



مطالعه نحوه توارث و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج در مرحله جوانه‌زنی

* پیمان شریفی

عضو هیأت علمی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۹/۱۶؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۵/۱۴

چکیده

نحوه توارث صفات مرتبط با مقاومت به سرما در مرحله جوانه‌زنی در تلاقی‌های حاصل از دای آلل یک‌طرفه با استفاده از ۷ ژنوتیپ برنج مورد بررسی قرار گرفت. آنالیز واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها، قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای تمام صفات مورد مطالعه شامل درصد کاهش طول ریشه‌چه، درصد کاهش طول ساقه‌چه و درصد کاهش میزان جوانه‌زنی وجود داشت. معنی‌دار بودن GCA و SCA نشان داد که در کنترل صفات مورد مطالعه به ترتیب ژن‌های با اثرات افزایشی و غیرافزایشی نقش داشتند، اما بالا بودن نسبت واریانس غالبیت به واریانس افزایشی و مقدار پایین نسبت پیشنهادی بیکر، برتری اثرات غیرافزایشی را نسبت به اثرات افزایشی نشان داد. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات کاهش در طول ریشه‌چه، طول ساقه‌چه و میزان جوانه‌زنی به ترتیب برابر با ۶۸، ۸۱ و ۸۱ درصد برآورد شد. برآورد اثرات GCA نشان داد که والد دیلمانی به‌عنوان یک ترکیب‌پذیر عمومی ایده‌آل برای تمام صفات مورد مطالعه و همچنین والد حسنی ترکیب‌شونده عمومی مناسبی برای صفات کاهش در طول ریشه‌چه و میزان جوانه‌زنی بودند. مقدار درجه غالبیت برای صفات کاهش طول ریشه‌چه، کاهش طول ساقه‌چه و کاهش میزان جوانه‌زنی به ترتیب برابر با ۱/۹۳، ۱/۲۶، ۰/۹۹ بود که نشان‌دهنده فوق غالبیت برای صفات کاهش طول ریشه‌چه و کاهش طول ساقه‌چه و غالبیت کامل برای صفت کاهش میزان جوانه‌زنی بود. برآورد اثرات SCA نشان داد که تلاقی حسنی × ندا به‌عنوان یک تلاقی مطلوب برای مقاومت به سرما در هر سه صفت بود. در این تلاقی علاوه بر SCA معنی‌دار، هتروزیس برآورد شده نیز معنی‌دار بود. یک استنتاج کلی که می‌توان از این نتایج به‌دست آورد این است که تلاقی‌هایی که حسنی و دیلمانی یکی از والدین آنها بودند، اثرات SCA مطلوبی برای تمام صفات نشان می‌دادند و در نتیجه از این دو والد می‌توان در پروژه‌های اصلاحی استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: برنج، مقاومت به سرما، دای آلل، جوانه‌زنی

* - مسئول مکاتبه: kadose@yahoo.com

مقدمه

برنج (*Oryza sativa* L.) یکی از گیاهان حساس به سرما است که مبدأ آن مناطق گرم و نیمه گرم می باشد و به عنوان گیاهی شناخته شده است که تحت شرایط دمای پایین، عملکرد و محصول آن به طور چشمگیری کاهش می یابد (کروکی و همکاران، ۲۰۰۷). در خلال مراحل اولیه رشد و نمو برنج استرس سرمایی و یا به عبارتی کم شدن درجه حرارت سبب کاهش جوانه زنی و استقرار گیاهچه ها می شود و سبب غیریکنواختی در مراحل بلوغ و رسیدگی دانه در اواخر فصل رشد می گردد. مقاومت بالا در مرحله گیاهچه برنج در مقابل سرما یک صفت مفید برای تولید پایدار محصول در برنج است (کروز و میلچ، ۲۰۰۴). معرفی ارقام مقاوم به سرما یکی از کاراترین روش ها برای جلوگیری از خسارت سرما در برنج است (لو و همکاران، ۲۰۰۷). در مطالعاتی که بر روی ارقام مختلف برنج انجام گرفته است، مشخص گردیده است که در برنج سرمای پایین تر از ۲۰ درجه سانتی گراد سرعت و درصد جوانه زنی را کاهش می دهد (زو، ۲۰۰۸).

اصلاح ارقام مقاوم به استرس ها به خصوص سرما به عنوان یکی از اهداف عمده در پروژه های به نژادی، به اطلاعات جامعی از ساختار ژنتیکی والدین مورد تلاقی و همچنین ترکیب پذیری آنها از نظر صفات مطلوب نیاز دارد. دست یابی به چنین اطلاعاتی از طریق روش های ژنتیک کمی مانند تلاقی های دای آل امکان پذیر است. اطلاع از میزان اجزای ژنتیکی و ترکیب پذیری یکی از پیش نیازهای اصلی برای به کارگیری ارقام در پروژه های بهره گیری از هتروزیس و یا استفاده از آنها در برنامه های گزینش به شمار می رود. بنابراین، برنامه های اصلاحی بایستی بر روی ابزارها و روش هایی استوار باشند که می توانند میزان هتروزیس، نحوه عمل ژن ها و همچنین اثر متقابل آنها با یکدیگر را مشخص نمایند (ورما و همکاران، ۲۰۰۳). در حقیقت این روش ها به انتخاب والدینی مناسب برای پروژه های اصلاحی کمک می نماید (مرتضی و همکاران، ۲۰۰۵).

برنامه های اصلاحی برای مقاومت به سرما با استفاده از والدین مقاوم به سرما با خواستگاه های متفاوت، روش های اصلاحی و غربال مناسب برای ارقام برنج در آزمایشگاه، گلخانه و مزرعه امکان پذیر است. در این زمینه در تحقیقی درجه حرارت ۱۰ درجه سانتی گراد به مدت ۹ روز به عنوان دمای بحرانی در مرحله جوانه زنی برنج معرفی شده است (فارل و همکاران، ۲۰۰۶). پرینکا و همکاران (۲۰۰۰) تنوع ژنتیکی را در تعدادی از ارقام برنج جهت تعیین صفات مرتبط با مقاومت به سرما مطالعه نمودند و وراثت پذیری بالایی را برای درصد جوانه زنی و وراثت پذیری متوسط برای نسبت ساقه چه به

ریشه‌چه نشان دادند. همچنین مطالعاتی در برنج برای مقاومت به سرما در مرحله رویشی انجام گرفته است (کروز و میلچ، ۲۰۰۴؛ کروز و همکاران، ۲۰۰۶؛ پرینکا و همکاران، ۲۰۰۰). نحوه توارث صفات نیز در انتخاب روش اصلاحی مناسب بسیار مهم است. نتایج مطالعات گذشته در این زمینه نشان داده‌اند که مقاومت به سرما در مرحله جوانه‌زنی به وسیله چهار ژن غالب با اثر افزایشی و غیرافزایشی (تاکاهاشی، ۱۹۹۷؛ استاپیت و ویتکومب، ۱۹۹۸) کنترل می‌شود. هر چند در این مطالعات وجود تفکیک متجاوز نیز گزارش شد. در تحقیقی وراثت‌پذیری بالا برای صفات مرتبط با مقاومت به سرما در مرحله جوانه‌زنی ملاحظه گردید (استاپیت و ویتکومب، ۱۹۹۸). در مطالعات انجام شده نقش عمل افزایشی ژن‌ها در کنترل صفات زردی برگ‌های برنج (داتا و صدیق، ۱۹۸۳) و کاهش ارتفاع گیاه (لی و روتگر، ۱۹۸۰؛ کاو و خوش، ۱۹۸۶) در شرایط سرما مشاهده شد، اما برای صفاتی از قبیل وزن گیاه و کاهش طول ریشه اثر غیرافزایشی ژن‌ها ملاحظه گردید (داتا و صدیق، ۱۹۸۳). بنا به نظر این محققان نوع عمل ژن و وراثت کمی و یا کیفی آنها با توجه به اجزا مقاومت به سرما بسیار متغیر می‌باشد. در مطالعه‌ای دیگر با استفاده از تلاقی‌های دای‌آل، نقش عمل افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات کاهش طول ساقه‌چه و سرعت رشد آن ملاحظه گردید، اما نقش عمل غیرافزایشی ژن‌ها بیشتر از عمل افزایش بود (کروز و همکاران، ۲۰۰۶).

هدف از این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات مرتبط با مقاومت به سرما شامل کاهش میزان جوانه‌زنی، کاهش طول ریشه‌چه و کاهش طول ساقه‌چه تحت تاثیر تیمار سرمایی می‌باشد. مهمترین پارامترهای مورد نظر نوع عمل ژن، تعداد ژن‌های کنترل‌کننده، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی و فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب بودند. همچنین تشخیص ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برنج و انتخاب بهترین والدین برای مقاومت به سرما از دیگر اهداف مدنظر می‌باشند.

مواد و روش‌ها

برای این تحقیق ارقام برنج شامل حسنی، شاهپسند، دیلمانی، سپیدرود، ندا، صالح و IRFAON-215 با توجه به ارزیابی‌های مقدماتی و وجود تفاوت بین آنها از نظر صفات مرتبط با مقاومت به سرما (کاهش میزان جوانه‌زنی، طول ریشه‌چه و طول ساقه‌چه) انتخاب گردیدند. در سال ۱۳۸۵ والدین فوق در موسسه تحقیقات برنج کشور واقع در رشت کشت گردیدند و همزمان با به خورش رفتن اقدام به اخته کردن گلچه‌ها به کمک مکش و دورگ‌گیری برای تهیه بذور F_1 گردید.

ارقام والدینی و بذور F_1 حاصل از تلاقی دای آلل یک طرفه آنها برای ارزیابی مقاومت به سرما در آزمایشگاه گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت در سال ۱۳۸۷ استفاده شدند. برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها از نظر مقاومت به سرما در مرحله جوانه‌زنی با استفاده از روش کروز و همکاران (۲۰۰۶)، صفات درصد کاهش طول ریشه‌چه، کاهش طول ساقه‌چه و کاهش جوانه‌زنی تحت شرایط استرس و شاهد اندازه‌گیری شدند. قبل از شروع آزمایش بذور با استفاده از اتانول ۷۰ درصد به مدت ۳۰ ثانیه شسته شدند و پس از آن به مدت ۲۰ دقیقه در هیپوکلریت سدیم ۵ درصد قرار داده شدند و سپس ۶ مرتبه با آب مقطر استریل شستشو داده شدند. تعداد ۳۰ بذر از هر ژنوتیپ (والدینی و F_1) در پتری‌دیش بر روی کاغذ صافی مرطوب شده با آب مقطر استریل قرار داده شدند و پتری‌ها به دو تیمار ۲۵ درجه سانتی‌گراد (شاهد) و ۱۱ درجه سانتی‌گراد (تیمار سرمایی) انتقال داده شدند و به عبارتی آزمایش در دو تیمار فوق انجام پذیرفت. دو مقدار مختلف دما با استفاده از ژرمیناتور ایران خودساز (مدل IKH RH)، ۸۵ لیتری و با قابلیت کنترل دما، نور و رطوبت اجرا گردید. در هر تیمار از یک طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار استفاده شد، که بلوک‌ها طبقات مختلف ژرمیناتور بودند. داده‌های مربوط به صفات میزان جوانه‌زنی، طول ریشه‌چه و طول ساقه‌چه یادداشت‌برداری شدند و برای اندازه‌گیری درصد کاهش صفات فوق از مقایسه داده‌های دو تیمار استفاده شد و میزان کاهش صفات در شرایط تیمار سرمایی در مقایسه با شاهد به‌عنوان داده‌های نهایی در تجزیه و تحلیل‌های آماری مورد استفاده قرار گرفتند. برای محاسبه میزان جوانه‌زنی از رابطه زیر استفاده گردید.

$$\text{معیار جوانه‌زنی (برحسب درصد)} = \frac{n}{N} \times 100$$

که در آن n ، تعداد بذور جوانه زده و N ، تعداد کل بذور در هر پتری‌دیش می‌باشد.

آزمون نرمال بودن داده‌ها به روش شاپیرو و ویلک (۱۹۶۵) با استفاده از نرم‌افزار SPSS (۲۰۰۴) انجام پذیرفت و پس از اطمینان از نرمال بودن داده‌ها، تجزیه واریانس با استفاده از نرم‌افزار MSTATC (۱۹۸۶) انجام گرفت. برای تجزیه دای آلل با روش دوم گریفینگ (۱۹۵۶) از برنامه DIALLEL-SAS (ژانگ و همکاران، ۲۰۰۵) استفاده شد. مجموع مربعات ژنوتیپ‌ها به اجزای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی تفکیک شدند و با استفاده از واریانس‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، واریانس‌های افزایشی و غالبیت برآورد گردیدند.

قبل از انجام تجزیه دای آلل با روش هیمن (۱۹۵۴) آزمون برابری ضریب رگرسیون کوواریانس نتاج با والد مشترک آنها (W_T) روی واریانس ردیف‌ها (V_T) با واحد ($H_0: b=1$) برای صفات مورد

مطالعه انجام پذیرفت (متر و جینکز، ۱۹۷۷). با توجه به معنی دار بودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها و همچنین صادق بودن فرضیات مدل افزایشی- غالبیت، تجزیه دای آلل با روش هیمن (۱۹۵۴) با استفاده از برنامه dial 98 (اوکای، ۲۰۰۶) انجام گرفت. برای تعدادی از تلاقی‌ها که دارای SCA معنی دار بودند، هتروزیس با استفاده از رابطه زیر محاسبه گردید (متزینگر، ۱۹۶۲):

$$\text{هتروزیس} = \left(\frac{F_1 - MPV}{MPV} \right) \times 100$$

اختلاف میانگین F_1 از متوسط ارزش والدین (MPV) برای هر کدام از صفات با استفاده از آزمون t مطابق با رابطه زیر مورد بررسی قرار گرفت (روی، ۲۰۰۰):

$$t = \frac{\bar{F}_{ij} - MPV_{ij}}{\sqrt{\frac{3}{8}\sigma_e^2}}$$

آزمون t برای بررسی معنی دار بودن هتروزیس:

نتایج و بحث

آنالیز واریانس (جدول ۱) نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات درصد کاهش در طول ریشه‌چه، طول ساقه‌چه و میزان جوانه‌زنی تحت تأثیر تیمار سرما اختلاف معنی داری با یکدیگر دارند. بنابراین با توجه به معنی دار شدن اثر ژنوتیپ امکان تجزیه دای آلل فراهم آمد. نتایج تجزیه دای آلل به روش گریفینگ نشان داد که اثرات GCA و SCA برای تمام صفات مورد مطالعه معنی دار بودند (جدول ۱). با توجه به این که صفات فوق از مقایسه طول ریشه‌چه، طول ساقه‌چه و میزان جوانه‌زنی اندازه‌گیری شده در دو تیمار دمایی مختلف به دست آمده‌اند، به شکل معیارها و شاخص‌های نسبی می‌باشند، که میزان مقاومت ژنوتیپ‌ها را از نظر طول ریشه‌چه، طول ساقه‌چه و میزان جوانه‌زنی در مراحل اولیه رشد و نمو گیاهچه برنج نشان می‌دهند (کروز و همکاران، ۲۰۰۶).

همان‌طور که در بالا اشاره گردید قبل از اقدام به تجزیه دای آلل با روش هیمن (۱۹۵۴)، آزمون برابری ضریب رگرسیون W_T روی V_T با صفر و یک انجام گرفت که نتایج حاکی از وجود اختلاف معنی دار با عدد یک و عدم وجود تفاوت معنی دار با عدد صفر بود، لذا پیش‌فرض‌های لازم برای تجزیه دای آلل به روش‌های فوق که عمده آنها عدم وجود اپیستازی یا اثرات متقابل ژن‌های غیرآلی کنترل‌کننده صفات در والدین مورد تلاقی است، صادق بود و به عبارتی کفایت مدل افزایشی- غالبیت برای هر سه صفت مورد مطالعه ملاحظه گردید (جدول ۲).

جدول (۳) برآورد پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفات فوق را با استفاده از تجزیه دای آلل به روش گریفینگ (۱۹۵۶) را نشان می‌دهد. از آنجا که واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای تمام صفات معنی‌دار است (جدول ۱)، بنابراین در کنترل صفات مورد مطالعه به ترتیب ژن‌های با اثرات افزایشی و غیرافزایشی نقش دارند. برای تمامی صفات کوچک بودن نسبت واریانس ترکیب‌پذیری عمومی به واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی و همچنین مقدار پایین نسبت پیشنهادی بیکر (بیکر، ۱۹۷۸) بیانگر نقش بیشتر اثرات غیرافزایشی نسبت به اثرات افزایشی در تبیین صفات مرتبط با مقاومت به سرما می‌باشد. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات کاهش در طول ریشه‌چه، طول ساقه‌چه و میزان جوانه‌زنی به ترتیب برابر با ۸۶، ۶۸ و ۸۱ درصد برآورد شد. وراثت‌پذیری بالای برآورد شده که بیانگر این قابلیت توارث مطلوب این صفات است، در تحقیقات گذشته (پریانکا و همکاران، ۲۰۰۰) نیز گزارش شده است.

جدول ۱- تجزیه واریانس در یک دای آلل ۷×۷ برای ارزیابی تعدادی از صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج.

منابع تغییرات	درجه آزادی	کاهش طول ریشه‌چه (درصد)	کاهش طول ساقه‌چه (درصد)	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
تکرار	۲	۹۹۷/۳۵*	۱۱۲۳/۶۵*	۷۹۴/۸۵*
ژنوتیپ	۲۷	۹۰۰/۷۹**	۱۲۸۵/۸۹**	۲۲۱۸/۲۱**
GCA	۶	۱۱۳۱/۱۱**	۱۷۹۸/۷۴**	۳۶۶۰/۵۲**
SCA	۲۱	۶۶۱/۰۳**	۶۳۸/۸۲**	۹۵۶/۵۸**
خطا	۵۴	۲۱۷/۲۸	۲۹۲/۹۹	۱۷۱/۳۲

GCA: ترکیب‌پذیری عمومی، SCA: ترکیب‌پذیری خصوصی

* و **: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

جدول ۲- ضرایب رگرسیون W_r نسبت به V_r و تست آنها برای تعدادی از صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج در مرحله جوانه‌زنی برای بررسی کفایت مدل افزایشی - غالبیت.

صفت	$b \pm sb$	H0: $\beta=0$, t value	H0: $\beta=1$, t value
کاهش طول ریشه‌چه (درصد)	۰/۲۳±۰/۶۳	۲/۷۶**	۱/۵۹ ^{ns}
کاهش طول ساقه‌چه (درصد)	۰/۲۲±۰/۶۴	۲/۹۱*	۱/۶۶ ^{ns}
کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)	۰/۲۵۸±۱/۲۲	۴/۳۴۸**	-۰/۴۷۶ ^{ns}

ns، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

جدول ۳- برآورد پارامترهای ژنتیکی به روش گریفینگ برای صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج.

پارامترهای ژنتیکی	کاهش طول ریشه‌چه (درصد)	کاهش طول ساقه‌چه (درصد)	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
σ^2_g	۱۷/۴۱	۴۲/۹۶	۱۰۰/۱۵
σ^2_s	۱۴۷/۱	۱۱۵/۲۸	۲۶۱/۷۵
نسبت پیشنهادی بیکر	۰/۱۹	۰/۴۳	۰/۴۳
وراثت‌پذیری عمومی	۰/۸۶	۰/۶۸	۰/۸۱
وراثت‌پذیری خصوصی	۰/۲۵	۰/۱۹	۰/۰۸
σ^2_g/σ^2_s	۰/۱۲	۰/۳۷	۰/۳۸

$$\sigma^2_g: \text{ واریانس ترکیب‌پذیری عمومی، } \sigma^2_s: \text{ واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی، نسبت ژنتیکی } \frac{2\sigma_g^2}{2\sigma_g^2 + \sigma_s^2}$$

برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش هیمن (۱۹۵۴) در جدول (۴) ارائه گردیده است. این نتایج نشان دادند که برای صفات کاهش طول ریشه‌چه و کاهش طول ساقه‌چه دو جز واریانس غالبیت (H_1) و نیز شکل دیگر واریانس غیرافزایشی (H_2) معنی‌دار بودند ولی برای صفت کاهش میزان جوانه‌زنی علاوه بر دو جزء فوق واریانس افزایشی (D) نیز معنی‌دار بود. از آنجا که برآورد H_2 در دو صفت کاهش طول ریشه‌چه و کاهش طول ساقه‌چه اختلاف چشمگیری با جز H_1 نداشت، حاکی از توزیع متقارن ژن‌های منفی و مثبت کنترل‌کننده این صفات بود (ورما و سری‌واستاوا، ۲۰۰۴). میزان درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/5}$ برای صفت کاهش میزان جوانه‌زنی حدود یک (۰/۹۹) برآورد گردید و می‌توان غالبیت کامل ژن‌های عامل این صفت را نتیجه گرفت. برآورد نسبت ژن‌های غالب $[kd/(kd+kr)]$ نشان داد که برای صفت کاهش میزان جوانه‌زنی در والدین مورد استفاده فراوانی آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب بیشتر است (لنگ و هانگ، ۲۰۰۴). مقدار درجه غالبیت برای صفات کاهش طول ریشه‌چه، کاهش طول ساقه‌چه و کاهش میزان جوانه‌زنی به ترتیب برابر با ۱/۲۶، ۰/۹۹ بود که نشان‌دهنده فوق‌غالبیت برای صفات کاهش طول ریشه‌چه و کاهش طول ساقه‌چه و غالبیت کامل برای صفت کاهش میزان جوانه‌زنی بود.

جدول ۴- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای تعدادی از صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج در مرحله جوانه‌زنی با استفاده از روش همین.

پارامترهای ژنتیکی	کاهش طول ریشه‌چه (درصد)	کاهش طول ساقه‌چه (درصد)	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
واریانس افزایشی (D)	۷۰±۱۷۹/۸۲	۲۰۰/۱۲±۳۹۴/۱۲	۲۴۵/۰۹±۱۴۱۳/۳۳
واریانس غالبیت (H _۱)	۴۹±۶۶۷/۶۷	۲۵۸/۳۳±۶۲۳/۹۶	۲۴۹/۰۳±۱۳۹۰/۸۹
فرم دیگر واریانس غیرافزایشی (H _۲)	۸۷±۶۱۸/۲۹	۱۸۳/۸۱±۵۰۳/۰۷	۱۶۰/۰۱±۹۲۷/۷۸
درجه غالبیت (H _۱ /D) ^{۰.۵}	۰/۹۶±۱/۹۳	۰/۴۳±۱/۲۶	۰/۰۹±۰/۹۹
نسبت ژن‌های غالب (kd/(kd+kr))	۰/۰۸±۰/۴۸	۰/۰۹±۰/۴۹	۰/۰۳±۰/۶۷
متوسط جهت غالبیت (h)	۵/۹۷±-۲۲/۲۱	۷/۳۰±-۱۸/۸۷	۵/۵۹±۵/۱۶
نسبت ژن‌های دارای اثرات مثبت و منفی (H _۲ /H _۱)	۰/۲۳	۰/۲۰	۰/۱۷

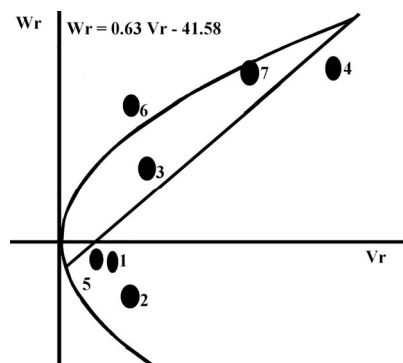
درصد کاهش طول ریشه‌چه: درصد کاهش طول ریشه‌چه رابطه معکوس با مقاومت به سرما دارند، به عبارتی ژنوتیپ‌هایی که کاهش میزان صفات در آنها بیشتر است و تحت‌تأثیر سرما مقدار هر کدام از صفات بیشتر کاهش یافته‌اند، مقاومت کمتری به سرما دارند. اثرات ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای صفت درصد کاهش طول ریشه‌چه و همچنین متوسط میزان کاهش در صفت فوق برای والدین و هیبریدهای حاصل از تلاقی آنها در جدول ۵ ارائه شده است. برای کاهش در طول ریشه‌چه دامنه تغییرات در تلاقی‌های F_۱ از ۹۲/۸۳ درصد (شاه‌پسند × IRFAON215) تا ۳۵/۵۳ درصد (دیلمانی × IRFAON215) متغیر بود. در تعدادی از هیبریدها نظیر شاه‌پسند × حسنی، شاه‌پسند × سپیدرود، شاه‌پسند × ندا، شاه‌پسند × صالح، حسنی × سپیدرود، سپیدرود × صالح، سپیدرود × ندا، ندا × دیلمانی و صالح × IRFAON215 مقدار میانگین کاهش در طول ریشه‌چه از والدین مربوطه کمتر بود. همچنین نتایج حاصله نشان داد که GCA به‌طور مثبت برای شاه‌پسند و صالح و به‌طور منفی برای دیلمانی معنی‌دار است. قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای این صفت در تلاقی‌های شاه‌پسند × سپیدرود و حسنی × ندا به‌طور منفی معنی‌دار گردید (جدول ۵).

جدول ۵- برآورد ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) (ستون آخر)، خصوصی (SCA) (بالای قطر)، متوسط کاهش در طول ریشه‌چه (پایین قطر) و والدین (قطر) در برنج.

ژنوتیپ	شاهپسند	حسنی	سپیدرود	ندا	دیلمانی	صالح	IRFAON-215	GCA
شاهپسند	۷۶/۷۸	-۷/۸۹	*-۱۵/۷۵	-۶/۳۲	۱۳/۵۴	-۱۲/۷۵	۳۳/۶۱	۸/۶۶*
حسنی	۵۸/۳۵	۷۷/۳۶	-۱/۵۹	-۲۴/۴۱**	۱۴/۸۱	۷/۹۶	-۳۶/۶۲	-۴/۰۹
سپیدرود	۵۹/۴۵	۶۰/۸۵	۸۱/۸۷	-۵/۱۹	-۵/۲۵	-۱/۵۴	۸/۴۰	۴/۸۶
ندا	۶۷/۰۵	۳۶/۲۱	۶۴/۳۹	۹۸/۵۶	-۸/۵۸	۱۴/۳۱	-۳۱/۴۳	۳/۰۳
دیلمانی	۶۹/۱۵	۵۷/۶۷	۴۶/۵۶	۴۱/۴۱	۴۵/۱۶	-۹/۷۹	-۳۰/۶۰	-۱۴/۷۲**
صالح	۶۶/۵۳	۷۴/۴۹	۷۳/۹۴	۸۷/۹۷	۴۶/۱۱	۸۱/۳۳	-۱/۷۰	۸/۹۴*
IRFAON-215	۹۲/۸۳	۶۲/۰۱	۸۹/۱۹	۸۸/۲۱	۳۵/۵۳	۶۵/۷۵	۷۷/۴۶	-۶/۶۹
			LSD5%	۲۳/۵۷				
			LSD1%	۳۱/۰۳				

* و **: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

نتایج تجزیه گرافیکی برای این صفت نشان می‌دهد که رقم ندا با بیشترین میزان کاهش طول ریشه‌چه (۹۸/۵۶) در دورترین نقطه از مبدأ مختصات و ارقام بومی شاهپسند، دیلمانی و حسنی نزدیک به آن قرار داشتند (شکل ۱). ژنوتیپ‌هایی که در قسمت پایین خط رگرسیون قرار گرفتند، دارای ژن‌های غالب بودند، زیرا نتاج مربوط به والد برخوردار از ژن‌های غالب تقریباً یکنواخت‌تر بوده و دارای واریانس کمتری هستند (کرسی و پونی، ۱۹۹۶). از آنجا که والد دیلمانی برای این صفت نزدیک‌ترین والد به مبدأ مختصات بود، دارای بیشترین وفور آلل‌های غالب بود و از طرفی والد ندا که دورترین والد از مبدأ مختصات بود، دارای بیشترین تعداد آلل‌های مغلوب بود. این نتیجه از جدول (۸) نیز استنتاج می‌گردد. همچنین پراکندگی والدین در طول خط رگرسیون مبین وجود تنوع ژنتیکی و وجود ژن‌های غالب و مغلوب در والدین مورد مطالعه بود. همچنین برای این صفت خط رگرسیون محور W_T و سهمی محدودکننده را در بخش منفی قطع نمود، که نشان‌دهنده فوق‌غالبیت ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است.



شکل ۱- رگرسیون W_r بر روی V_r برای درصد کاهش طول ریشه چه
(۱: شاه‌پسند؛ ۲: حسنی؛ ۳: سپیدرود؛ ۴: ندا؛ ۵: دیلمانی؛ ۶: صالح؛ ۷: IRFAON-215).

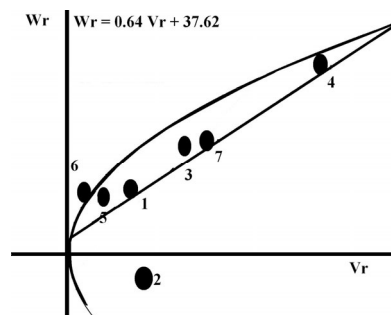
درصد کاهش طول ساقه‌چه: میزان کاهش طول ساقه‌چه در تلاقی‌های F_1 از ۹۲/۰۶ درصد (شاه‌پسند \times IRFAON215) تا ۲۱/۳۸ درصد (حسنی \times دیلمانی) متغیر بود (جدول ۶). همچنین در هیبریدهای حسنی \times دیلمانی، حسنی \times سپیدرود، حسنی \times ندا، حسنی \times IRFAON215، حسنی \times صالح، سپیدرود \times صالح، سپیدرود \times ندا، سپیدرود \times دیلمانی و صالح \times IRFAON215 میزان کاهش در طول ساقه‌چه از متوسط والدین پایین‌تر بود. نتایج بررسی ترکیب‌پذیری عمومی برای این صفت نشان داد که GCA در والدین حسنی و دیلمانی (به‌طور منفی) و صالح (مثبت) معنی‌دار بودند. برای این صفت همچنین نشان داده شد که SCA به‌طور مثبت برای تلاقی شاه‌پسند \times IRFAON215 و به‌طور منفی برای تلاقی حسنی \times ندا معنی‌دار بودند (جدول ۶).

نتایج تجزیه گرافیکی برای صفت درصد کاهش طول ساقه‌چه نشان می‌دهد که رقم حسنی با کمترین میزان کاهش طول ساقه‌چه در بین والدین (۴۴/۷۷) نزدیک مبدأ مختصات و رقم ندا با حداکثر میزان صفت در دورترین نقطه قرار داشتند. همچنین پراکندگی والدین در طول خط رگرسیون مبین وجود تنوع ژنتیکی و وجود ژن‌های غالب و مغلوب در والدین مورد مطالعه بود. از آنجا که والد حسنی برای این صفت نزدیک‌ترین والد به مبدأ مختصات بود، دارای بیشترین وفور آلل‌های غالب بود و از طرفی والد ندا که دورترین نقطه از مبدأ مختصات قرار داشت، دارای بیشترین تعداد آلل‌های مغلوب بود. برآورد نسبت‌های غالبیت در والدین مورد مطالعه (جدول ۸) نیز این نتیجه را مورد تایید قرار می‌دهد. این نتیجه مبین این است که میزان کمتر کاهش در طول ساقه‌چه (و به‌عبارتی مقاومت بیشتر در قبال سرما از نظر صفت طول ساقه‌چه) در ارقام مورد مطالعه توسط آلل‌های غالب کنترل می‌شود (شکل ۲).

جدول ۶- برآورد ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) (ستون آخر)، خصوصی (SCA) (بالای قطر)، متوسط کاهش طول ساقه‌چه (پایین قطر) و والدین (قطر) در برنج.

GCA	IRFAON-215	صالح	دیلمانی	ندا	سپیدرود	حسنى	شاهپسند	ژنوتیپ
۶/۴۵	۶۶/۴۵*	-۱۱/۰۲	۱/۳۷	-۱۴/۱۹	-۸/۹۴	۷/۷۷	۴۸/۸۱	شاهپسند
-۱۸/۲۹*	-۵۰/۱۷	۱۶/۸۸	-۵/۰۷	-۲۰/۶۳*	۱/۷۴	۴۴/۷۷	۵۲/۵۶	حسنى
۲/۰۶	-۱۳/۵۳	-۸/۳۰	-۵/۱۰	-۸/۷۶	۸۲/۱۹	۴۲/۱۴	۵۶/۲۰	سپیدرود
۴/۹۲	-۳۹/۸۲	۱۱/۲۵	۷/۶۱	۹۸/۷۵	۵۴/۸۵	۲۲/۶۲	۵۳/۸۱	ندا
-۱۱/۸۷**	-۲۱/۷۸	-۵/۴۳	۴۷/۰۸	۵۷/۲۹	۴۱/۷۱	۲۱/۳۸	۵۲/۵۸	دیلمانی
۱۲/۷۵**	۹/۰۱	۷۵/۹۴	۵۲/۰۸	۸۵/۵۶	۶۳/۱۴	۶۷/۹۷	۶۴/۸۱	صالح
۳/۹۷	۸۹/۴۹	۶۹/۹۸	۵۵/۳۴	۹۰/۲۵	۹۲/۰۲	۴۱/۶۱	۹۲/۰۶	IRFAON-215
				LSD5%	۲۷/۳۹			
				LSD1%	۳۶/۰۶			

* و **: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.



شکل ۲- رگرسیون W_r بر روی V_r برای درصد کاهش طول ساقه‌چه

(۱: شاهپسند؛ ۲: حسنى؛ ۳: سپیدرود؛ ۴: ندا؛ ۵: دیلمانی؛ ۶: صالح؛ ۷: IRFAON-215).

درصد کاهش میزان جوانه‌زنی: تلاقی‌های F_1 دارای دامنه‌ای از ۹۶/۸۳ درصد (شاهپسند \times IRFAON215) تا ۱۱/۴۷ درصد (حسنى \times ندا) برای کاهش در میزان جوانه‌زنی بودند (جدول ۷). در هیبریدهای سپیدرود \times ندا، شاهپسند \times سپیدرود، حسنى \times ندا تلاقی‌ها میانگین جوانه‌زنی پایین‌تر از والدین را نشان دادند. نتایج بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی نشان داد که

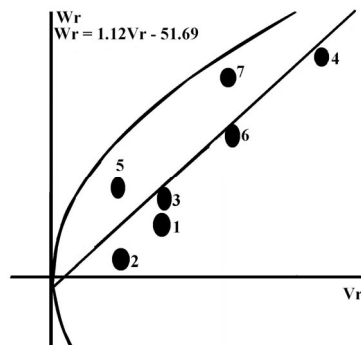
مقدار GCA در دو والد شاهپسند و IRFAON215 به طور مثبت و در دو والد حسنی و دیلمانی به طور منفی معنی دار شده‌اند. مقدار SCA به طور منفی در بعضی از تلاقی‌ها نظیر شاهپسند × سپیدرود، حسنی × ندا و ندا × IRFAON215 معنی دار است و حال آن‌که برای تلاقی‌های شاهپسند × IRFAON215، صالح × IRFAON215 و شاهپسند × صالح به طور مثبت معنی دار شده است (جدول ۷).

تجزیه گرافیکی W_r روی V_r خط رگرسیون محور W_r و سهمی محدودکننده را در بخش منفی قطع نمود. پراکندگی والدین در طول خط رگرسیون نشان‌دهنده متنوع بودن والدین مورد مطالعه می‌باشد. قرار گرفتن ارقام حسنی و ندا به ترتیب در نزدیک‌ترین و دورترین نقطه از مبدأ مختصات بیانگر این است که این دو رقم به ترتیب حاوی بیشترین آلل‌های غالب و مغلوب کنترل‌کننده درصد کاهش میزان جوانه‌زنی بودند (شکل ۳). برآورد نسبت‌های غالبیت در والدین نیز نشان می‌دهد که نسبت آلل‌های غالب در دو رقم فوق به ترتیب برابر با ۰/۸۹ و ۰/۳۷ است (جدول ۸).

جدول ۷- برآورد ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) (ستون آخر)، خصوصی (SCA) (بالای قطر)، متوسط کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد) (پایین قطر) و والدین (قطر) در برنج.

GCA	IRFAON -215	صالح	دیلمانی	ندا	سپیدرود	حسنی	شاهپسند	ژنوتیپ
۱۴/۵۳**	۶۹/۱۸**	۱۴/۲۲**	۶/۹۳	۰/۹۹	-۲۴/۶۱**	-۲/۵۱	۴۹/۴۴	شاهپسند
-۲۲/۰۱**	-۲۱/۶۲	۱۱/۳۶	۵/۸۰	-۱۷/۰۷*	-۰/۰۵	۲۰/۵۰	۴۲/۴۷	حسنی
۲/۹۴	۱/۸۳	۶/۴۶	۱۰/۹۵	-۷/۹۴	۶۵/۰۲	۳۳/۳۳	۴۵/۳۲	سپیدرود
-۱/۸۹	-۸۶/۳۲**	۶/۶۶	۳/۳۲	۹۸/۸۵	۴۵/۵۵	۱۱/۴۷	۶۶/۰۹	ندا
-۱۸/۱۷**	-۱۰/۹۷	-۸/۹۷	۱۲/۵۷	۳۵/۷۰	۴۸/۱۸	۱۸/۰۸	۵۵/۷۵	دیلمانی
-۰/۲۴	۶۵/۳۲**	۴/۴۴	۲۵/۰۶	۵۶/۹۸	۶۱/۶۲	۴۱/۵۷	۷۰/۹۸	صالح
۲۴/۸۴**	۹۳/۴۳	۴۷/۳۲	۴۱/۰۸	۸۹/۴۵	۹۵/۴۴	۵۷/۷۸	۹۶/۸۳	IRFAON -215
				LSD5%	۲۰/۹۳			
				LSD1%	۲۷/۵۵			

* و **: به ترتیب نشان‌دهنده معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.



شکل ۳- رگرسیون W_r بر روی V_r برای درصد کاهش جوانه‌زنی
(۱: شاه‌پسند؛ ۲: حسنی؛ ۳: سپیدرود؛ ۴: ندا؛ ۵: دیلمانی؛ ۶: صالح؛ ۷: IRFAON-215).

با توجه به این‌که صفات مرتبط با مقاومت به سرما کمی هستند، برآورد ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، وراثت‌پذیری و نحوه توارث آنها در ترکیب ژن‌های مطلوب در ارقام آینده حائز اهمیت است. اثرات ژنتیکی برآورد شده برای تمام صفات اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی را در مقایسه با اثرات افزایشی نشان داد. این نتایج مطابق با یافته‌های کرووز و همکاران (۲۰۰۶) مبنی بر نقش اثرات غیرافزایشی در کنترل میزان کاهش در میزان جوانه‌زنی بود. بنابراین، با وجود مقاوم بودن بعضی از ارقام برنج آنها نیز در شرایط محدود به‌مدت طولانی قرار گیرند، سریعاً قدرت زنده ماندن خودشان را از دست می‌دهند.

جدول ۸- برآورد نسبت‌های غالبیت در والدین تعدادی از صفات مرتبط با مقاومت به سرما در برنج در مرحله جوانه‌زنی.

نسبت آلل‌های والد	کاهش طول ریشه‌چه (درصد)	کاهش طول ساقه‌چه (درصد)	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
شاه‌پسند	۰/۸۳	۰/۶۳	۰/۷۹
حسنی	۰/۸۴	۰/۸۰	۰/۸۹
سپیدرود	۰/۵۴	۰/۳۷	۰/۷۵
ندا	-۰/۲۰	-۰/۱۸	۰/۳۷
دیلمانی	۰/۸۵	۰/۷۲	۰/۷۹
صالح	۰/۴۶	۰/۷۶	۰/۵۸
IRFAON-215	۰/۰۴	۰/۳۰	۰/۵۱

جدول ۹- محاسبه هتروزیس برای تلاقی‌های دارای SCA معنی‌دار.

میزان هتروزیس	تلاقی	صفت
-۲۵/۰۶*	سپیدرود × شاه‌پسند	کاهش طول ریشه‌چه (درصد)
-۵۸/۸۳**	ندا × حسنی	
۳۳/۱۳*	شاه‌پسند × IRFAON-215	کاهش طول ساقه‌چه (درصد)
-۶۸/۴۸**	ندا × حسنی	
-۲۰/۸۱	شاه‌پسند × سپیدرود	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
-۸۰/۷۸**	ندا × حسنی	
۱۶۳/۴۷**	شاه‌پسند × صالح	کاهش میزان جوانه‌زنی (درصد)
۳۵/۵۵**	شاه‌پسند × IRFAON-215	
-۶/۹۶	ندا × IRFAON-215	
۳/۳۰	صالح × IRFAON-215	

* و **: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

نتیجه این‌که در این مطالعه والدین با GCA منفی نشان دادند که این ارقام برای بهبود مقاومت به سرما والدینی مطلوب می‌باشند، در صورتی‌که ارقام با GCA مثبت برای صفات مطالعه شده از نظر مقاومت به سرما، والدین نامطلوبی بودند. برای تلاقی‌هایی که دارای SCA معنی‌دار بودند، هتروزیس محاسبه و معنی‌دار بودن آنها نیز با آزمون t بررسی شد و نتایج نشان دادند (جدول ۹) که تلاقی‌هایی با SCA منفی و مثبت به ترتیب هتروزیس بالا برای مقاومت به سرما و حساسیت به سرما را در مرحله جوانه‌زنی نشان دادند. واریانس SCA در برگ‌گیرنده اثرات غیرافزایشی در کنترل صفات هستند، در حالی‌که واریانس GCA واکنشی از عمل افزایشی است. جز غیرافزایشی عمل ژن نشان می‌دهد که والدین مورد نظر برای استفاده در پروژه‌های هیبرید می‌توانند دارای اهمیت باشند. مطالعه اثرات GCA و همچنین میانگین صفات نشان داد که دیلمانی به‌عنوان یک والد ایده‌آل برای ترکیب‌پذیری عمومی در تمام صفات است و همچنین حسنی ترکیب‌کننده عمومی مناسبی برای طول ریشه‌چه و میزان جوانه‌زنی می‌باشد. بیشترین کاهش صفات فوق را رقم ندا و کمترین میزان کاهش مربوط به رقم دیلمانی (طول ریشه‌چه)، حسنی (طول ساقه‌چه) و صالح (میزان جوانه‌زنی) بود. برآورد اثرات SCA نشان داد که تلاقی حسنی × ندا به‌عنوان یک تلاقی مطلوب برای مقاومت به سرما در هر سه صفت می‌باشد. بررسی هتروزیس نیز این موضوع را مورد تأیید قرار می‌دهد و نشان می‌دهد که تلاقی مذکور

از نظر هر سه صفت مورد مطالعه دارای هتروزیس منفی معنی دار می باشد. یک استنتاج کلی که می توان از این نتایج به دست آورد این است که تلاقی هایی که حسنی و دیلمانی یکی از والدین آنها هستند، اثرات GCA مطلوبی برای تمام صفات نشان می دهند و در نتیجه از این دو والد می توان در پروژه های اصلاحی استفاده نمود.

فهرست منابع

- Baker, R.J. 1978. Issues in Diallel Analysis. *Crop Sci.* 18: 533-536.
- Cruz, R.P., and Milach, S.C.K. 2004. Cold tolerance at the germination stage of rice: Methods of evaluation and characterization of genotypes. *Sci. Agric.* 61: 1-8.
- Cruz, R.P., Milach, S.C.K., and Luiz, C.F. 2006. Inheritance of rice cold tolerance at the germination stage. *Genet. Molec. Biol.* 29: 314-320.
- Datta, D., and Siddiq, E.A. 1983. Genetic analysis of cold tolerance at seedling phase in rice. *Indian J. Genet. P. Breed.* 43: 345-349.
- Farrell, T.C., Fox, K.M., Williams, R.L., and Fukai, S. 2006. Genotypic variation for cold tolerance during reproductive development in rice: Screening with cold air and cold water. *Field Crops Res.* 98: 178-194.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463-493.
- Hayman, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789-809.
- Kaw, R.N., and Khush, G.S. 1986. Combining ability for low-temperature tolerance in rice. *Proceedings International Rice Genetics Symposium, Los Baños, Philippines*, Pp: 593-612.
- Kearsey, M.L., and Pooni, H.S. 1996. *The genetic analysis of quantitative traits.* Chapman and Hall, London. 381 p.
- Kuroki, M., Saito, K., Matsuba, S., Yokogami, N., Shimizu, H., and Sato, Y. 2007. A quantitative trait locus for cold tolerance at the booting stage on rice chromosome 8. *Theor. Appl. Genet.* 115: 593-600.
- Leng, Y., and Hong, D.L. 2004. Grain quality and genetic analysis of hybrids derived from different ecological types in japonica rice (*Oryza sativa* L.). *Rice Sci.* 11: 165-170.
- Li, C.C., and Rutger, J.N. 1980. Inheritance of cool-temperature seedling vigor in rice and its relationship with other agronomic characters. *Crop Sci.* 20: 295-298.
- Lou, Q., Chen, L., Sun, Z., Xing, Y., Li, J., Xu, X., Mei, H., and Luo, L. 2007. A major QTL associated with cold tolerance at seedling stage in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica* 158: 87-94.

- Mather, K., and Jinks, J.L. 1982. Biometrical genetics. The study of continuous variation. 3rd ed. London: Chapman and Hall.
- Mather, K., and Jinks, J.L. 1977. Introduction to biometrical genetics. Cornell Univ. Press, Ithaca, NY, Pp: 73-80.
- Matzinger, D.F., Mann, T.J., and Cokerham, C.C. 1962. Diallel crosses in nicotina tabacum. Crop Sci. 2: 383-386.
- MSTATC. 1986. Microcomputer statistical programme. Michigan State University, Michigan, East Lansing, U.S.A.
- Murtaza, N., Kitaoka, M., and Ali, G.M. 2005. Genetic differentiation of cotton cultivars by polyacrylamide gel electrophoresis. J. Centr. Europe Agric. 6: 69-76.
- Prianka, K., Mishra, S.B., and Thakur, R. 2000. Genetic variability for germination and seedling growth in rice (*Oryza sativa*) under cold stress. Ann. Agric. Res. 21: 331-334.
- Roy, D. 2000. Plant breeding analysis and exploitation of variation. Alpha Science International LTD, Pp: 701.
- Shapiro, S.S., and Wilk, M.B. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). Biometrika 52: 591-611.
- SPSS Inc. 2004. SPSS 14. SPSS users guide. SPSS Inc, Chicago, IL., USA.
- Sthapit, B.R., and Witcombe, J.R. 1998. Inheritance of tolerance to chilling stress in rice during germination and plumule greening. Crop Sci. 38: 660-665.
- Takahashi, N. 1997. Inheritance of seed germination and dormancy. In: Matsuo, T., Futsuhara, Y., Kikuchi, F., and Yamaguchi, H. (eds) Science of the Rice Plant: Genetics. Food and Agriculture. Policy Research Center, Tokyo, Pp: 348-359.
- Ukai, Y. 2006. DIAL98. A package of programs for the analyses of a full and half diallel table with the methods by Hayman (1954), Griffing (1954) and others. Available from: <http://lbn.ab.a.u-tokyo.ac.jp/~ukai/dial98.html>
- Verma, O.P., and Srivastava, H.K. 2004. Genetic component and combining ability analyses in relation to heterosis for yield and associated traits using three diverse rice-growing ecosystems. Field Crop Res. 88: 91-102.
- Verma, O.P., Santoshi, U.S., and Srivastava, H.K. 2003. Governance of gene action and combining ability for certain grain quality trait(s) in three diverse rice (*Oryza sativa* L.) growing ecosystems. J. Sustain Agric. Pp: 22: 63-78.
- Xu, L.M., Zhou, L., Zeng, Y.W., Wang, F.M., Zhang, H.L., Shen, S.Q., and Li, Z.C. 2008. Identification and mapping of quantitative trait loci for cold tolerance at the booting stage in a japonica rice near-isogenic line. Plant Sci. 174: 340-347.
- Zhang, Y., Kang, M.S., and Lamkey, K.R. 2005. DIALLEL-SAS05: A Comprehensive Program for Griffing's and Gardner-Eberhart Analyses. Agron. J. 97, 1097-1106.



Inheritance of Cold Resistance and estimation of genetic parameters in rice at the germination stage

***P. Sharifi**

Faculty of Member, Dept. of Plant Breeding and Agronomy, Faculty of Agriculture,
Islamic Azad University, Rasht Branch, Iran

Abstract

The inheritance of cold resistance was evaluated at the germination stage in crosses between seven rice genotypes as half diallel. Analysis of variance indicated that there were highly significant differences among the genotypes, general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) for percentage of reduction in radicle length (RL), percentage of reduction in plumule length (PL) and percentage of reduction in germination (GP). Significance of GCA and SCA revealed that additive and non-additive gene effects were controlled the inheritance of studied traits, but according to the higher magnitude of the dominance variance than additive variance and low value of genetic ratio showed that non-additive gene action was predominant than additive. Broad-sense heritability were 86, 68 and 81% for RL, PL and GP respectively. The assessments of GCA effects revealed that Deilamani was an ideal general combiner characters and superior variety for all Hassani was also a good general combiner for PL and GP. The degree of dominance were 1.93, 1.26 and 0.99 for RL, PL and GP respectively and indicated over-dominance of gene effects for RL and PL and dominance effects for GP. The estimates of SCA effects of top ranking crosses indicated that Neda×Hassani could be regarded as the most desirable cross combination for all of three traits. In this cross SCA effect and estimated heterosis were significant and negative. Consequently crosses that Hassani and Deilamani was one of the parents, indicated desirable SCA effects for all of the traits, and could be used for breeding programmes.

Keywords: rice; cold; tolerance; diallel; reduction; germination

*- Corresponding Author; Email: kadosse@yahoo.com

