

## ترکیب پذیری عمومی در فامیل‌های نیمه‌خواه‌ری فسکیوی بلند (*Festuca arundinaceum* (Schreb)

فاطمه امینی

- استادیار، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران، ورامین

پست الکترونیک: aminif@ut.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۰۱/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۰۴/۰۴

### چکیده

در مراحل اولیه برنامه‌های اصلاحی گیاهان علوفه‌ای از طریق ارزیابی قدرت ترکیب‌پذیری می‌توان ژنوتیپ‌های برتر را انتخاب کرد. یکی از گیاهان علوفه‌ای که از نظر اقتصادی مهم بوده و به‌عنوان علوفه کاربرد وسیعی دارد فسکیوی بلند می‌باشد که خودناسازگار و دگرگشن است. برای ارزیابی ترکیب‌پذیری عمومی در گیاه فسکیوی بلند، بذور حاصل از پلی‌کراس ۲۵ ژنوتیپ در مزرعه تحقیقاتی اصفهان کشت و طی سال‌های ۱۳۹۱ و ۱۳۹۲ در طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار ارزیابی شدند. صفات مورد ارزیابی شامل تعداد روز تا گرده‌افشانی، ارتفاع بوته، تعداد ساقه بارور، طول و عرض برگ پرچم، طول خوشه، عملکرد بذر در هر بوته و عملکرد علوفه خشک بود. برای صفت تعداد روز تا گرده‌افشانی ژنوتیپ‌های ۲۳ (از اصفهان) و ۱۳ (از مجارستان) به ترتیب با ۶/۲۴ و ۷/۷۶- بیشترین و کمترین قدرت ترکیب‌پذیری عمومی را داشتند. برای صفت عملکرد علوفه تر و عملکرد علوفه خشک ژنوتیپ‌های ۱۵ (از شهرکرد)، ۱۸ و ۱۹ (از مجارستان)، ۲۰ و ۲۳ (از اصفهان) و ۲۴ (از لهستان) قدرت ترکیب‌پذیری مثبت و بالا داشتند. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای صفات مورد مطالعه فامیل‌های فسکیوی بلند در چهار گروه قرار گرفتند. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات در گروه‌های مختلف نشان داد که فامیل‌های گروه سوم از نظر صفات عملکرد علوفه بیشترین میانگین را داشتند. بررسی تجزیه خوشه‌ای و همزمان با آن در نظر گرفتن ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها برای تعیین بهترین ترکیب والدی برای تهیه ارقام ساختگی در برنامه‌های اصلاحی آینده مفید خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، ترکیب‌پذیری عمومی، عملکرد علوفه، فسکیوی بلند.

### مقدمه

(Darbysh می‌باشد (Sleper & West, 1996). این گیاه با ساختار ژنتیکی PPG1G1G2G2 آلوهمگزاپلوئید با توارث دی‌زومی است. چند ویژگی برتر آن نظیر عملکرد علوفه بالا، فصل طولانی چرا، تولید بذر نسبتاً خوب، سازگاری با دامنه وسیعی از شرایط خاک، مقاومت خوب به سرما و حفاظت خاک کشت این گیاه را با رغبت بیشتری مواجه کرده است. این گیاه به‌علت داشتن ریشه‌های فیبری، ضخیم و

جنس فستوکا یکی از بزرگترین جنس‌ها در خانواده گراس‌ها می‌باشد که به‌طور گسترده در مناطق معتدل و کوهستانی پخش شده است. یکی از گونه‌های جنس فستوکا که از نظر اقتصادی مهم بوده و به‌عنوان علوفه کاربرد وسیعی دارد فسکیوی بلند با نام علمی (*Festuca arundinacea*) Schreb.= *Lolium arundinaceum* (Schreb) S. J.

هدف از تولید این ارقام در برنامه‌های اصلاحی، تهیه رقمی است که علاوه بر داشتن ژنوتیپ‌های گوناگون جهت حفظ توان گیاه، در رابطه با صفت مورد نظر از مقداری یکنواختی نیز برخوردار باشد مزیت این ارقام بر هیبریدهای سینگل‌کراس و دابل‌کراس در آن است که زارع می‌تواند برای چندین نسل بذرگیری کند و عیب آن یکنواختی کمتر نسبت به هیبریدهای سینگل‌کراس و دابل‌کراس می‌باشد.

خانواده‌های ناتنی فسکیوی مرتعی حاصل از پلی‌کراس در مطالعه Aastveit و Aastveit (۱۹۹۰)، از نظر صفات عملکرد و زودرسی مورد بررسی قرار گرفت. پاسخ به انتخاب برای انتخاب درون و بین خانواده‌ای نشان داد که انتخاب همزمان درون و بین خانواده بهتر از انتخاب تک کلن می‌باشد و پیشنهاد کرد که برای اصلاح در جمعیت گیاهان علوفه‌ای چند ساله باید از آزمون نتاج و انتخاب در جمعیت استفاده شود. مطالعه ترکیب‌پذیری عمومی در اسپرس نشان داد که موتاسیون مقادیر و دامنه ترکیب‌پذیری عمومی صفات عملکرد علوفه، تعداد ساقه و ارتفاع را کاهش داد، در حالی که این شاخص برای برخی صفات نظیر نسبت برگ به ساقه افزایش یافت (Baghaie-Nia et al., 2011).

پژوهش حاضر با هدف شناسایی فامیل‌های نیمه‌خواهری فسکیوی بلند با قدرت ترکیب‌پذیری عمومی بالا به منظور استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده انجام گرفت.

### مواد و روش‌ها

جهت ارزیابی ترکیب‌پذیری عمومی در گیاه فسکیوی بلند، بذور حاصل از پلی‌کراس ۲۵ ژنوتیپ (جدول ۱) منتخب از ۴۶ جمعیت جمع‌آوری شده از مناطق مختلف کشور موجود در مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی واحد مرکز، در مزرعه تحقیقاتی در اصفهان کشت و طی سال‌های ۱۳۹۱ و ۱۳۹۲ ارزیابی شدند. به منظور تهیه فامیل‌های نیمه‌خواهری، ۲۵ ژنوتیپ والدی منتخب به صورت طرح لاتیس مربع متعادل ۵×۵ با شش تکرار کشت شدند و آزادگرده‌افشانی بین آنها انجام شد. بذور حاصل از این تلاقی‌ها از هر بوته جمع‌آوری شد. عملیات آماده‌سازی و

محکم، عمیق و گسترده باعث کاهش فرسایش خاک می‌شود (Sleper & West, 1996).

در ایران فسکیوی بلند به طور طبیعی در مراتع شمالی، مرکزی و غربی رویش داشته و در تولید علوفه و حفاظت از خاک نقش ایفا می‌کند. کشت این گیاه به صورت زراعی متداول نشده است اما از ظرفیت بالایی برای تولید علوفه به صورت زراعی و مرتعی برخوردار می‌باشد (Sharifi Tehrani et al., 2009). این گیاه بهترین رشد را در شرایط سرد انجام می‌دهد، و تنها گراس فصل سرد است که تابستان‌های گرم و زمستان‌های سرد را برای چند سال متمادی تحمل می‌کند. در فسکیوی بلند نیز همچون سایر گیاهان زراعی، تولید ارقام دارای عملکرد و کیفیت مطلوب و مقاوم به آفات و بیماریها از مهمترین اهداف به‌نژادی محسوب می‌شود (Sleper & West, 1996).

گونه فستوکا خودناسازگار و دگرگشن است، که گرده‌افشانی در آن به وسیله باد صورت می‌گیرد. به دلیل کوچک بودن گلها، اخته‌کردن گل در آن دشوار می‌باشد. بنابراین بیشتر سیستم‌های اصلاحی در گراس‌های چمنی دگرگشن چند ساله نظیر فسکیوی بلند، روش‌هایی هستند که نیازی به اخته‌کردن و یا تلاقی با دست ندارند (Kasperbauer, 1990). در مراحل اولیه برنامه‌های اصلاحی برای جوامع بزرگ گیاهان علوفه‌ای از طریق ارزیابی قدرت ترکیب‌پذیری می‌توان ژنوتیپ‌های برتر را انتخاب کرد. ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ، متوسط مشارکتی است که آن ژنوتیپ در عملکرد یک سری ترکیبات هیبریدی و در مقایسه با مشارکت و نقش سایر ژنوتیپ‌ها دارد و بیانگر میزان اثر افزایشی ژنهاست (Wricke & Weber, 1986). پلی‌کراس یکی از روش‌های ارزیابی قدرت ترکیب‌پذیری عمومی می‌باشد که عبارت است از آزادگرده‌افشانی بین گروهی از ژنوتیپ‌ها به طوری که تلاقی تصادفی و یکنواخت بین آنها انجام شود. در این روش بهترین والدین از نظر قدرت ترکیب‌پذیری عمومی انتخاب و برای ایجاد رقم مورد استفاده قرار می‌گیرند (Wricke & Weber, 1986).

آزمون‌های  $T^2$  کاذب هتلینگ و  $F$  کاذب استفاده شد (Jobson, 1992). با استفاده از آزمون  $F$  کاذب، تعداد گروه مناسب آن تعدادی است که حداکثر مقدار  $F$  را دارد و بر اساس  $T^2$  کاذب هتلینگ، تعداد گروه قبل از تعداد گروه دارای افزایش ناگهانی در مقدار ( $T^2$  با حرکت از بالا به پایین در ستون تعداد گروه‌ها)، مناسب می باشد.

### نتایج

دامنه تغییرات، مقدار  $F$  و ضریب تغییرات ژنتیکی طی دو سال آزمایش برای صفات مورد مطالعه در جدول ۲ ارائه شده است. عملکرد بذر در بوته در سال اول دامنه تغییرات ۱-۳۰ گرم و در سال دوم ۱-۴۸ گرم بود. تفاوت میانگین عملکرد علوفه خشک در طی دو سال ۳۷ گرم گزارش شد که به علت استقرار بهتر بوته‌ها در سال دوم می باشد. میانگین صفات تعداد روز تا گرده افشانی، ارتفاع بوته، طول و عرض برگ پرچم در سال دوم روند کاهشی داشت.

همانطور که در جدول ۲ مشاهده می شود صفات عملکرد علوفه خشک در واحد سطح و عملکرد بذر در واحد سطح از بالاترین ضریب تغییرات ژنتیکی و صفت فنولوژیک تعداد روز تا گرده افشانی از کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی برخوردار بودند در نتیجه می توان گفت با توجه به دامنه تغییرات بیشتر صفات عملکرد بذر و علوفه، به نژادگر می تواند این صفات را مورد استفاده قرار دهد. در رابطه با صفت تعداد روز تا گرده افشانی چون ژنوتیپ‌های والدی به گونه ای انتخاب شده بودند که دارای همزمانی گرده افشانی باشند، در نتیجه تغییرات نتایج آنها در این صفات خیلی زیاد نبود تا دامنه تغییرات بالایی از خود نشان دهند.

کشت آزمایش مطابق معمول و به طور دستی انجام گرفت. آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار اجرا شد. هر پلات شامل ۲۰ بوته در دو ردیف با فاصله بین و داخل ردیف ۴۰ سانتی متر کاشته شدند. کشت بذور به صورت کپه ای انجام و سپس تنک شد. صفات روز تا گرده افشانی، طول برگ پرچم (cm)، عرض برگ پرچم (mm)، طول خوشه (cm)، تعداد ساقه بارور در بوته، عملکرد بذر در هر بوته (g)، ارتفاع بوته (cm) عملکرد علوفه تر (g)، عملکرد علوفه خشک (g) و قطر یقه (cm) روی ۳۰ بوته از هر جمعیت در هر تکرار اندازه گیری شد. ضریب تنوع ژنتیکی (CVg) به صورت زیر محاسبه شد.

$$CVg = (\sigma/g)100$$

در رابطه فوق  $\sigma$  و  $\mu$  به ترتیب انحراف معیار ژنتیکی و میانگین صفات می باشد. ترکیب پذیری عمومی از اختلاف بین میانگین هر ژنوتیپ با میانگین کل ژنوتیپ‌ها برآورد شد (Halluar & Miranda 1981).

به منظور گروه بندی ژنوتیپ‌ها از نظر قدرت ترکیب پذیری عمومی کلیه صفات، تجزیه خوشه ای به روش Ward انجام شد. این تجزیه به روش واریانس داده ها و با استفاده از ضریب مربع فاصله اقلیدسی انجام شد. برای تجزیه و تحلیل داده ها از نرم افزارهای SAS و SPSS استفاده شد. به منظور تعیین بهترین محل برش کلاستر آزمون  $F$  بیل انجام شد. در این روش تعداد گروه‌ها به عنوان تیمار و فامیل‌های داخل هر گروه به عنوان تکرار در طرح کاملا تصادفی نامتعادل در نظر گرفته می شوند. در صورت معنی دار شدن تیمار مشخص می شود محل برش درست انتخاب شده است (Jobson, 1992). برای تأیید نتایج و تعیین تعداد واقعی گروه‌ها از

جدول ۱- نام، کد شناسایی و منشأ ۲۵ ژنوتیپ والدی منتخب از جمعیت‌های فسکیوی بلند در این تحقیق

شماره	ژنوتیپ نام	کد شناسایی	نام کشور	منشأ
۱	L2P6R1	6000/39	ایران	اصفهان، یزدآباد
۲	L6P3R3	6000/78	ایران	اصفهان، سمیرم
۳	L6P2R3	6000/78	ایران	کهکیلویه، یاسوج
۴	L12P5R1	L12	ایران	اصفهان، سمیرم
۵	L12P4R3	L12	مجارستان	Tyukod
۶	M9P5R3	6000/112	ایران	اصفهان، اصفهان
۷	M9P6R3	6000/112	ایران	اصفهان، اصفهان
۸	M10P6R2	6000/9	مجارستان	Pakozd
۹	N10P2R3	06477	ایران	اصفهان، داران
۱۰	N12P6R1	RCAT041877	ایران	اصفهان، مبارکه
۱۱	O6P5R2	6000/38	آمریکا	NewJersy
۱۲	O8P6R2	6000/30-2	ایران	اصفهان، سمیرم
۱۳	O8P4R3	6000/30-2	مجارستان	Pacin
۱۴	A4P6R1	6000/A4	ایران	ایران، اصفهان، گلوگرد
۱۵	A4P2R2	6000/A4	ایران	ایران، چهارمحال، شهرکرد
۱۶	G9P2R2	6000/G9	مجارستان	Kecskemet-Solt
۱۷	G9P3R2	6000/G9	مجارستان	Tyukod
۱۸	J6P6R1	6000/J6	مجارستان	Kecskemet-Solt
۱۹	J6P2R3	6000/J6	مجارستان	Pacin
۲۰	V3P5R3	6000/V3	ایران	اصفهان، اصفهان
۲۱	G9P3R2	RCAT041815-1	مجارستان	Srakad
۲۲	J6P6R1	1000.52	ایران	ایران، شاهرود، سمنان
۲۳	J6P2R3	1000.247	ایران	اصفهان ایران،
۲۴	V3P5R3	12000.26	لهستان	نامشخص
۲۵	V3P4R2	4000.44	ایران	شاهرود، سمنان

جدول ۲- دامنه تغییرات، میانگین، مقدار F و ضریب تغییرات ژنتیکی صفات مورد مطالعه در فامیل‌های نیمه‌خواهری فسکیوی بلند

طی سال‌های ۹۱ و ۹۲

۱۳۹۲				۱۳۹۱				صفات
CV <sub>g</sub>	مقدار F	میانگین	دامنه تغییرات	CV <sub>g</sub>	مقدار F*	میانگین	دامنه تغییرات	
۱/۵	۱/۱	۸۲/۵ <sup>b</sup>	۷۶-۸۴	۲/۳	۹/۸**	۸۸/۷ <sup>a</sup>	۷۸-۹۴	روز تا گرده‌افشانی
۱۱/۲	۳/۴**	۸۹/۴ <sup>b</sup>	۴۰-۱۲۰	۲۶/۹	۱۶/۶**	۹۲/۲ <sup>a</sup>	۴۵-۱۳۰	ارتفاع بوته (cm)
۷/۹	۲/۳**	۹۸/۲ <sup>a</sup>	۵-۲۱۰	۱۶/۳	۶/۶**	۱۷/۱ <sup>b</sup>	۱-۴۶	تعداد ساقه بارور
۴/۹	۰/۹	۴/۸ <sup>b</sup>	۳-۹	۸/۸	۵/۳**	۵/۸ <sup>a</sup>	۳-۹	عرض برگ پرچم (mm)
۱۰/۷	۰/۶	۹/۵ <sup>b</sup>	۴-۲۴	۱۰/۹	۵/۱**	۱۴/۲ <sup>a</sup>	۹-۲۱	طول برگ پرچم (cm)
۷/۴	۲/۳**	۲۵/۸ <sup>a</sup>	۱۳-۳۵	۲۴/۸	۶/۷**	۲۴/۹ <sup>a</sup>	۱۳-۳۷	طول خوشه (cm)
۱۰/۴	۷/۱**	۱۵/۲ <sup>a</sup>	۱-۴۸	۹/۲	۹/۲**	۱۴/۹ <sup>a</sup>	۱-۳۰	عملکرد بذر در هر بوته (g)
۱۱۸/۲	۴۰۲۶/۸**	۱۱۴/۴ <sup>a</sup>	۱۸۷-۵۹	۱۰۱/۹۵	۳۸۴/۶*	۸۵/۵ <sup>b</sup>	۵۰-۱۳۱	عملکرد بذر در واحد سطح (g/ha)
۵۲/۶	۴/۲**	۱۶۴/۵ <sup>a</sup>	۲۴-۷۸۰	۴۹/۵	۹/۵**	۱۲۶/۶ <sup>b</sup>	۱۱-۴۰۷	عملکرد علوفه خشک (g)
۸۴۲/۳	۹۶۵۸۴/۳**	۸۹۶/۹ <sup>a</sup>	۳۲۴-۱۱۵۹	۶۰۳/۳۱	۸۷۴۵۲/۶**	۳۲۴/۰ <sup>b</sup>	۲۴۰-۴۰۰	عملکرد علوفه در واحد سطح (kg/ha)
۱۷/۲	۷/۵**	۳۱/۴ <sup>a</sup>	۱۶-۴۹	۱۹/۳	۹/۲**	۲۷/۴ <sup>a</sup>	۱۲-۴۵	قطر یقه (cm)

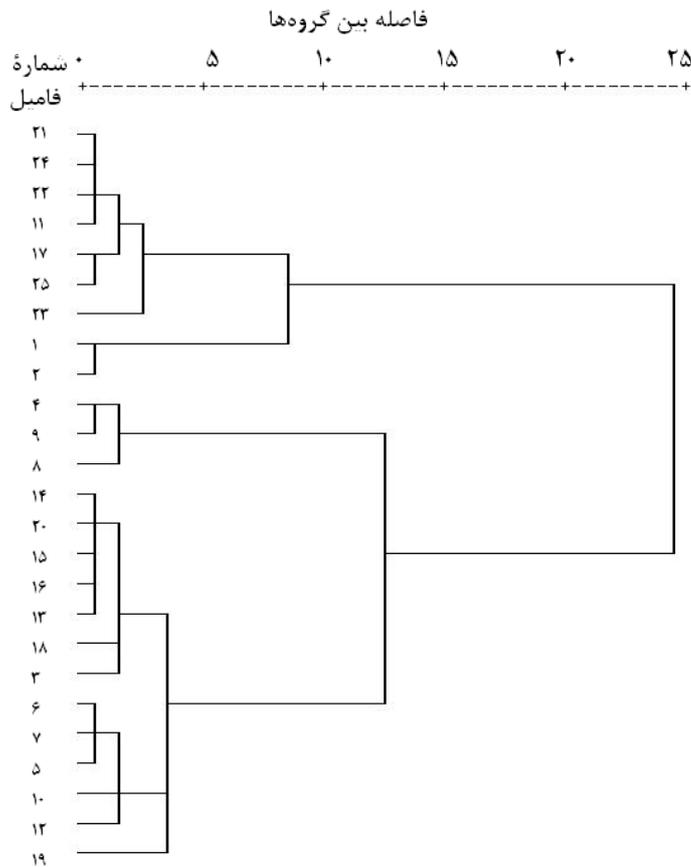
مقدار F مربوط به آزمون تفاوت بین فامیل‌های نیمه‌خواهری برای صفات مورد نظر است.

ترکیب‌پذیری عمومی برای تعداد ساقه بارور از ۶/۸۰ (ژنوتیپ ۱) تا ۳/۶۴- (ژنوتیپ ۱۱) و برای صفت عملکرد بذر در بوته از ۸/۶۷ (ژنوتیپ ۱۸) تا ۷/۹۷- (ژنوتیپ ۱۳) متغیر بود. برای صفت عملکرد علوفه تر و عملکرد علوفه خشک ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۳ و ۲۴ قدرت ترکیب‌پذیری مثبت و بالائی داشتند ولی اختلاف آنها از لحاظ آماری معنی‌دار نبود.

قدرت ترکیب‌پذیری عمومی صفات برای هر یک از فامیل‌های نیمه‌خواهری فسکیوی بلند نشان داد (جدول ۳) که برای صفت تعداد روز تا گرده‌افشانی ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۱۳ به ترتیب با ۶/۲۴ و ۷/۷۶- بیشترین و کمترین قدرت ترکیب‌پذیری عمومی را داشتند. دامنه تغییرات قدرت ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم و طول خوشه به ترتیب ۶/۳۹ تا ۴/۲۴-، ۰/۵۹ تا ۱/۷۰- و ۲/۲۰ تا ۶/۹۰- برآورد شد. دامنه قدرت

جدول ۳- قدرت ترکیب پذیری عمومی فامیل های نیمه خواهی فسکیو بلند با استفاده از میانگین دو سال

فامیل	روز تا گرده افشانی	طول برگ پرچم (cm)	عرض پرچم (mm)	طول خوشه (cm)	تعداد ساقه بارور	عملکرد بذر در بوته (g)	ارتفاع بوته (cm)	عملکرد علوفه تر (g)	عملکرد علوفه خشک (g)	قطر یقه (cm)
۱	۲/۲۴	۱/۱۷	۰/۳۷	۲/۲۰	۶/۸۰	-۴/۱۵	۲/۴۴	۹/۱۹	۱۰/۹۷	-۰/۶۵
۲	۱/۲۴	۶/۳۹	۰/۴۵	۱/۸۹	۲/۸۶	۷/۰۴	-۶/۹۰	-۲۲/۶۵	-۱۴/۲۲	۱/۸۱
۳	-۰/۷۶	-۰/۸۸	-۰/۳۳	۰/۱۴	۵/۱۰	۰/۵۱	-۱/۴۸	۱۱/۸۵	-۳/۲۷	۶/۶۸
۴	-۰/۷۶	-۰/۲۷	-۰/۲۸	-۰/۷۲	۱/۹۸	۰/۲۸	-۰/۴۱	۹/۷۷	۰/۷۹	۱۰/۰۶
۵	-۰/۷۶	-۴/۲۴	-۱/۷۰	-۶/۹۰	۲/۱۱	-۳/۴۲	-۲۸/۵۳	-۱۳/۴۸	-۱۲/۱۳	۰/۳۰
۶	-۰/۷۶	-۱/۴۴	-۰/۳۹	۰/۶۴	۰/۲۷	۰/۸۹	۱/۴۴	-۶/۱۲	-۱۰/۸۷	۴/۶۶
۷	-۰/۷۶	-۰/۴۹	-۰/۴۶	-۰/۱۰	۰/۳۴	-۰/۵۷	-۳/۱۷	-۱۸/۸۰	۰/۱۷	۹/۲۶
۸	-۰/۷۶	-۱/۹۲	-۰/۷۹	-۱/۶۸	۲/۸۷	۱/۸۰	-۵/۴۳	-۱۰/۶۷	-۸/۱۷	۲/۳۶
۹	۰/۲۴	-۰/۸۳	-۰/۴۵	۰/۱۲	-۰/۶۵	۲/۴۰	۶/۶۱	۱۴/۰۳	۱۰/۴۵	۹/۱۲
۱۰	-۱/۷۶	-۳/۱۹	-۱/۲۰	-۴/۳۱	-۲/۳۱	-۶/۹۵	-۲۳/۵۱	-۶/۴۰	-۵/۲۸	۲/۵۸
۱۱	۰/۲۴	-۱/۷۹	-۰/۰۴	۰/۵۳	-۳/۶۴	-۰/۹۰	۳/۱۷	-۳/۱۶	۱/۲۳	۲/۴۶
۱۲	۰/۲۴	-۳/۳۳	-۰/۲۸	-۲/۲۲	-۰/۴۶	۸/۳۱	-۹/۱۲	-۴۴/۶۲	-۲۰/۵۴	-۸/۴۱
۱۳	-۷/۷۶	-۳/۳۹	-۱/۲۷	-۵/۴۵	-۳/۰۹	-۷/۹۷	-۲۳/۴۴	-۳۱/۳۶	-۱۷/۵۷	-۱/۶۴
۱۴	-۰/۷۶	-۰/۹۴	-۰/۳۲	۱/۴۱	-۰/۰۴	-۰/۴۹	۴/۳۵	-۲/۰۶	-۳/۲۰	۱/۷۰
۱۵	۱/۲۴	۰/۹۵	-۰/۲۰	-۰/۱۰	-۰/۹۰	۸/۴۱	۰/۵۶	۱۹/۹۰	۱۱/۳۰	۳/۸۰
۱۶	۰/۲۴	-۱/۱۹	۰/۵۹	۰/۷۴	-۲/۴۹	-۲/۳۷	۶/۳۰	-۱۳/۹۹	-۸/۸۶	۱/۷۰
۱۷	۰/۲۴	-۰/۱۳	-۰/۱۲	۰/۴۸	۱/۸۵	۲/۲۰	۲/۶۰	-۷/۹۱	-۰/۲۹	۰/۵۸
۱۸	۰/۲۴	-۱/۰۲	-۰/۳۲	-۰/۹۳	۰/۲۱	۸/۶۷	-۳/۶۹	۱۸/۲۱	۱۵/۷۲	۲/۳۹
۱۹	۱/۲۴	۰/۱۶	-۰/۴۵	-۰/۳۸	-۲/۰۴	۷/۸۹	۳/۴۹	۱۴/۸۲	۱۱/۸۳	۳/۰۱
۲۰	۰/۲۴	۰/۱۰	-۰/۱۹	-۰/۲۴	-۲/۰۱	۷/۰۷	۴/۰۳	۲۴/۲۲	۱۱/۵۹	۱/۲۵
۲۱	۱/۲۴	-۰/۴۹	-۰/۳۲	-۰/۰۷	۰/۰۸	-۰/۵۷	۷/۶۴	-۱/۴۸	-۲/۷۳	۲/۰۲
۲۲	۰/۲۴	-۰/۶۶	-۰/۳۵	۱/۵۵	۰/۰۵	-۱/۸۰	۹/۰۶	-۸/۷۹	-۲/۹۱	۱/۰۳
۲۳	۶/۲۴	-۰/۳۶	-۰/۴۰	۰/۴۳	-۲/۰۷	۶/۳۲	۵/۳۸	۱۵/۵۸	۸/۱۹	۱/۷۸
۲۴	-۰/۷۶	-۰/۰۷	-۰/۳۶	۰/۲۵	-۲/۹۱	۶/۴۶	۲/۶۹	۱۴/۵۰	۹/۸۰	۱/۰۱
۲۵	۰/۲۴	-۱/۰۳	-۰/۲۸	۰/۱۳	-۳/۳۶	-۲/۹۱	۱/۷۴	۱/۸۴	۰/۲۲	۱/۵۸
<b>LSD</b>	۲/۳۱	۵/۴۹	۱/۰۸	۴/۷۶	۴/۳۹	۱۳/۵۸	۲۰/۸۵	۴۱/۰۴	۱۷/۸۳	۱۴/۰۶



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۲۵ فامیل نیمه‌خواهری فسکیو بلند بر اساس ترکیب‌پذیری عمومی صفات

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۲۵ فامیل نیمه‌خواهری بر اساس ترکیب‌پذیری عمومی صفات مورفولوژیک و زراعی

صفات	میانگین گروه‌ها †				میانگین مربعات داخل گروه‌ها	میانگین مربعات بین گروه‌ها	صفات
	گروه ۴	گروه ۳	گروه ۲	گروه ۱			
روز تا گرده‌افشانی	-۶/۲ <sup>b</sup>	۴/۲ <sup>a</sup>	-۳/۸ <sup>b</sup>	-۱/۱ <sup>b</sup>	۱۴/۸۷	۴۹/۷۷ *	
ارتفاع بوته	۰/۸۶ <sup>a</sup>	۱۰/۵۳ <sup>a</sup>	-۲۵/۳۳ <sup>b</sup>	-۱۷/۱۴ <sup>b</sup>	۸۱/۴۸	۱۰۰۹/۰۵**	
تعداد ساقه بارور	-۰/۹ <sup>b</sup>	۱۲/۳ <sup>a</sup>	۱/۲ <sup>b</sup>	-۵/۴ <sup>b</sup>	۳۳/۸۵	۲۱۶/۶۷**	
عرض برگ پرچم	۰/۰۸ <sup>a</sup>	۰/۰۸ <sup>a</sup>	۰/۵۳ <sup>a</sup>	۰/۰۶ <sup>a</sup>	۰/۴۹	۰/۱۸ <sup>ns</sup>	
طول برگ پرچم	-۰/۹۷ <sup>a</sup>	۱/۳۹ <sup>a</sup>	-۰/۳۶ <sup>a</sup>	-۱/۲۶ <sup>a</sup>	۰/۸۶	۰/۵۶ <sup>ns</sup>	
طول خوشه	۰/۶۱ <sup>a</sup>	۱/۱۵ <sup>a</sup>	-۲/۹ <sup>b</sup>	-۱/۳۹ <sup>ab</sup>	۵/۰۲	۱۳/۰۳ *	
عملکرد بذر در هر بوته	-۷/۲ <sup>a</sup>	۲/۴ <sup>a</sup>	-۱۸/۴ <sup>b</sup>	-۵/۰۱ <sup>a</sup>	۴۰/۳۷	۱۸۰/۹۸**	
عملکرد علوفه خشک	-۵/۹۶ <sup>b</sup>	۲۲/۵ <sup>a</sup>	-۵۷/۹۴ <sup>d</sup>	-۳۴/۲ <sup>c</sup>	۴۴/۲۱	۳۸۴۶/۵۴ **	
قطر یقه	-۱۳/۸ <sup>ab</sup>	-۱۸/۶ <sup>b</sup>	-۱۷/۷ <sup>b</sup>	-۷/۶ <sup>a</sup>	۳۴/۳۲	۱۱۸/۷۲ **	

<sup>ns</sup>, \* و \*\* به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

برای هر صفت میانگین‌های دارای حداقل یک حرف مشترک از نظر آماری و با استفاده از آزمون LSD معنی‌دار نیستند.

جدول ۵- مقادیر  $T^2$  کاذب هتلینگ و  $F$  کاذب برای تعیین تعداد واقعی گروه‌ها

گروه	اتصال خوشه‌ها	$F$ کاذب	$T^2$ کاذب
۱	گروه ۲ و گروه ۳	۰	۱۰۵
۲	گروه ۱۳ و گروه ۱۲	۰/۱۴	۲۵
۳	گروه ۴ و گروه ۷	۰/۲۶	۲۴/۵
۴	گروه ۸ و گروه ۵	۱/۸	۱۹/۶
۵	گروه ۶ و گروه ۱۰	-۱/۹	۲۳/۹
۶	گروه ۹ و گروه ۱۷	-۲/۳	۲۱/۳

شدن میانگین مربعات بین گروه‌ها در تمام صفات به جز صفات طول و عرض برگ پرچم شد (جدول ۴) که بیانگر تنوع زیاد فامیل‌ها در بین گروه‌ها نسبت به تنوع داخل گروه‌ها بود. نتایج مربوط به تجزیه واریانس و مقایسه ترکیب‌پذیری صفات در گروه‌های مختلف نشان داد که فامیل‌های گروه اول از نظر صفت قطر یقه دارای بیشترین ترکیب‌پذیری بودند. گروه دوم کمترین ترکیب‌پذیری عمومی برای طول خوشه، عملکرد بذر در بوته، عملکرد علوفه خشک و ارتفاع را داشتند. فامیل‌های گروه سوم بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی صفات تعداد روز تا گرده‌افشانی، عملکرد علوفه خشک و تعداد ساقه بارور را داشت. گروه چهارم برای اکثر صفات میانگین‌های متوسط و بالایی داشتند.

### بحث

تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی یکی از اساسی‌ترین مراحل در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد، که امکان طبقه‌بندی دقیق نمونه‌های تحت ارزیابی را فراهم کرده و به‌نژادگر را در تشخیص مواد ژنتیکی مورد نیاز خود جهت برنامه‌های بعدی و پیشبرد سریع‌تر اهداف اصلاحی یاری می‌کند. در بررسی Mohammadi و همکاران (۲۰۰۸) بر روی فسکیوی بلند صفت عملکرد علوفه بیشترین ضریب تنوع ژنتیکی و صفت ارتفاع بوته کمترین مقدار این ضرایب را داشتند. در مطالعه حاضر نیز بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی برای صفات عملکرد علوفه و عملکرد بذر مشاهده شد. دامنه تغییرات

تجزیه خوشه‌ای ۲۵ فامیل مورد مطالعه با استفاده از ترکیب‌پذیری عمومی صفات منجر به شناسایی ۴ گروه کاملاً مجزا شد (شکل ۱). بر اساس آزمون  $T^2$  کاذب هتلینگ چهار گروه ژنوتیپی تشخیص داده شد، زیرا در این آزمون در صورتی خوشه‌ها قابل ترکیب شدن هستند که مقدار  $T^2$  کاذب دارای کاهش ناگهانی باشد (Jobson, 1992). در این مطالعه وقتی که تعداد خوشه از ۳ به ۴ افزایش یافت مقدار  $T^2$  کاذب از ۲۴/۵ به ۱۹/۶ کاهش پیدا کرد. جهت تشکیل ۴ گروه، دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای در فاصله اقلیدسی ۵ قطع شد. بر اساس گروه‌بندی انجام شده، فامیل‌ها تشکیل ۴ گروه زیر را دادند که به ترتیب شامل ۲۸، ۸، ۱۲ و ۵۲ درصد از کل فامیل‌ها بودند. نام و منشأ این فامیل‌ها بر اساس نام و منشأ والد مادری در نظر گرفته شدند. در گروه اول ۷ فامیل شامل فامیل‌های ۲۱ و ۱۷ از کشور مجارستان، فامیل ۲۳ از اصفهان، فامیل ۲۲ و ۲۵ از شاهرود، فامیل ۲۴ از کشور لهستان و فامیل ۱۱ از کشور آمریکا قرار گرفتند. در گروه دوم فامیل‌های ۱ و ۲ از اصفهان و در گروه سوم فامیل‌های ۴ و ۸ از اصفهان و ۹ از مجارستان قرار گرفتند. گروه چهارم شامل ۱۳ فامیل بود که فامیل‌های ۱۰، ۱۴، ۲۰، ۱۶، ۱۳، ۱۶، ۷ از اصفهان، ۱۲، ۶، ۱۹، ۱۸ و ۵ از کشور مجارستان، ۱۵ از چهارمحال و ۳ از کهگیلویه در این گروه قرار گرفتند.

با توجه به وجود بیشترین تنوع در بین گروه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده، صحت گروه‌بندی تأیید شد (جدول ۴). تجزیه واریانس نشان داد که گروه‌بندی باعث معنی‌دار

تا گلدهی به ترتیب دارای بیشترین و کمترین قدرت ترکیب پذیری عمومی بودند را به عنوان بهترین والدین معرفی کردند. در مطالعه Basafa و Taherian (۲۰۰۹)، تعداد ۲۱ اکوتیپ یونجه مناطق سردسیر ایران بر اساس ۲۳ صفت در ۴ گروه قرار گرفتند. همچنین در بررسی Majidi (۲۰۰۸)، ۴۶ اکوتیپ مختلف از فسکیوی بلند مطالعه شد. تجزیه خوشه‌ای اکوتیپ‌ها از نظر ویژگی‌های فنولوژیک، مورفولوژیک و زراعی آنها را به پنج گروه جداگانه تقسیم کرد.

در اصلاح گیاهان علوفه‌ای، موفقیت در گزینش به تنوع ایجاد شده از نوترکیبی ژنتیکی و هتروزیس بستگی دارد. گزارش‌های متعددی در دست است که با افزایش فاصله ژنتیکی میان جمعیت‌های یک گونه، احتمال هتروزیس در برنامه‌های تلاقی افزایش می‌یابد (Feher, 1987; Hopkins, 2009). بنابراین بررسی تجزیه خوشه‌ای و همزمان با آن در نظر گرفتن ترکیب پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها برای تعیین بهترین ترکیب والدی برای تهیه ارقام ساختگی در برنامه‌های اصلاحی آینده مفید خواهد بود.

#### منابع مورد استفاده

- Aastveit, A.H. and Aastveit, K.M., 1990. Theory and application of open-pollination and polycross in forage grass breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 79: 618-624.
- Baghaie-Nia, M., Majidi M.M. and Mirlohi A., 2011. Effects of induced mutation on general combining ability and association of traits in sainfoin (*Onobrychis viciifolia* Scop). *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 18:198-181.
- Basafa, M. and Taherian, M., 2009. A study of agronomic and morphological variation in certain alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Asian Journal of Plant Science*, 8: 293-300.
- De Araujo, M.R.A. and Coulman, B.E., 2002. Genetic variation, heritability and progeny testing in meadow bromgrass. *Plant Breeding*, 121: 517- 424.
- Feher, W.R., 1987. *Principles of Cultivar Development*. Macmillan Publishing Company, New York.

وسیع قدرت ترکیب پذیری عمومی برای بیشتر صفات در این مطالعه نشان داد که پلی‌کراس می‌تواند باعث تمایز ژنوتیپ‌های والدی شده و روشی مناسب برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر برای تولید وارسته ساختگی باشد. با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های گروه سوم دارای قدرت ترکیب پذیری خوبی برای صفت عملکرد علوفه و عملکرد بذر در بوته بودند انتظار می‌رود تلاقی بین این ژنوتیپ‌های والدی باعث تولید وارسته ساختگی با عملکرد بیشتر شود. مشاهده میانگین صفات این ژنوتیپ‌ها در مطالعه Majidi (۲۰۰۸)، نشان داد که این ژنوتیپ‌ها از نظر تاریخ گرده‌افشانی دامنه ۸۲-۹۱ روز و از نظر ارتفاع دامنه ۱۰۲-۸۹ سانتی‌متر را داشتند که تقریباً در طیف یکسانی بوده و امکان تلاقی تصادفی بین آنها وجود دارد. در مطالعه De-Araujo و Coulman (۲۰۰۲)، آزمون‌های متفاوت نتایج را در بروموگراس مقایسه و اعلام شد آزمون نتایج پلی‌کراس برای شناسایی والدین برتر موثرتر بوده است. در مطالعه ترکیب پذیری عمومی در فامیل‌های سورگوم ژنوتیپ‌های دارای بیشترین و کمترین قدرت ترکیب پذیری عمومی به ترتیب برای صفات عملکرد دانه و روز تا گلدهی به عنوان بهترین والدین معرفی شدند (Kenga et al., 2005). در مطالعه Toorchi و همکاران (۲۰۰۷)، قابلیت ترکیب پذیری عمومی توده‌های بومی اسپرس تعیین و شش توده‌ای که دارای بیشترین قدرت ترکیب پذیری عمومی برای صفات عملکرد علوفه تر، عملکرد علوفه خشک، شاخص عملکرد و خوش خوراکی بودند معرفی شدند. تأثیر القای موتاسیون بر قابلیت ترکیب پذیری عمومی و روابط صفات در اسپرس در مطالعه Baghaie-Nia و همکاران (۲۰۱۱) مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه تجزیه خوشه‌ای به خوبی توانست ژنوتیپ‌ها را بر اساس برخی ویژگی‌های خاص در گروه‌های مجزا قرار دهد. به طوری که بهترین ترکیب برای دست یافتن به ژنوتیپ‌هایی با عملکرد علوفه و عملکرد دانه بیشتر معرفی شوند. توسط Kenga و همکاران (۲۰۰۵)، ترکیب پذیری عمومی فامیل‌های موتانت سورگوم بررسی شد. همچنین آنها ژنوتیپ‌هایی که برای صفات عملکرد دانه و روز

- quantitative traits in genotypes of tall fescue, *Journal of Rangelands Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 16: 254-272. (In Persian)
- Sharifi Tehrani, M., Mardi, M., Sahebi, J., Catalán, P. and Díaz-Pérez, A., 2009. Genetic diversity and structure among Iranian tall fescue populations based on genomic-SSR and EST-SSR marker analysis. *Plant Systematic and Evolution*, 282: 57–70.
- Sleper, D.A. and West, C.P., 1996. Tall fescue In: Moser L.E., Buxton D.R., Casier M.D. (Eds.) *Cool Season Forage Grasses*. Agron. Monogr. ASA, CSSA and SSSA. Madison. pp. 471-502.
- Toorchi, M., Aharizad, S., Moghaddam M., Etedali F. and Tabatabavakil, S.H., 2007. Estimation of genetic parameters and general combining ability of sainfoin landraces with respect to forage yield. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resource, Water and Soil Science*, 11: 213-222. (In Persian)
- Wricke, G. and Weber, W.E., 1986. *Quantitative Genetic and Selection in Plant Breeding*. Walter De Gruyter. New York.
- Halluar, A.R. and Miranda, J.B., 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Iowa State University Press, Ames. Iowa.
- Hopkins, A.A., Saha, M.C. and Wang. Z.Y., 2009. Breeding, genetics, and cultivars. p. 339–366. In H.A. Fribourg, Hanaway, D.B. and West C.P., (Eds.) *Tall fescue for the twenty-first century*. Agron. Monogr. 53. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
- Jobson, J. D., 1992. *Applied Multivariate Data Analysis, Volume II, Categorical and multivariate methods*, New York: Springer-Verlag, USA.
- Kasperbauer, M.J., 1990. *Biotechnology in tall fescue improvement*. CRC Press, Boca, Raton
- Kenga, R.S., Alabi, O. and Gupta, S.C., 2005. Heterosis and combining ability for grain yield and its components in induced sorghum mutants. *African Crop Science Journal*, 13: 143-152.
- Majidi, M.M., 2007. *Basic breeding studies in tall fescue germplasm*. Ph.D. dissertation. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran, (In Persian).
- Mohammadi, R., Khayamnekuie, M., and Mirlohi, F., 2008. Genetic variation and heritability of

Archive of SID

## General combining ability of half-sib families of tall fescue (*Festuca arundinaceum* Schreb)

F. Amini

- Assist. Prof., Department of Agronomy and Plant Breeding Sciences, University of Tehran, College of Aburaihan, Tehran, I.R. Iran. Email: aminif@ut.ac.ir

Received: 07.04.2015      Accepted: 25.06.2015

### Abstract

During early stages of breeding programs for large populations of forage plants, general combining ability (GCA) can be used to select superior families for development of a synthetic variety. Tall fescue is one of fescue species that are economically important and widely used as a forage grass. Tall fescue is self-incompatible and wind cross pollinated. This study was conducted to evaluate general combining ability of 25 polycross families of the species during 2012 and 2013 at a research station in Isfahan, in center part of Iran. Number of days to pollination, plant height, number of fertile tiller, length, and width of flag leaf, spike length, seed and forage yield of the families were evaluated. For number of days to pollination, genotype 13 and genotype 23 had the most and the least GCA (6.24 and -7.76), respectively. For fresh forage yield and dry forage yield, genotypes numbered 15, 18 and 19, 20, 23 and 24 had the most GCA. The six mentioned genotypes also had the most values for seed yield. It seems that crosses between the genotypes may produce synthetic varieties with high yield capacity. Cluster analysis grouped the families in four clusters. Analysis of variance showed that the third group had the highest mean for forage yield. Variation in GCA values was observed in most of the studied traits. Simultaneous studies of cluster analysis and GCA of the genotypes can help to find the best parental genotypes to produce synthetic varieties in future breeding programs.

**Keywords:** Cluster analysis, forage yield, general combining ability, tall fescue.