



تحلیل ژنتیکی عملکرد و برخی از صفات هم‌بسته در ژنوتیپ‌های پنبه آپلند (*Gossypium hirsutum* L.)

عمران عالیشاه^۱، لیلا فهمیده^۲ و *سعید نصرالله‌نژاد^۳

^۱استادیار، مؤسسه تحقیقات پنبه کشور، گرگان، دانشجوی دکتری گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه مازندران،

^۲استادیار گروه گیاهپزشکی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

تاریخ دریافت: ۸۶/۱۱/۸؛ تاریخ پذیرش: ۸۷/۶/۲۴

چکیده

در این تحقیق، ۶ ژنوتیپ از پنبه آپلند (*Gossypium hirsutum* L.) به صورت طرح تلافی دی‌آلل یک‌طرفه (۶×۶) تلافی داده شدند. در سال ۱۳۸۴، والدین و نتاج F1 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در ایستگاه تحقیقات پنبه هاشم‌آباد گرگان از نظر صفات زراعی و عملکرد مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس بیانگر وجود تفاوت‌های ژنتیکی معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر عملکرد، ارتفاع بوته، وزن قوزه، تعداد شاخه رویا و زودرسی بود. همچنین، همبستگی بین عملکرد پنبه با صفاتی چون ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، زودرسی و وزن قوزه معنی‌دار بود. براساس نتایج تجزیه دی‌آلل، صفاتی چون ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و ضریب رسیدگی (زودرسی) تحت کنترل واریانس افزایشی ژن، و صفات عملکرد و وزن قوزه تحت تأثیر اجزای افزایشی و غالبیت ژن بودند. والد‌های V.S.O، Coker.349 و No:200 بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای افزایش عملکرد و وزن قوزه، و والد Bulgar539 بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای بهبود زودرسی شناسایی شدند. هیبریدهای Coker.349×No:200 و Asland×No:200 بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی را برای عملکرد نشان دادند. فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برای صفات مورد مطالعه در

* مسئول مکاتبه: snasrollanejad@yahoo.com

تبادل نبود. مقدار درجه غالبیت برای تمام صفات بزرگ‌تر از یک ($d > 1$) بود. فراوانی ژن‌های غالب در ژنوتیپ‌های والدینی از ژن‌های مغلوب بیشتر بود. براساس نتایج این تحقیق، افزایش عملکرد پنبه با بهره‌گیری از هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها حاصل می‌شود. برای این منظور، در برنامه‌های آتی استفاده از انتخاب دوره‌ای به منظور افزایش پتانسیل مواد ژنتیکی و تجمع ژن‌های مطلوب افزایشی، و نیز بهره‌برداری از واریانس غالبیت از طریق تولید ارقام هیبرید توصیه می‌شود.

واژه‌های کلیدی: پنبه، تجزیه و تحلیل ژنتیکی، ترکیب‌پذیری، عمل ژن

مقدمه

اصلاح ژنوتیپ‌های پرمحصول با عملکرد پایدار در نسل‌های مختلف، کاهش هزینه‌های تولید از طریق اصلاح تیپ‌های مناسب گیاهی و بهبود کیفیت الیاف از اهداف مهم به‌نژادی پنبه محسوب می‌شوند. در گذشته، اغلب فعالیت‌های اصلاحی براساس گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا استوار بوده است و این در حالی است که نقش و مشارکت ژن‌های مختلف در ظهور صفات کمی (صفات پلی‌ژنیک) ایجاب می‌نماید که مجموعه‌ای از صفات به‌ویژه صفات هم‌بسته با عملکرد در اصلاح ارقام پرمحصول مورد توجه قرار گیرند (کریستوفر و همکاران، ۲۰۰۳).

برنامه‌ریزی و مدیریت پروژه‌های به‌نژادی در جهت بهبود عملکرد گیاهی مستلزم آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی، روابط بین صفات، میزان اثر و عمل ژن (ها) روی تظاهر صفات و همچنین، میزان توارث‌پذیری^۱ صفات است (باسال و تورگوت، ۲۰۰۵). از طرف دیگر، گزینش یکی از اساسی‌ترین روش‌های اصلاح نباتات است که موفقیت آن به تنوع ژنتیکی موجود در جامعه اصلاحی، نوع صفت، نحوه کنترل ژنتیکی، توارث‌پذیری و میزان پاسخ به گزینش بستگی دارد. بسیاری از دانشمندان اعتقاد دارند که به‌دلیل تأثیر محیط بر عملکرد، در بسیاری مواقع ممکن است گزینش مستقیم برای عملکرد مقدور نباشد. در چنین شرایطی گزینش غیرمستقیم از طریق صفات هم‌بسته با عملکرد یا اجزای عملکرد، رسیدن به اهداف مورد نظر را تسهیل می‌نماید (رائو و همکاران، ۲۰۰۱؛ کاشیک و همکاران، ۲۰۰۳؛ گوروراجان و ساندر، ۲۰۰۴؛ ژیت و همکاران، ۲۰۰۶).

1- Heritability

با توجه به نقش اثرات افزایشی^۱ ژن‌ها در وراثت‌پذیری صفات و نیز نقش اثرات غالبیت^۲ و فوق‌غالبیت^۳ در بروز پدیده هتروزیس، شناخت نوع عمل ژن‌ها حتی به‌طور تقریبی، برای به‌نژادگران اهمیت فراوانی خواهد داشت (طارق و همکاران، ۱۹۹۵). روش دی‌آلل یکی از روش‌های مؤثر و مهم به‌نژادی به‌منظور تعیین نوع تنوع ژنتیکی کنترل‌کننده صفات کمی (رئوف و همکاران، ۲۰۰۵) و تخمین پارامترهای ژنتیکی در نسل‌های اولیه به‌شمار می‌رود. این روش در گیاهان خودگشن و دگرگشن مورد استفاده قرار گرفته است (باسال و تورگوت، ۲۰۰۵). بسیاری از محققان از این روش به‌منظور نشان دادن میزان تنوع ژنتیکی مفید در پنبه استفاده کرده‌اند (آهوجا و همکاران، ۲۰۰۶؛ اقبال و همکاران، ۲۰۰۶؛ باردن و همکاران، ۲۰۰۳). تجزیه دی‌آلل براساس دو روش تجزیه پارامترهای ژنتیکی (هیمن، ۱۹۵۴b؛ جینکز و هیمن، ۱۹۵۳) و تجزیه ترکیب‌پذیری (گریفینگ، ۱۹۵۶) انجام می‌پذیرد. روش گریفینگ اطلاعات مفیدی را در خصوص ترکیب‌پذیری عمومی^۴، ترکیب‌پذیری خصوصی^۵ و شناسایی والدین مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی ارائه می‌کند در حالی‌که روش هیمن، حاوی اطلاعات با ارزشی در خصوص پارامترهای مختلف ژنتیکی یک صفت می‌باشد (کریستوفر و همکاران، ۲۰۰۳).

نتایج متفاوتی در تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات مهم پنبه، توسط محققان مختلف گزارش شده است. پاتل و پاتل (۱۹۹۰)، طارق و همکاران (۱۹۹۵) و گادوی و پالومو (۱۹۹۹) اجزای افزایشی و غیرافزایشی را در توارث‌پذیری عملکرد و تعداد قوزه پنبه دخیل دانسته و اشاره داشتند که هتروزیس در عملکرد، به‌واسطه اثرات فوق‌غالبیت در تعداد قوزه و وزن قوزه ظاهر می‌شود. کودالینگام و رامالینگام (۱۹۹۲) و باسال و تورگوت (۲۰۰۵) نیز در بررسی ژنتیکی عملکرد و اجزای هم‌بسته به آن، توارث‌پذیری صفاتی چون زودرسی، عملکرد و وزن قوزه را به‌ترتیب ۰/۵۳، ۰/۴۲ و ۰/۲۲ برآورد کرده و نقش و وزنه واریانس غیرافزایشی ژن (ها) را در کنترل عملکرد، زودرسی، ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و زایا و تعداد و وزن قوزه بیشتر از واریانس افزایشی ژن (ها) دانستند. رئوف و همکاران (۲۰۰۵) تعداد قوزه، عملکرد و ش، ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، تعداد شاخه زایا را تحت کنترل عمل

- 1- Additive Effects
- 2- Dominance Effects
- 3- Over Dominance
- 4- General Combining Ability
- 5- Specific Combining Ability

غیرافزایشی ژن و وزن قوزه را تحت کنترل عمل افزایشی ژن گزارش کردند. فهمیده و همکاران (۲۰۰۷) با مطالعه ژنتیکی صفات کمی و کیفی پنبه در خاک‌های شور، اثر غیرافزایشی ژن را برای صفت عملکرد، واریانس‌های افزایشی و غیرافزایشی را برای زودرسی و جزء افزایشی ژن را در کنترل ارتفاع و تعداد شاخه رویا دخیل دانستند. هدف از این تحقیق، برآورد اجزای واریانس ژنتیکی برای برخی از صفات هم‌بسته با عملکرد، شناسایی والدین مناسب برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی پنبه و نیز معرفی روش‌های اصلاحی مناسب برای اصلاح صفات مورد مطالعه می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در سال ۱۳۸۳ به منظور تحلیل ژنتیکی صفات زراعی پنبه، ۶ ژنوتیپ از پنبه آپلند (*G. hirsutum* L.) به نام‌های Opal، No: 200، Asland، V.S.O، Cok.349 و Bulgar 539 به صورت طرح تلاقی دی‌آل یک‌طرفه (۶×۶) در ایستگاه تحقیقات پنبه هاشم‌آباد گرگان (کیلومتر ۱۱، شمال غرب گرگان) با یکدیگر تلاقی داده شدند. به منظور تسهیل عملیات دورگ‌گیری، والدین مادری به فواصل ۱۲۰×۵۰ سانتی‌متر و والدین گرده‌دهنده به فواصل ۸۰×۲۰ سانتی‌متر در کرت‌های تلاقی و به صورت ردیف‌های جفتی کشت شدند. والدین مادری در هنگام عصر بین ساعات ۴ تا ۶ بعد از ظهر عقیم و سپس توسط الیاف پنبه یا پاکت‌های کوچک ایزوله شدند. عمل گرده‌دهی در روز بعد و بین ساعات ۹ تا ۱۲ صبح انجام گرفت و گل‌های تلقیح‌شده دوباره توسط پاکت یا الیاف پنبه ایزوله شدند و مشخصات والدین و تاریخ گرده‌دهی روی برچسب‌های خاصی که از قبل برای همین منظور آماده شده بودند ثبت گردید و به گل‌های تلقیح‌شده وصل شد. بعد از رشد قوزه و رسیدگی کامل آن، ویش‌های مربوط به قوزه‌های دورگ به همراه برچسب مربوطه برداشت شدند و به‌طور مجزا جین خوردند شدند و بذور F1 حاصل در درون پاکت‌های مناسبی قرار گرفتند.

در سال ۱۳۸۳، والدین و ۱۵ جمعیت F1 (در مجموع ۲۱ ژنوتیپ) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار مورد مقایسه قرار گرفتند. هر تیمار در ۴ ردیف ۸ متری و با فواصل ۸۰×۲۰

- 1- Acala sj2×Sealand
- 2-Varamin×Sahel × Okra
- 3- Coker 312×L.349

سانتی متر کشت شدند. دو ردیف کناری در هر کرت به عنوان حاشیه در نظر گرفته شدند و یادداشت برداری فقط از دو خط وسط انجام گرفت. عملیات زراعی متداول نیز در طول فصل رشد انجام گرفت. از هر کرت ۵ بوته انتخاب شدند و عملیات یادداشت برداری و بررسی صفات روی این بوته‌ها انجام گرفت. در طول اجرای طرح یازده صفت مختلف زراعی شامل ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، طول شاخه رویا، تعداد شاخه زایا، طول شاخه زایا، تعداد قوزه و وزن قوزه در سطح بوته و صفاتی چون درصد سبز، تعداد بوته، عملکرد وش و زودرسی در واحد کرت (۱۱/۲ مترمربع) اندازه‌گیری شدند. تجزیه واریانس براساس دستورالعمل طرح آزمایشی و مقایسه میانگین تیمارها نیز به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن انجام پذیرفت. تجزیه همبستگی دوبه‌دوی صفات انجام گرفت و صفاتی که در تجزیه واریانس معنی‌دار بودند و با عملکرد نیز همبستگی نشان دادند، مورد تحلیل ژنتیکی قرار گرفتند. تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری، تعیین اثرات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و بررسی عمل ژن با استفاده از روش ۲ مدل ۱ گریفینگ (۱۹۵۶b) انجام شد. تحلیل ژنتیکی صفات براساس محاسبه پارامترهای مختلف ژنتیکی صورت گرفت. برای این منظور ابتدا پارامترهای اصلی (F , H_1 , H_2 , D و h^2) از طریق روش تجزیه دای‌آل جینکز و هیمن (۱۹۵۳) و با استفاده از معادله‌های ۱ تا ۶ محاسبه گردیدند:

$$D = V_{olo} - E \quad (1)$$

D : جزئی از واریانس که ناشی از اثرات افزایشی ژن‌ها می‌باشد.

$$H_1 = \frac{V_{olo} - \epsilon W_{olol} - \epsilon V_{III} - (3n - 2)E}{n} \quad (2)$$

H_1 و H_2 : جزئی از واریانس که ناشی از اثرات غالبیت ژن‌ها می‌باشد.

$$H_2 = \epsilon V_{III} - \epsilon V_{oli} - 2E \quad (3)$$

$$h^2 = \frac{\epsilon(M_{L_1} - M_{L_2})^2 - \epsilon(n-1)E}{n} \quad (4)$$

h^2 : مجموع انحراف غالبیت در کل لوکوس‌ها

$$F = \frac{2V_{olo} - \epsilon W_{olol} - 2(n-2)E}{n} \quad (5)$$

F : نشان‌دهنده افزونی ژن‌های غالب یا مغلوب در والدین

$$E = \frac{(\frac{SSE + SSR}{d.f})}{r} \quad (6)$$

E: جزء محیطی مورد انتظار واریانس که از تجزیه واریانس طرح به دست می‌آید.
 در این معادله‌ها، V_{olo} : واریانس والدین، V_{III} : میانگین واریانس ردیف‌ها، W_{olol} : میانگین کوواریانس بین والدین و ردیف‌ها، V_{oli} : واریانس میانگین ردیف‌ها، $(M_{L_1} - M_{L_2})$: تفاوت بین میانگین والدین و میانگین نتاج n^2
 پارامترهای ثانویه نظیر میانگین درجه غالبیت (d)، نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین (KD/KR)، تعداد گروه‌های ژنی کنترل‌کننده صفت که غالبیت را نشان می‌دهد و توارث‌پذیری خصوصی (H_{ns}) نیز براساس پارامترهای اصلی و با استفاده از رابطه‌های ۷ تا ۱۰ تعیین شدند:

$$d = (H_1 / D)^{\frac{1}{2}} \quad (7)$$

$$\left(\frac{KD}{KR}\right) = \frac{\sqrt{iDH_1 + F}}{\sqrt{iDH_1 - F}} \quad (8)$$

$$\frac{h^*}{H_1} \quad (9)$$

$$H_{ns} = \frac{\left(\frac{1}{4}\right)D + \left(\frac{1}{4}\right)H_1 - \left(\frac{1}{4}\right)H_2 - \left(\frac{1}{4}\right)F}{\left(\frac{1}{4}\right)D + \left(\frac{1}{4}\right)H_1 - \left(\frac{1}{4}\right)H_2 - \left(\frac{1}{4}\right)F + E} \quad (10)$$

برای تجزیه و تحلیل داده‌ها و رسم جدول‌ها از نرم‌افزارهای کامپیوتری SAS، Excel، SPSS و D^2 استفاده گردید.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس صفات: در جدول ۱ نتایج تجزیه واریانس صفات عملکرد، ارتفاع بوته، وزن قوزه، تعداد شاخه رویا و زودرسی آورده شده است. به جز تعداد شاخه رویا که در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار شد، صفات دیگر در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بودند. برای آن دسته از صفاتی که از نظر آماری اختلاف معنی‌دار نشان ندادند (داده‌ها ارایه نشده است) تجزیه و تحلیل ژنتیکی انجام نگرفت. معنی‌دار شدن صفات بر وجود تنوع ژنتیکی بین والدین و هیبریدها از نظر صفات مورد ارزیابی دلالت دارد.

بنابراین، می‌توان تغییرات ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌ها را به دو جزء واریانس افزایشی و غیرافزایشی تقسیم کرد. به عبارت دیگر، اختلاف بین ژنوتیپ‌ها به علت اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها است. برای تفکیک این دو اثر از روش دی‌آلل متد دو مدل یک‌گرفینگ استفاده گردید.

مقایسه میانگین‌ها: در جدول ۲ نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش دانکن ارائه شده است. براساس نتایج حاصل، والد V.S.O از لحاظ عملکرد، ارتفاع، تعداد شاخه رویا و وزن قوزه و والد Bulgar539 از لحاظ زودرسی نسبت به سایر ژنوتیپ‌های والدینی برتری داشتند. هیبرید $(V.S.O) \times Asland$ برای ارتفاع بوته (با میانگین ۱۲۵ سانتی‌متر)، والد Asland برای تعداد شاخه رویا (با میانگین تعداد شاخه ۱/۹۳)، والد‌های V.S.O و Coker.349 و هیبرید No:200 $\times (V.S.O)$ به‌طور مشترک برای صفت وزن قوزه به‌ترتیب با میانگین ۶/۶۴، ۶/۶۲ و ۶/۶۶ گرم و هم‌چنین والد Bulgar539 برای صفت زودرسی با میانگین ۷۷/۲۵ درصد در سطح A قرار گرفتند. در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه هیبریدهای Cok.349 \times No:200 و Asland \times N:200 به‌ترتیب بیشترین میزان عملکرد در واحد سطح را تولید کردند. والد No:200 ضمن برخورداری از عملکرد بالاتر در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های والدینی، توانست این ویژگی را به هیبریدهای خود نیز انتقال دهد. عالیشاه (۲۰۰۴) این ژنوتیپ را به‌عنوان رقم جدید پنبه با سازگاری عمومی و خصوصی مطلوب معرفی نموده بود.

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس صفات در والدین و هیبریدهای پنبه.

میانگین مربعات (MS)				درجه آزادی	منابع تغییرات
زودرسی (درصد)	عملکرد (گرم در پلات) [†]	تعداد شاخه رویا	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	وزن قوزه (گرم)	
۱۴۱/۵ ^{ns}	۳۱۷۶۱۸/۸ ^{ns}	۰/۰۰۴ ^{ns}	۲۲۷/۲*	۰/۱۵ ^{ns}	تکرار ۲
۴۹۴ ^{**}	۱۰۸۷۹۹۱/۱ ^{**}	۰/۲۸*	۳۲۱/۱ ^{**}	۰/۵۲ ^{**}	تیمار ۲۰
۱۳۱/۳	۳۳۶۶۷۸/۵	۰/۱۵	۸۷/۲۸	۰/۰۹	اشتباه ۴۰
۲۱/۵۹	۱۷/۰۳	۳۱/۵۳	۸/۹۳	۴/۹۹	ضریب تغییرات -
۵۳/۰۸	۴۶۷۳/۹	۱/۲۵	۱۰۴/۵	۶/۱۱	میانگین -

^{*}معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، ^{**}معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد، ^{ns}عدم وجود اختلاف معنی‌دار، [†]سطح ۱۱/۲ مترمربع.

تجزیه همبستگی صفات: نتایج همبستگی صفات مورد بررسی در جدول ۳ ارایه شده است. براساس نتایج حاصل، بین عملکرد با ارتفاع بوته، وزن قوزه و تعداد شاخه رویا همبستگی مثبت و معنی‌دار (در سطح آماری ۵ درصد) و بین عملکرد و زودرسی همبستگی منفی و معنی‌دار (در سطح آماری ۵ درصد) مشاهده شد. صفت زودرسی با ارتفاع بوته و وزن قوزه به ترتیب در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. در ضمن، همبستگی بین زودرسی و تعداد شاخه رویا نیز منفی ولی غیرمعنی‌دار بود.

عملکرد پنبه، برآیندی از نقش تعدادی از اجزای تعیین‌کننده نظیر تعداد قوزه، وزن قوزه، درصد کیل و تعداد شاخه‌های زایا و رویا است. اصلاح و بهبود صفاتی که با عملکرد همبستگی مثبت نشان می‌دهند، افزایش عملکرد را در پی خواهد داشت (رئوف و همکاران، ۲۰۰۵). با توجه به دوره رشد نسبتاً طولانی و رفتار رشد نامحدود گیاه پنبه، زودرسی و تعادل رشد رویشی و زایشی نیز برای افزایش عملکرد اهمیت زیادی دارد. در مناطقی که دارای اقلیم مرطوب هستند و ساعات ابری طولانی‌تری دارند (مانند استان‌های شمالی کشور)، نیاز دمایی گیاه^۱ در دوره طولانی‌تری تأمین می‌شود از این رو، کوتاه شدن دوره رشد گیاه (زودرسی گیاه) سبب کاهش عملکرد خواهد شد. ضمن آن‌که باید توجه داشت همبستگی بین زودرسی و عملکرد برحسب شرایط رشد گیاهی متفاوت است. گودوی و پالمو (۱۹۹۹) و آهوجا و همکاران (۲۰۰۶) همبستگی بین عملکرد پنبه و زودرسی را منفی و غیرمعنی‌دار، در حالی‌که اقبال و همکاران (۲۰۰۶) این همبستگی را مثبت و معنی‌دار گزارش کردند. همبستگی بین ارتفاع بوته و عملکرد پنبه نیز برحسب نوع مواد آزمایشی و شرایط تحقیق متفاوت است. در ارقام زودرس و هم‌چنین در مناطق خشک، همبستگی بین ارتفاع بوته و عملکرد مثبت است (اقبال و همکاران، ۲۰۰۳؛ آهوجا و همکاران، ۲۰۰۶) ولی در موارد دیگر، همبستگی بین ارتفاع بوته و عملکرد پنبه ممکن است منفی باشد (گوروراجان و ساندر، ۲۰۰۴؛ کاشیک و همکاران، ۲۰۰۳).

1- Growing Degree Days (=GDD)

جدول ۲- مقایسه میانگین صفات در والدین و هیبریدهای پنبه به روش آزمون چنددامنه‌ای دانکن.

صفت					
ژنوتیپ	ارتفاع (سانتی‌متر)	تعداد شاخه رویا	وزن قوزه (گرم)	زودرسی (درصد)	عملکرد (گرم در پلات) [†]
Bulgar539	۹۴/۱۳ ^{eg}	۰/۷۳ ^c	۴/۹۹ ^g	۷۷/۲۵ ^a	۳۹۵۸ ^{bc}
Opal	۸۷/۶ ^g	۱/۴۶ ^{ac}	۶/۱۶ ^{ae}	۵۸/۱۰ ^{ac}	۴۳۵۴ ^{bc}
Cok.349	۱۰۷/۳۳ ^{af}	۱/۲۶ ^{ac}	۶/۶۲ ^a	۴۷/۴۰ ^{dg}	۴۱۷۰ ^{bc}
Asland	۱۱۱/۶ ^{ae}	۱/۹۳ ^a	۵/۴۶ ^{fg}	۴۳/۲۴ ^{dg}	۴۰۸۳ ^{bc}
N:200	۹۸/۳۳ ^{cg}	۱/۲۰ ^{ac}	۶/۴۳ ^{ac}	۵۴/۶۰ ^{be}	۴۷۹۱ ^{ac}
Bulgar539×Opal	۸۶/۹۳ ^g	۰/۹۹ ^{bc}	۶/۰۷ ^{ae}	۷۱/۳۷ ^{ac}	۴۲۷۰ ^{bc}
Bulgar539× Asland	۱۰۰/۴۶ ^{cg}	۰/۹۳ ^{bc}	۵/۸۵ ^{cf}	۷۵/۵ ^{ab}	۳۵۲۱ ^c
Bulgar539× V.S.O	۹۶/۸ ^{dg}	۱/۰۶ ^{bc}	۵/۹۹ ^{bf}	۵۲/۶۶ ^{ad}	۴۴۵۸ ^{bc}
Bulgar539×Cok.349	۹۸/۳ ^{cg}	۱/۲۶ ^{ac}	۵/۷۹ ^{df}	۶۱/۱ ^{ad}	۵۲۲۹ ^{ab}
Bulgar539×N:200	۹۶ ^{dg}	۱/۱۳ ^{bc}	۵/۷۶ ^{cf}	۵۴/۴۶ ^{be}	۵۲۰۸ ^{ab}
Opal× Asland	۱۱۰/۲ ^{af}	۱/۰۶ ^{bc}	۶/۱۸ ^{ae}	۴۵/۹۰ ^{dg}	۴۹۷۹ ^{ac}
Opal× V.S.O	۱۰۹/۶ ^{af}	۰/۷۳ ^c	۵/۸۶ ^{cf}	۴۶/۵۶ ^{dg}	۵۲۲۹ ^{ab}
Opal×Cok.349	۱۰۳/۶ ^{bg}	۱/۰۶ ^{bc}	۶/۵۱ ^{ab}	۵۷/۳۲ ^{ae}	۴۲۹۶ ^{bc}
Opal×N:200	۹۲/۱۳ ^{fg}	۱/۶۰ ^{ab}	۶/۳۸ ^{ad}	۶۰/۴۴ ^{ae}	۴۱۲۵ ^{bc}
Asland× V.S.O	۱۲۵ ^a	۱/۴۶ ^{ac}	۶/۰۸ ^{ae}	۴۲/۸۱ ^{dg}	۵۰۲۰ ^{ac}
Asland×Cok.349	۱۰۷/۶ ^{af}	۱/۴۶ ^{ac}	۶/۱۸ ^{ae}	۵۲/۲۰ ^{cf}	۴۵۴۱ ^{ac}
Asland×N:200	۱۱۱/۵ ^{ae}	۱/۲۶ ^{ac}	۶/۴۳ ^{ac}	۲۸/۷۹ ^g	۵۴۹۹ ^{ab}
V.S.O	۱۱۵/۴ ^{ac}	۱/۶۶ ^{ab}	۶/۶۴ ^a	۳۸/۱۲ ^{eg}	۴۷۹۱ ^{ac}
V.S.O ×Cok.349	۱۱۳/۴۶ ^{ad}	۱/۵۲ ^{ab}	۶/۴۰ ^{ac}	۵۵/۳۶ ^{ae}	۴۶۰۴ ^{ac}
V.S.O ×N:200	۱۱۰/۹۳ ^{ae}	۱/۴۶ ^{ac}	۶/۶۶ ^a	۴۹/۷۳ ^{cg}	۴۸۷۴ ^{ac}
Cok.349×N:200	۱۱۹/۴۶ ^{ab}	۱/۰۳ ^{bc}	۵/۹۰ ^{cf}	۳۱/۷۴ ^{fg}	۶۱۴۶ ^a

حروف متفاوت در هر ستون بیانگر وجود اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد براساس آزمون دانکن است،
[†] سطح ۱۱/۲ مترمربع.

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات ارزیابی شده پنبه.

صفات	عملکرد	ارتفاع بوته	وزن قوزه	تعداد شاخه رویا	زودرسی
عملکرد	۱				
ارتفاع بوته	۰/۳۹*	۱			
وزن قوزه	۰/۳۱*	۰/۲۳	۱		
تعداد شاخه رویا	۰/۴۱*	۰/۲۹*	۰/۳۵*	۱	
زودرسی	-۰/۲۷*	-۰/۷۶**	-۰/۳۸*	-۰/۲۱	۱

*معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، **معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد.

تجزیه ترکیب‌پذیری: نتایج به دست آمده از تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفات مورد بررسی در جدول ۴ ارایه شده است. براساس نتایج حاصله، میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای ارتفاع بوته، وزن قوزه و زودرسی در سطح احتمال یک درصد و برای عملکرد و تعداد شاخه رویا در سطح ۵ درصد معنی‌دار شد. این امر از یک طرف بیانگر اختلاف والدین مختلف از نظر ترکیب‌پذیری عمومی و هم‌چنین امکان انتخاب یک ترکیب‌شونده عمومی مناسب جهت شرکت در تلاقی‌های آتی می‌باشد و از طرف دیگر، نقش و تأثیر عمل افزایشی ژن را در کنترل این دسته از صفات نشان می‌دهد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی برای عملکرد در سطح احتمال ۵ درصد و برای وزن قوزه در سطح یک درصد معنی‌دار بود. این نتیجه، نشان‌دهنده عمل غیرافزایشی ژن در کنترل صفات مذکور است، بنابراین برای صفات عملکرد و وزن قوزه در پنبه، هر دو عمل افزایشی و غیرافزایشی ژن روی تظاهر صفت تأثیرگذار هستند. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی برای سایر صفات معنی‌دار نبود که این امر نیز نشان‌دهنده عدم دخالت اثرات غیرافزایشی ژن در کنترل این صفات می‌باشد. این نتایج با گزارش‌های کریستوفر و همکاران (۲۰۰۳) و باردن و همکاران (۲۰۰۳) مطابقت دارد.

اثرات ترکیب‌پذیری عمومی هر والد (g_i) برای صفات مورد مطالعه در جدول ۵ نشان داده شده است. با توجه به معنی‌دار بودن (g_i) در دو جهت مثبت و منفی، امکان انتخاب والدین مناسب برای کاهش یا افزایش ارزش یک صفت در نتایج اصلاحی فراهم می‌باشد. بدین ترتیب، در مواردی که افزایش یک صفت مورد نظر باشد، باید به مقادیر مثبت (g_i) و در مواردی که کاهش یک صفت مورد نظر باشد باید به مقادیر منفی (g_i) توجه گردد. براساس نتایج حاصل، ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌های No:200 و V.S.O برای صفت عملکرد در جهت مثبت معنی‌دار گردید. بنابراین، از والدین فوق که در جهت

افزایش وزن قوزه نیز دارای ترکیب‌پذیری مثبت بودند، می‌توان در تلاقی‌های مورد نظر به‌منظور بهبود عملکرد استفاده کرد. والد‌های Bulgar539 و Opal دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی برای ارتفاع بوته و تعداد شاخه رویا و ترکیب‌پذیری عمومی مثبت برای زودرسی بودند. بنابراین، از این دو والد برای اصلاح تیپ گیاهی و تولید نتاج زودرس، پاکوتاه و با شاخه‌های فشرده^۱ می‌توان بهره برد. این در حالی است که والد‌های Asland و V.S.O بهبوددهنده ارتفاع بوته، والد Asland بهبوددهنده تعداد شاخه‌های رویا و والد‌های V.S.O، Coker.349 و Asland بهبوددهنده وزن قوزه بودند. همچنین، والد‌های Asland و V.S.O کاهش‌دهنده زودرسی شناسایی شدند.

مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ‌ها (Sij) برای صفات مورد بررسی در جدول ۶ ارائه شده است. در بین ۱۵ هیبرید مورد مطالعه، هیبریدهای Coker.349×No:200 و Asland×No:200 بهترین هیبرید برای عملکرد بودند زیرا دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار در جهت افزایش عملکرد بودند. هیبریدهای Coker.349×No:200، Opal×No:200، Asland×No:200 و Bulgar539×Asland ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و بالاتری را به‌ترتیب برای ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های رویا، وزن قوزه و زودرسی نشان دادند. بهترین هیبریدها از نظر وزن قوزه و زودرسی، آنهایی بودند که حداقل یکی از والدین آنها دارای ترکیب‌پذیری عمومی بیشتر برای صفات مذکور باشد. عالیشاه و رمضانی مقدم (۲۰۰۳) و رئوف و همکاران (۲۰۰۵) نیز به این مطلب اشاره کرده‌اند.

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی صفات در والدین و هیبریدهای مختلف پنبه.

میانگین مربعات (MS)			درجه		منابع تغییرات
زودرسی (درصد)	وزن قوزه	تعداد شاخه رویا	عملکرد	ارتفاع	
۴۲۸/۸ ^{**}	۰/۴۵ ^{**}	۰/۱۶۲ ^{**}	۲۰۳۱۳۶/۹ [*]	۳۲۴/۳ ^{**}	۵ ترکیب‌پذیری عمومی
۷۶/۶ ^{ns}	۰/۰۸ ^{**}	۰/۰۷۵ ^{ns}	۱۹۱۴۸۰/۸ [*]	۳۴/۶ ^{ns}	۱۵ ترکیب‌پذیری خصوصی
۴۳/۷	۰/۰۳۱	۰/۰۵۲	۸۵۶۱۹/۲	۲۹/۰۹	۴۰ اشتباه

^{*} معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، ^{**} معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد، ^{ns} عدم اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد.

1- Compact

جدول ۵- برآورد اثرات ترکیب‌پذیری عمومی والدین (g_i) برای صفات پنبه.

والدین	صفات			
	ارتفاع (سانتی‌متر)	عملکرد (گرم در پلات) [†]	تعداد شاخه رویا	وزن قوزه (گرم)
Bulgar539	-۸/۱۷**	-۱۵۶/۷۵**	-۰/۲۴**	-۰/۴۱**
Opal	-۶/۸۰**	-۷/۶۵	-۰/۰۵	۰/۰۶
Asland	۵/۷۳**	-۱۴/۰۲	۰/۱۶*	-۰/۱۴**
V.S.O	۶/۸۱**	۹۸/۲۴*	۰/۱۰	۰/۱۸**
Cok.349	۳/۱۱	۷۱/۲۵	۰/۰۱	۰/۱۵**
N:200	-۰/۶۷	۱۷۶/۳۱**	۰/۰۱	۰/۱۵**
SE (g_i)	۱/۷۴	۲۸/۱۲	۰/۰۷	۰/۰۵

*معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، **معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد، [†] سطح ۱۱/۲ مترمربع.

پارامترهای ژنتیکی: نتایج برآورد پارامترهای اصلی و ثانویه ژنتیکی به روش جینکز و هیمن (۱۹۵۳) در جدول ۷ و به شرح زیر ارائه شده است:

الف) عمل ژن: براساس نتایج حاصل، پارامتر D برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود که حاکی از نقش واریانس افزایشی ژن در کنترل صفات عملکرد، وزن قوزه، ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و زودرسی می‌باشد. همچنین، پارامترهای H_1 و H_2 نیز برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار گردید که بیانگر نقش واریانس غیرافزایشی در کنترل صفات ذکر شده است. بنابراین، با توجه به نتایج سه پارامتر D ، H_1 و H_2 هر دو جزء واریانس‌های افزایشی و غیرافزایشی ژن در کنترل و تظاهر صفات مورد مطالعه دخالت دارند.

ب) تعادل آلل‌های غالب و مغلوب: میانگین حاصل ضرب فراوانی آلل‌های غالب (\bar{u}) و مغلوب (\bar{v})، در صورتی که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی $0/5$ باشد، حداکثر می‌تواند $0/25$ گردد. در این تحقیق، مقدار uv (نسبت $H_2/4H_1$) برای بیشتر صفات کمتر از $0/25$ برآورد گردید. بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی نیستند. برای دانستن این که فراوانی آلل‌های غالب بیشتر است یا مغلوب، از علامت F استفاده می‌شود. اگر F منفی باشد فراوانی آلل‌های

مغلوب بیشتر از غالب است. مقدار F برای تعداد شاخه رویا و وزن قوزه مثبت و معنی دار بود که نشان دهنده بیشتر بودن فراوانی آلل های غالب نسبت به آلل های مغلوب است. مقدار F برای بقیه صفات معنی دار نشد.

نسبت ژن های غالب به مغلوب در والدین (K_D/K_R) نیز برای کلیه صفات از یک بیشتر بود، که نشان دهنده بیشتر بودن نسبت آلل های غالب به آلل های مغلوب در این صفات است. مجموع انحرافات غالبیت روی تمام مکان های ژنی (h^2) فقط برای تعداد شاخه های رویا مثبت و معنی دار بود که خود بر جهت دار بودن غالبیت برای این صفت دلالت دارد.

جدول ۶- برآورد اثرات ترکیب پذیری خصوصی هیبریدها (S_{ij}) برای صفات پنبه.

هیبریدها	ارتفاع (سانتی متر)	عملکرد (گرم در پلات) [†]	صفات		زودرسی (درصد)
			تعداد شاخه رویا	وزن قوزه (گرم)	
Bulgar539×Opal	-۲/۶۶	-۱۷/۸۹	-۰/۰۱	۰/۳۰*	۱/۵۰
Bulgar539×(Asland)	-۱/۶۷	-۱۰۲/۱۹	-۰/۲۳	۰/۳۰*	۱۳/۸۹*
Bulgar539×(V.S.O)	-۶/۴۱	-۶۵/۰۹	-۰/۰۴	۰/۱۰	۰/۸۴
Bulgar539×Cok.349	-۱/۳۱	۶۵/۱۴	۰/۲۴	-۰/۰۶	-۳/۱۰
Bulgar539×N:200	۰/۲۶	۹۴/۴۵	۰/۱۱	-۰/۰۸	-۷/۴۷
Opal×(Asland)	۶/۶۸	۷۲/۱۸	-۰/۲۹	۰/۱۴	-۵/۴۷
Opal×(V.S.O)	۵/۰	۱۹۵/۱۲	-۰/۵۶*	-۰/۵۰*	-۵/۰۲
Opal×Cok.349	۲/۷۰	۸/۷۸	-۰/۱۴	۰/۱۷	۳/۳۳
Opal×N:200	-۴/۹۷	-۸۰/۶۵	۰/۳۸*	۰/۰۵	۸/۷۳
(Asland)×(V.S.O)	۷/۸۶*	۱۸/۱۶	-۰/۰۵	-۰/۰۷	-۰/۵۱
(Asland)×Cok.349	-۵/۸۳	۳۲/۲۴	۰/۰۳	۰/۰۵	۶/۴۸
(Asland)×N:200	۱/۸۵	۳۱۲/۱۵*	-۰/۱۶	۰/۳۱*	-۱۴/۶۵*
(V.S.O)×Cok.349	-۱/۰۴	۴۹/۴۶	۰/۱۶	-۰/۰۵	۹/۴۳
(V.S.O)×N:200	۰/۲۱	۷۱/۹۹	۰/۰۹	۰/۲۱	۶/۰۷
Cok.349×N:200	۱۲/۴۴**	۴۹۸/۰۹**	-۰/۲۵	-۰/۵۲**	-۱۴/۳۰*
SE(S_{ij})	۳/۹۴	۱۰۷/۴۵	۰/۱۷	۰/۱۳	۴/۸۴

* معنی دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، ** معنی دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد، † سطح ۱۱/۲ مترمربع.

ج) میانگین درجه غالبیت: نتایج حاصل از محاسبه میانگین درجه غالبیت در مکان‌های ژنی $\frac{HI}{D}$ برای همه صفات بزرگ‌تر از یک برآورد گردید. بزرگ‌تر و کوچک‌تر از یک بودن این شاخص، به ترتیب بیانگر عمل فوق غالبیت و غالبیت نسبی ژن‌ها است. لذا چنین نتیجه‌گیری شد که تمامی صفات تحت تأثیر عمل فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارند. نسبت $\frac{h^2}{H_1}$ که کنترل‌کننده تعداد گروه‌های ژنی صفت و نشان‌دهنده غالبیت می‌باشد برای هیچ‌یک از صفات مورد بررسی برابر واحد نبود.

د) توارث‌پذیری خصوصی: وراثت‌پذیری خصوصی سهم واریانس افزایشی را از واریانس فنوتیپی بیان می‌کند. بیشترین قابلیت توارث خصوصی به ارتفاع بوته (۵۵ درصد) و کمترین آن به عملکرد (۲۴ درصد) مربوط بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات از نقطه نظر انتخاب روش اصلاحی و تعیین میزان پاسخ به گزینش صفت، حائز اهمیت است. هنگامی که وراثت‌پذیری صفت بالا باشد روش گزینش برای اصلاح صفت مورد نظر مناسب است ضمن آن‌که بالا بودن توارث‌پذیری مؤید پاسخ مناسب صفت به گزینش نیز می‌باشد (جگتاب و مهتر، ۱۹۹۶).

آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی صفات و انتخاب روش اصلاحی مناسب، دستیابی به این امر و پیشبرد اهداف اصلاحی را تسریع می‌نماید. روش انتخاب برای صفاتی که به صورت افزایشی کنترل می‌شوند، مناسب است اما برای صفاتی که هم به صورت افزایشی و به هم به صورت غیرافزایشی کنترل می‌شوند، روش‌های اصلاحی انتخاب دوره‌ای متقابل، تلاقی خواهر- برادری و تهیه ارقام سنتتیک (مصنوعی) می‌توانند روش‌های مناسبی باشند. برای صفاتی که به صورت غیرافزایشی (غالبیت و اپیستازی) توارث می‌یابند دورگ‌گیری بهترین روش اصلاحی می‌باشد. در بین صفات مختلف مورد مطالعه، صفاتی چون ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های رویا و زودرسی تحت تأثیر واریانس افزایشی بودند از این رو، استفاده از روش انتخاب و در کنار آن، روش هیبریداسیون برای اصلاح این صفات پیشنهاد می‌شود. عملکرد و وزن قوزه تحت کنترل اجزای واریانس‌های افزایشی و غیرافزایشی قرار داشتند، لذا، روش انتخاب همراه با آزمون نتاج و دورگ‌گیری برای اصلاح این صفت مناسب خواهند بود. عالیشاه و رمضانی مقدم (۲۰۰۳)، هم به نتایج مشابهی دست یافته‌اند.

جدول ۷- پارامترها و اجزای ژنتیکی برآورد شده برای صفات کمی و مورفولوژی پنبه به روش جینکز و هیمن.

پارامترها	ارتفاع (سانتی متر)	عملکرد (گرم در پلات)	تعداد شاخه رویا	وزن قوزه (گرم)	زودرسی (درصد)
D	۱۷۶/۱۷ ^{**}	۱۴۴۲۱۲/۱۱ [*]	۰/۲۲ ^{**}	۰/۴۷ ^{**}	۲۱۹/۴ ^{**}
S.E.D	۲۲/۷۶	۷۱۴۱۲/۲۱	۰/۰۴	۰/۰۲	۴۰/۰
H ₁	۳۹۷/۰۳ ^{**}	۶۵۴۳۱۲/۷۸ ^{**}	۰/۷۶ ^{**}	۰/۶۶ ^{**}	۷۲۴/۳ ^{**}
S.E.H ₁	۵۷/۷۹	۱۹۷۳۹۸/۳۰	۰/۱۱	۰/۰۶	۱۰۱/۵
H ₂	۳۳۷/۱۶ ^{**}	۵۲۳۱۴۱/۵۲ [*]	۰/۶۴ ^{**}	۰/۵۰ ^{**}	۶۵۱/۲ ^{**}
S.E.H ₂	۵۱/۶۳	۲۰۲۱۲۱/۲۰	۰/۱۰	۰/۰۵	۹۰/۷
H ²	۴۱/۶۸ ^{ns}	۳۲۱۱۶۲/۲۳ ^{**}	۰/۲۴ ^{**}	۰/۰۵ ^{ns}	۶۲/۰۹ ^{ns}
S.E.H ²	۳۴/۷۵	۱۲۰۷۸۲/۱۲	۰/۰۶	۰/۰۳	۶۱/۰۷
F	۲۶/۲۵ ^{ns}	۶۴۲۷۷/۶۶ ^{ns}	۰/۲۳ [*]	۰/۴۱ ^{**}	۲۳/۹۳ ^{ns}
S.E.F	۵۵/۶۲	۵۲۱۳۳/۰۵	۰/۱۰	۰/۰۶	۹۷/۷۵
$\sqrt{H_1/D}$	۱/۵۰۱	۱/۷۲	۱/۸۵۳	۱/۱۸۱	۱/۸۱
H ₂ /4H ₁	۰/۲۱۲	۰/۱۹	۰/۲۰۸	۰/۱۸۹	۰/۲۲۴
K _D /K _R	۱/۱۰۴	۱/۷۸	۱/۷۸۲	۲/۱۸۱	۱/۰۶۱
h ² /H ₂	۰/۱۲	۰/۶۱	۰/۳۸	۰/۱۰	۰/۰۹
h ² _{ns}	۰/۵۵	۰/۲۴	۰/۲۷	۰/۴۶	۰/۴۵
Kolmogorov-Smirnov Test	۰/۱۳ ^{ns}	۰/۱۶ ^{ns}	۰/۲۱ ^{ns}	۰/۱۱ ^{ns}	۰/۱۹ ^{ns}

D: اثر افزایشی، H₁: اثر غالبیت تصحیح نشده، H₂: اثر غالبیت تصحیح شده، F: کواریانس اثرات افزایشی و غیرافزایشی، h²: اثر غالبیت در کلیه لوکوسها، $\sqrt{H_1/D}$: میانگین درجه غالبیت، H₂/4H₁: میانگین فراوانی آلل‌های منفی در مقابل آلل‌های مثبت، K_D/K_R: تعداد کل آلل‌های مغلوب در والدین، h²_{ns}: قابلیت توارث‌پذیری خصوصی، h²/H₂: تعداد گروه‌های ژنی که غالبیت را نشان می‌دهد، E: واریانس محیطی.
^{ns}عدم وجود اختلاف معنی‌دار، *معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵ درصد، **معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد.

نتیجه‌گیری کلی

بسیاری از بررسی‌ها نشان می‌دهند که تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای در گونه‌های مختلف پنبه وجود دارد. برای تحلیل تنوع‌های ژنتیکی از مدل‌های ریاضی که بر فرضیه‌های اساسی مبتنی هستند، استفاده می‌شود. اطلاعات حاصل از تحلیل‌های ژنتیکی، امکان استفاده از راهبردهای پیشرفته و تکمیلی را برای متخصصان علم ژنتیک و به‌نژادگران و نیز، گزینش بهترین راهبرد را برای جمعیت‌های مورد مطالعه فراهم می‌سازد.

امروزه بخش مهمی از هزینه‌های تولید پنبه به مراحل داشت (مدیریت زراعی) و برداشت آن مربوط می‌شود. در این راستا، اصلاح ارقام با تیپ‌های زراعی مطلوب برای سیستم‌های زراعی مکانیزه (مانند ارقام زودرس، ارقامی با ارتفاع متوسط یا کوتاه، ارقامی با شاخه‌های کوتاه و قوزه‌های درشت) در اولویت قرار دارند. با وجود این، اصلاح چنین ارقامی مستلزم شناخت روابط بین صفات، عمل ژن، توارث‌پذیری صفات مربوطه و پیدا کردن مناسب‌ترین و کارآمدترین روش اصلاحی می‌باشد. تحقیقات ما نشان داد که صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های رویا و زودرسی تحت‌تأثیر واریانس افزایشی ژن (ها) قرار دارند، لذا برای اصلاح تیپ گیاهی (ایدیوتایپ)^۱، استفاده از روش انتخاب و در کنار آن، روش هیبریداسیون پیشنهاد می‌شود. برای این منظور، استفاده از والد **Bulgar 539** و مشارکت آن در برنامه‌های تلاقی می‌تواند مفید باشد. ضمن آن‌که در مطالعه دیگری که توسط نگارندگان انجام شده بود، والد مذکور برای اصلاح عملکرد و زودرسی در شرایط شور نیز پیشنهاد شده بود (فهمیده و همکاران، ۲۰۰۷). وزن قوزه تحت کنترل اجزای واریانس‌های افزایشی و غیرافزایشی ژن (ها) بود، بنابراین استفاده از روش انتخاب همراه با آزمون نتاج و روش هیبریداسیون برای اصلاح این صفت پیشنهاد می‌گردد. برای این منظور، استفاده از والد **V.S.O** یا **Cok.349** و مشارکت آنها در برنامه تلاقی مؤثر و مفید خواهد بود.

امروزه، تولید و بهره‌گیری از ارقام هیبرید در کشورهایی چون ایران که بیشتر اراضی تحت کشت پنبه در آن‌ها خرد و کوچک هستند، به‌عنوان یکی از راهکارهای افزایش عملکرد مطرح است. از این‌رو، تحقیقات مستمر در خصوص شناسایی والدینی با قابلیت ترکیب بالاتر به منظور تولید ارقام هیبرید مناسب و سازگار به مناطق مختلف پنبه‌کاری کشور، بسیار حائز اهمیت است. دو هیبرید **Cok.349×No:200** و **Asland×N:200** به ترتیب بیشترین میزان عملکرد در واحد سطح را تولید کردند و به‌عنوان هیبریدهای برتر پنبه معرفی می‌شوند. به نظر می‌رسد هیبریدهای مذکور این ویژگی را از والد **No:200** به ارث برده باشند که توسط عالی‌شاه (۲۰۰۴) به‌عنوان رقم جدید پنبه معرفی شده بود. بنابراین، استفاده از رقم **No:200** در برنامه‌های تلاقی و نیز مقایسه عملکرد هیبریدهای فوق با رقم تجاری ساحل در برنامه‌های آتی به‌نژادی پنبه پیشنهاد می‌شود. در ضمن از هیبریدهای شناسایی شده می‌توان هم به‌عنوان هیبریدهای جدید و هم به‌عنوان جمعیت‌های اولیه برای تشکیل نسل‌های در حال تفکیک استفاده کرد.

1- Idiotype Breeding

منابع

1. Ahuja, S.L., Dhayal, L.S., and Prakash, R. 2006. A correlation and path coefficient analysis of components in *G. hirsutum* L. hybrids by usual and fiber quality grouping. Turk J. Agric. 30: 317-324.
2. Alishah, O., and Ramazanmoghammad, R. 2003. Diallel cross mating to study on combining ability and search for tolerant genotypes in next years. Final Report of CRI, 42: 82-185.
3. Alishah, O. 2004. Qualitative and quantitative characters studies in hopeful cultivars and their stability. Final Report of CRI, 83: 1244. 98p.
4. Barden, C., Smith, C.W., and Thaxton, P. 2003. Combining ability for near extra long fibers in upland cotton. Beltwide cotton conf. Jan. 6-10. Nashville, TN.
5. Basal, H., and Turgut, I. 2005. Genetic analysis of yield components and fiber strength in upland cotton (*G. hirsutum* L.). Asian J. Plant Sci. 4: 3. 293-298.
6. Christopher, L., Jhonie, C., Jenkin, N., Mc Carty, J.C., Clarence, J.R., Watson, E., and Jixiang, W. 2003. Genetic variance and combining ability of crosses of American cultivars, Australian cultivars and wild cottons. J. Cotton Sci. 7: 16-22.
7. Fahmideh, L., Alishah, O., Babaeian, N., Kazemitabar, S.K., and Mosallami, H. 2007. Determination of gene action and combining ability for yield and other quantitative traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.), J. Agric. Sci. Natur. Resour. 14: 4. 135-148.
8. Gite, V.K., Misal, M.B., and Kalpande, H.V. 2006. Correlation and path analysis in cotton (*G. hirsutum* L.). J. Cotton. Res. Dev. 20: 51-54.
9. Godoy, A.S., and Palomo, G.A. 1999. Genetic analysis of earliness in upland cotton (*G. hirsutum* L.) II. Yield and lint percentage. Euphytica, 105: 161-166.
10. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Aus. J. Biol. Sci. 9: 463-493.
11. Gururajan, K.N., and Sunder, S. 2004. Yield component analysis in American cotton. Proc of Int. Symp. On Strategies for Sustainable Cotton Production, Pp: 201-204.
12. Hayman, B.I. 1954. The analysis of diallel table. Biometrics, 10: 235-244.
13. Iqbal, M.M., Chang, A., Iqbal, M.Z., Hussain, M., Nasir, A., and Islam, N. 2003. Correlation and path coefficient analysis of earliness and agronomic characters of upland cotton in Multan. Pak. J. Agron. 2: 160-168.
14. Iqbal, M., Hayat, K., Khan, R.S.A., Sadiq, A., and Islam, N. 2006. Correlation and path coefficient analysis for earliness and yield traits in cotton. Asian J. Plant Sci. 5: 2. 341-344.
15. Jagtap, D.R., and Mehetre, S.S. 1996. Combining ability analysis for agronomic traits in *G. hirsutum* L. J. Cotton Res. & Dev. 10: 1. 12-19.
16. Jinks, J., and Hayman, B.L. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet. Coop. News. 27: 1. 48-54.

17. Kaushik, S.K., Kapoor, C.J., and Koli, N.R. 2003. Association and path analysis in American cotton (*G. hirsutum* L.). *J. Cotton Res. Dev.* 17: 24-26.
18. Koodalingam, K., and Ramalingam, A. 1992. Genetic of seed cotton yield and its components in medium staple cotton (*G.hirsutum* L.) *Orrisa J. Agric. Res.* 53-4: 179-185.
19. Patel, U.G., and Patel, A.D. 1990. Heterosis and combining ability studies in Asiatic cotton. *Ind. J. Genet. Plant Breed.* 50: 3. 253-255.
20. Rao, G.N., Reddy, M.S.S., and Shanthi, P. 2001. Correlation and path analysis of seed cotton yield and its components in cotton. *J. Cotton Res. Dev.* 15: 81-83.
21. Rauf, S., Khan, T.M., and Nazir, S. 2005. Combining ability and heterosis in *G. hirsutum* L. *Int. J. Agric. & Biol.* 7: 1. 109-113.
22. Tariq, M., Khan, M.A., and Idris, G. 1995. Inheritance of boll weight, boll number and yield of seed cotton in upland cotton (*G. hirsutum* L.). *Sarhad J. Agric.* 11: 5. 599-605.



Genetic analysis of yield and some associated traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes

O. Alishah¹, L. Fahmideh² and *S. Nasrollah Nejad³

¹Assistant Prof., Breeding Cotton Research Institute, Gorgan, ²Ph.D. student, Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Mazandaran University, ³Assistant Prof., Dept. of Plant Protection, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

Abstract

In this study six genotypes of upland cotton (*G. hirsutum* L.) were crossed in a half diallel (6×6) mating fashion. The parents and F1s were planted in a complete randomized block design with three replications at the Hashemabad Cotton Research Station (Gorgan) in 2005. Cotton yield and some agronomic traits were evaluated. Analysis of variance showed that differences due to genotypes were significant ($P \leq 0.05$) for yield, plant height, boll weight, monopodial branch number and maturity coefficient (earliness). Also, the correlation coefficients between cotton yield and above indicated traits were significant. The diallel analysis results showed that plant height, monopodial branch numbers and earliness exhibited additive gene effects. Both additive and non-additive gene effects were important in controlling of cotton yield and boll weight. The parental genotypes of Cok. 349, V.S.O and No: 200 genotyp exhibited significant General combining Ability (GCA) for yield and boll weight. Bolgar539 exhibited significant GCA for earliness. The Cok. 349 × NO: 200 and Asland × NO: 200 have exhibited higher and positive specific combining ability (SCA) for yield. Dominance and recessive allele frequencies were not in equilibrium with respect to traits studied. The average degree of dominance value was greater than 1 ($d > 1$) for all studied traits. Frequencies of dominant alleles were more than recessive alleles in parental genotypes. According to our data, increase of cotton yield is obtained by exploitation of both additive and non-additive gene effects. For this purpose, recurrent selection in order to accumulate desirable additive genes, as well as exploiting of dominance variance through hybrid production would be more appropriate in future cotton breeding programs.

Keywords: Cotton, Genetic analysis, Combining ability, Gene action

* Corresponding Author; Email: snasrollanejad@yahoo.com