان دست‌یابی به ژنوتیپ‌های مطلوب‌تر از نظر پتانسیل جوانه‌زنی و صفات جوانه‌زنی را فراهم نمود.

سپاسگزاری

نویسندگان از دانشگاه پیام نور و تمامی عزیزانی که ما را در انجام این تحقیق حمایت کرده‌اند، سپاسگزاری می‌نمایند.

References

Aghaee Sarbarze, M. and Amini, A. (2011). Genetic variability for agronomy traits in bread wheat genotype collection of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, **27(1)**: 581-599 (In Persian).

Agrama, H.A.S. and Moussa. M.E. (1996). Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica*, **91**: 89-97.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

Ajmal, S.U., Minhas, N.M., Hamdani, A., Shakir, A., Zubair, M. and Ahmad. Z. (2013). Multivariate analysis of genetic divergence in wheat (*Triticume aestivum*) germplasm. *Pakestan Journal Botane.* **45**: 1643-1648.

Al-mudaris, M.A. (1998). Notes on various parameters recording the speed of seed germination. *Der Tropenlandwirt,* **99**:147-154.

Ashrafi Parchin, R. (2011). Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum*) genotypes using agronomic and morphological characters and molecular markers. M.Sc. Thesis, University of Razi, Kermanshah, Iran (In Persian).

Bernestin, L. (1974). *Crop growth and salinity*. USDA, California, USA.

Blum, A. (1988). *Plant breeding for stress environments*. CRC Press, Florida, USA.

Chalish, L. and Houshmand, S. (2011). Estimate of Heritability and Relationship of Some Durum Wheat Characters Using Recombinant Inbred lines. *European Journal of Clinical Pharmacology,* **4(2)**: 223-238.

Cooper, J.C.B. (1983). Factor analysis: an overview. *American Statistician,* **37**: 141-147.

De, F and Kar. R.K. (1994). Seed germination and seeding growth of mungbeen under water stress induced by PEG 6000. *Seed Science and Technology,* **23**: 301-304.

Ehdaie, B. and Waines, J.G. (1989).Genetic variation, heritability and path analysis in land races of bread wheat from South Western Iran. *Euphytica,* **41**: 183-190.

Fakheri, B. and Mehravaran, L. (2013). Locating QTLs controlling agronomic traits of "Steptoe×Morex" derived double haploid population of barley under drought stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science,* **44(1)**: 47-57 (In Persian).

Farahani, E. and Arzani, A. (2009). Evaluation of genetic variation of durum wheat genotypes using multivariate analyses. *Electronic Journal of Crop Production,* **1(4)**: 51-64. (In Persian).

Farhoudi, R. (2013). Investigation the salinity tension effect on growth and physiological characteristics of nine wheat cultivars at vegetative growth stage. *Crop Physiology,* **5(20)**: 71-86.

Gepts, P. (2006). *Plant genetic resources conservation and utilization*. *Crop Science,* **46**: 2278-2292.

Greenway, H. and Munns. R. (1980). Mechanisms of salt tolerance in nonhalophytes. *Annual Review of Plant Physiology,* **31(1)**: 149-190.

Hall, A.E. (2001). *Crop Responses to Environment*. CRC Press, Boca Raton, Florida, USA.

Han, F., Ullricha, S.E., Romagosab, I. and Clancya, J.A. (1999). Inheritance and fine mapping of a major barley seed dormancy QTL. *Plant Science,* **143**: 113-118.

Hayes, P.M., Liu, B.H., Knapp, S.J., Chen, F., Jones, B., Blake, T., Franckowiak, A., Rasmmusson, D., Sorrells, M., Ullrich, S.E., Wesenberg D. and Kleinhofs. A. (1993). Quantitatives trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barely germplasm. *Theoretical and Applied Genetics,* **87**: 392-401.

Hotteling, H. (1963). Analysis of a complex of statistical variables into principle components. *Journal of Educational Physiology,* **24**: 417-498.

Houshmand, S., Arzani, A., Maibody, M. and Feizi. M. (2005). Evaluation of salt tolerant genotypes of durum wheat derived from *in vitro* and field experiments. *Field Crops Research.* **91**: 345-354.

Johnson, R. and Wichern. D. (2007). *Applied multivariate statistical analysis (6th Edition).* Pearson Prentice Hall press New Jersey, USA.

Kafi, M., Salehi, M. and Eshghizadeh H.R. (2010). *Biosaline Agriculture, Plant, Water and Soil Management Approaches*. Ferdowsi University of Mashhad Publication, Mashhad, Iran (In Persian).

Matus, I.A. and Hayes. P.M. (2002). Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome,* **45**: 1095-1106.

Miller, P.A., Williams, J.C., Robinson, J. H.F. and Comstock, R.E. (1957). Estimates of genotypic and environmental variances and covariances in upland cotton and their implication in selection. *Agronomy Journal,* **29**:126-131.

Mohammadi, S.A. and Prasanna. B.M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science,* **43**: 1235-1248.

Morphy, D.P.L., Cox T.S. and Rodgers, D.M. (1992). A multivariate approach to the analysis of cereal crops structure at harvest. *European Society for Agronomy,* **23**: 194-195.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

Munns, R., James, R.A. and Lauchli, A. (2006). Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *Journal of Experimental Botany*, **57**: 1025-1043.

Naghavi, M., Poorshahbazi, S.H. and Taleie. A. (2003). Variation among stocks of durum wheat for Agronomic and morphological characteristics. *Iranian Journal of Crop Sciences*, **4(2)**: 81-88 (In Persian).

Romesburg, H.C. (1984). *Cluster analysis for researchers. Tigetime learning publication*, Belmont, California, USA.

Salami R., Mohammadi, S.A., Ghafarian, S. and Moghaddam, M. (2016). Expression analysis of *Hv TIP2;3* and *Hv TIP4;1* in sensitive and tolerant barley genotypes under salinity stress. *Journal of Plant Genetic Research*, **2(2)**: 1-14 (In Persian).

Sarmadnia, G.H., and Koocheki, A. (1989). *Physiological aspects of arid cultivation*. Ferdowsi Mashhad University Publication, Mashhad, Iran (In Persian).

Shoushi Dezfuli, A.A., Mohammadi Dehcheshmeh, S.H., Rafiei Boroujeni, F. and Shiran, B. (2016). Evaluation of Salinity Tolerance of Alfalfa genotypes during germination stage using multivariate analysis. *Journal of Applied Environmental and Biological Sciences*, **6(3)**: 51-56.

Tuteja, N. (2007). Chapter twenty-four-mechanisms of high salinity tolerance in plants. *Methods in Enzymology*, **428**: 419-438.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

Plant Genetic Researches, Vol. 3, No. 1, 2016

Estimation of Genetic Correlation, Heritability and Grouping of Barley Doubled Haploid Lines Based on Indicators Related to Germination Under Salt Stress

Mohammad Ali Ebrahimi1[1,*], Rahim Mohammadian[2] and Marouf Khalili[3]

1- Associate Professor, Department of Agricultural Biotechnology, Payame Noor University, Tehran, Iran
2- Former M.Sc. Student, Department of Agricultural Biotechnology, Payame Noor University, Tehran, Iran
3- Assistant Professor, Department of Agricultural Biotechnology, Payame Noor University, Tehran, Iran

(Received: November 07, 2015 – Accepted: April 16, 2016)

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-05-19]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1395.3.1.3.2]

[DOI: 10.29252/pgr.3.1.29]

Abstract

Estimation of genetic variation in crops, a very important role in the development of breeding programs and preservation of genetic resources through morphological characteristics, is possible. To identifying genetic variation and double haploid barley lines classification in relation to germination traits, 72 lines derived from the cross of Steptoe and Morex were evaluated in randomized complete block design (RCBD) with two replications, at three conditions including normal and two salinity levels of NaCl (100 and 200 mM NaCl). Investigated traits in this study were coefficient of velocity of germination, final germination percentage, mean germination daily, germination rate index and average germination speed. The results indicated that considerable genetic variation among genotypes in all traits. Genetical correlation based on average of the three environments indicated that high significant correlation exist (r= 0.85**) between the daily germination and final germination percentage. In this study, the highest value of phenotypic and genotypic variation coefficient, broad and narrow sense heritability and genetic gain were calculated for final germination percentag. Based on cluster analysis, barley genotypes were grouped into three categories and genotypes of the third cluster, were superior coefficient of variation of germination, germination percentage, germination rate and mean daily germination index, but had low a mount of germination rate. Therefore, the genotype of this group can be used in breeding for high germination percentage. Using principle component analysis; five traits were grouped in the form of two new variables that explained 99.061 percent of the total variance. Analysis biplot indicated that the genotypes of first group have a high percentage of germination index and germination index coefficients.

Keywords: Biplot analysis, Cluster analysis, Barley, Germination, Genetic correlation

[*] **Corresponding Author, E-mail: ma_ebrahimi@pnu.ac.ir**