

برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده زمان گل‌دهی در گوجه‌فرنگی با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها

جمیله رهایی (۱)، یوسف حمیداوغلی (۲) و بابک ربیعی (۳)

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد علوم باغبانی دانشگاه گیلان، ۲- عضو هیئت علمی رشته علوم باغبانی دانشگاه گیلان، ۳- عضو هیئت علمی رشته اصلاح نباتات دانشگاه گیلان

چکیده

تولید ارقام زودرس گوجه فرنگی که دارای طول دوره باردهی طولانی و عملکرد بالایی باشند، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. بنابراین به منظور برآورد وراثت‌پذیری و نحوه عمل ژن‌های کنترل کننده زمان گل‌دهی در گوجه‌فرنگی، تلاقی بین رقم تجاری (P1) Peto Early و واریته محلی گوجه‌فرنگی (P2) صورت گرفت و در طی دو سال زراعی نسل‌های F1، RF1، F2، RF2، BC1 و BC2 تهیه شدند. سپس در سال زراعی سوم والدین به همراه شش نسل تهیه شده، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند و زمان تشکیل اولین گل در هر بوته مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که میانگین مربعات نسل‌ها برای این صفت معنی‌دار بود، بنابراین تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفت زمان گل‌دهی انجام شد. نتایج حاصل از تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که مدل سه پارامتری افزایشی - غالبیت، بهترین مدل در کنترل ژنتیکی این صفت بود، به همین جهت این مدل برای تخمین پارامترهای ژنتیکی انتخاب شد. همچنین مشخص شد که اثرات غالبیت ژن‌ها بیشترین تاثیر را در توارث صفت زمان گل‌دهی داشتند. وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفت مورد بررسی به ترتیب ۶۸/۹۳ و ۵۷/۲۷ درصد تخمین زده شد و تعداد ژن‌های کنترل کننده این صفت نیز حدود یک ژن برآورد گردید.

مقدمه

گوجه‌فرنگی با نام علمی *Lycopersicon esculentum* Mill. از تیره *Solanaceae* گیاهی چند ساله است، اما در تمام نقاط دنیا به صورت گیاهی یکساله کشت می‌شود (۴). این محصول به دلیل برخورداری از مواد مغذی به‌ویژه انواع ویتامین‌ها از جمله ویتامین C، بتاکاروتن و لیکوپن که خاصیت آنتی‌اکسیدانی دارند، نقش موثری در پیشگیری از ابتلاء به انواع بیماری‌ها بویژه سرطان ایفا می‌کند. گونه‌های وحشی گوجه‌فرنگی به دلیل وجود ژن‌های مقاوم به تنش‌های زیستی^۱ و غیرزیستی^۲، منبع با ارزش ژنتیکی در اصلاح گوجه‌فرنگی تجاری محسوب شده و بهبود ارزش ژنتیکی برخی از صفات ارقام تجاری از طریق تلاقی آنها با ارقام وحشی امکان‌پذیر است (۳). امروزه تولید ارقام زودرس گوجه فرنگی که دارای طول دوره باردهی طولانی و همچنین عملکرد بالایی باشند، یکی از مهم‌ترین اهداف برنامه‌های اصلاحی به شمار می‌رود. از طرفی بسیاری از صفات از جمله زمان گل‌دهی در گوجه فرنگی جزء صفات کمی

¹. Biotic

². Abiotic

محسوب می‌شود و این صفت به شدت تحت تاثیر محیط قرار دارد، لذا آگاهی از اثرات ژن‌های کنترل کننده این صفت و نحوه توارث آن از اهمیت خاصی برخوردار است (۱ و ۴). در این میان یکی از بهترین روش‌های موجود برای برآورد پارامترهای ژنتیکی، روش تجزیه میانگین نسل‌ها است که تاکنون توسط محققین زیادی مورد استفاده قرار گرفته است. در این روش علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها، اثرات اپیستازی نیز برآورد می‌گردد (۲ و ۵). فولاد و همکاران (۲۰۰۱) به منظور تجزیه ژنتیکی صفت مقاومت به سرما در مرحله رشد رویشی گوجه فرنگی در نسل‌های مختلف انجام گرفت، نشان دادند که این صفت تحت تاثیر اثر افزایشی و اثر متقابل افزایشی \times افزایشی ژن‌ها قرار دارد. روف و امرسون (۲۰۰۶) با مطالعه اثرات ژن‌ها روی صفات مرفولوژی و صفات مربوط به Life-history در گیاهان مختلف از جمله گوجه فرنگی نشان دادند که صفات مربوط به Life-history مانند تعداد روز تا تشکیل جوانه گل توسط اثرات غالبیت و اپیستازی ژن‌ها کنترل می‌شوند.

هدف از این پژوهش ارزیابی نحوه وراثت پذیری، برآورد پارامترهای ژنتیکی و تعداد ژن‌های کنترل کننده صفت زمان گل‌دهی در گوجه فرنگی از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها بود.

مواد و روش‌ها

۱- انجام تلاقی، تهیه نسل‌ها و اندازه‌گیری صفات

والدین مورد استفاده در این تحقیق، رقم تجاری Peto Early (P1) و واریته محلی گوجه‌فرنگی گیلان (P2) بودند. والد محلی نسبت به والد تجاری دارای عادت رشد نامحدود بوده و زودتر از رقم تجاری به گل می‌نشیند و در عین حال از طول دوره باردهی طولانی برخوردار است، اما میوه‌های این واریته ریز و پربذر بوده و تا اندازه‌ای ترش هستند و به همین دلیل از بازار پسندی مطلوبی برخوردار نیستند. در حالی که والد تجاری دیرتر به گل می‌نشیند و دارای طول دوره باردهی کوتاه‌تر، میوه‌های درشت‌تر و بدون بذر است. پس از تهیه بذرها، والدین و کشت آنها در گلخانه در سال ۱۳۸۵، گیاهچه‌های مناسب جهت کشت در گلدان انتخاب شدند. با ظهور گل‌آذین، تعدادی از گل‌های هر دو والد اخته شده و پس از انجام تلاقی دو طرفه والد وحشی با رقم تجاری، نسل‌های مختلف F1, RF1, F2, RF2, BC1 و BC2 در طی دو سال اجرای آزمایش تهیه شدند و سپس بذرها، والدین (P1 و P2) به همراه شش نسل تهیه شده (مجموعاً ۸ نسل) در سال سوم اجرای آزمایش (سال ۱۳۸۷) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با هشت تیمار و سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان کشت شدند و تعداد روز تا تشکیل اولین گل (در ۵ بوته تصادفی و ۱۰ میوه در هر بوته) اندازه‌گیری شد. پس از اندازه‌گیری این صفت، میانگین مشاهدات هر کرت محاسبه و جهت تجزیه واریانس مورد استفاده قرار گرفت.

۲- تجزیه ژنتیکی داده‌ها

میانگین و واریانس داده‌های حاصل از صفت زمان گل‌دهی در نسل‌های P1, P2, F1, RF1, F2, RF2, BC1 و BC2 مورد ارزیابی قرار گرفتند و سپس تجزیه واریانس داده‌ها براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. پس از مشاهده تفاوت معنی‌دار در بین نسل‌ها تجزیه ژنتیکی برای این صفت انجام شد. با توجه به این‌که تعداد مشاهده در هر نسل متفاوت بود، بنابراین برای برآورد پارامترهای مختلف ژنتیکی صفات مختلف، از روش حداقل مربعات وزنی

استفاده شد (۶). برای تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها از روش متر و جینکز^۳ (۱۹۸۲) براساس رابطه ۱ استفاده شد. در این روش میانگین هر صفت به صورت زیر نشان داده می‌شود:

$$Y = m + \alpha [d] + \beta [h] + \alpha^2 [i] + 2\alpha\beta [j] + \beta^2 [l] \quad (\text{رابطه ۱})$$

در این رابطه Y میانگین یک نسل، m میانگین تمام نسل‌ها، $[d]$ مجموع اثرات افزایشی، $[h]$ مجموع اثرات غالبیت، $[i]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات افزایشی، $[j]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات افزایشی و غالبیت، $[l]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات غالبیت و α ، β ، α^2 و $2\alpha\beta$ ضرایب هر یک از پارامترهای مدل هستند.

از مدل سه، چهار، پنج و شش پارامتری در تبیین میانگین‌های مشاهده شده استفاده گردید و هر یک از این مدل‌ها به کمک آزمون χ^2 مورد بررسی قرار گرفته و بهترین مدل برای هر یک از صفات مشخص گردید (۶). همچنین درجه غالبیت (رابطه ۲)، واریانس‌های افزایشی، غالبیت و محیطی (به ترتیب روابط ۳، ۴ و ۵)، وراثت پذیری عمومی با استفاده از روش محمود و کرامر^۴ (رابطه ۶) و خصوصی با استفاده از روش متر و جینکز (رابطه ۷) و تعداد ژن‌های کنترل کننده هر صفت (روابط ۸ و ۹) به صورت زیر محاسبه شدند (۶ و ۸):

$$\text{درجه غالبیت} = \frac{[h]}{[d]} \quad (\text{رابطه ۲})$$

$$V_D = 4VF_2 - 2(VBC_1 + VBC_2) \quad (\text{رابطه ۳})$$

$$V_H = 4(VBC_1 + VBC_2 - VF_2 - V_E) \quad (\text{رابطه ۴})$$

$$V_E = (VP_1 + VP_2 + VF_1) / 3 \quad (\text{رابطه ۵})$$

$$h_b^2 = \frac{VF_2 - \sqrt{VP_1 \cdot VP_2}}{VF_2} \quad (\text{رابطه ۶})$$

$$h_n^2 = \frac{V_D}{V_D + V_H + V_E} \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$n = (\bar{P}_1 - \bar{P}_2)^2 / 8(VF_2 - VF_1) \quad (\text{رابطه ۸})$$

$$n = (\bar{P}_1 - \bar{P}_2)^2 / 16(VBC_1 - VF_1) \quad (\text{رابطه ۹})$$

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین نسل‌های مختلف در سطح احتمال ۱ درصد برای صفت زمان گل‌دهی وجود داشت. نتایج حاصل از مقایسه میانگین نسل‌های مختلف مورد استفاده در این آزمایش به روش توکی در سطح احتمال ۵ درصد نشان داد که نسل‌های مختلف از نظر صفت زمان گل‌دهی، اختلاف معنی‌داری با یکدیگر داشتند.

نتایج حاصل از آزمون مقیاس و مقدار برآوردی سطح معنی‌داری هر یک از اجزای آن از طریق آزمون t برای صفت زمان گل‌دهی نشان داد که هر سه جزء A ، B و C معنی‌دار بودند که این امر بیانگر وجود اثرات اپیستازی در کنترل این صفت بود. اما در برآوردهای پارامترها از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها وقتی از پارامترهای بیشتری استفاده شد، بسیاری

Mather and Jinks.³

⁴ Mahmud and Keramer

از اجزای مدل غیرمعنی‌دار شدند که نمی‌توانست برآورد مناسبی از مدل ارائه دهد، بنابراین پیش بینی وجود اثرات ایستازی از طریق آزمون مقیاس در مورد صفت زمان گل دهی نتوانست توجیه پذیر باشد.

نتایج تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که کای اسکوتر مدل سه پارامتری مشتمل بر am [d] و [h] غیر معنی‌دار بود و این مدل بهترین برازش را در کنترل صفت زمان گل‌دهی داشت که این امر بیانگر کفایت مدل افزایشی - غالبیت و عدم حضور اثرات ایستازی در کنترل این صفت بود. از آنجا که بهترین مدل، مدلی است که با حداقل پارامترها بتواند بیشترین توجیه را در برآورد اثرات کنترل کننده یک صفت داشته باشد، بنابراین در صفت زمان گل دهی مدل سه پارامتری بهترین برازش را داشت.

پس از برآورد مدل، سطح معنی‌داری هر یک از اجزای مدل‌ها در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد با استفاده از آزمون t مشخص شد. نتایج نشان داد که اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در صفت زمان گل‌دهی به ترتیب ۱/۵۸ و ۷/۳۰- در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد معنی‌دار شدند. بنابراین با توجه به مقادیر بالا می‌توان نتیجه گرفت که در کنترل این صفت، مقدار اثر غالبیت ژن‌ها از مقدار اثر افزایشی به مراتب بیشتر بود. کمتر بودن اثر افزایشی نسبت به اثر غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت به دلیل پراکندگی ژن‌های کنترل کننده صفت مورد بررسی در دو والد بود. روف و امرسون (۲۰۰۶) با مطالعه اثرات ژن‌ها روی صفات مرفولوژی و صفات مربوط به Life-history در گیاهان مختلف از جمله گوجه فرنگی نشان دادند که صفات مرفولوژی تحت تاثیر اثرات افزایشی ژن‌ها قرار دارند، در حالی که صفات مربوط به Life-history مانند تعداد روز تا تشکیل جوانه گل توسط اثرات غالبیت کنترل می‌شوند که منطبق با نتایج بدست آمده در این پژوهش بود.

درجه غالبیت برای صفت زمان گل دهی ۴/۶۲- برآورد شد که بزرگتر از یک بود و بیانگر وجود عمل فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت بود. از طرفی برآورد درجه غالبیت برای صفت مذکور منفی برآورد شد و نشان داد که غالبیت ژن‌های کنترل کننده این صفت به سمت کاهش تعداد روز تا تشکیل گل است و از طرفی این ژن‌های غالب در والد محلی گوجه فرنگی وجود دارند.

مقادیر برآوردی واریانس افزایشی، غالبیت و محیطی و همچنین وراثت پذیری عمومی و خصوصی مربوط به صفت مورد مطالعه نشان داد که در این صفت، مقدار واریانس افزایشی از واریانس غالبیت بیشتر بود که این امر بیانگر اهمیت واریانس افزایشی در کنترل این صفت و در نتیجه افزایش وراثت پذیری خصوصی آن بود. از آنجایی که تنها بخش افزایشی واریانس ژنتیکی است که می‌تواند به نسل بعد منتقل شود و از طرفی موفقیت انتخاب ژنوتیپ‌ها در یک جمعیت به سهم واریانس افزایشی ژن‌ها بستگی دارد، بنابراین با توجه به نتایج حاصل از این آزمایش، گزینش تحت شرایط خودگشنی روش مناسبی برای اصلاح صفات مورد مطالعه خواهد بود.

همچنین مقادیر وراثت پذیری عمومی و خصوصی صفت مورد مطالعه ۲ نشان داد که این صفت ضمن داشتن وراثت پذیری عمومی و خصوصی نسبتاً بالا (به ترتیب ۶۸/۹۳ و ۵۷/۲۷ درصد)، کمترین تاثیر پذیری را از شرایط محیطی و زراعی داشت، بنابراین می‌توان به راحتی با گزینش ارقام مطلوب به اصلاح جمعیت در نسل‌های بعد دست یافت. تعداد ژن‌های کنترل کننده هر صفت بر مبنای فرمول‌های مختلف و میانگین آنها نشان داد که تعداد ۰/۳۲ ژن صفت زمان گل دهی گل را کنترل می‌کند. از آنجایی که روابط ارائه شده برای برآورد ژن‌ها، حداقل تعداد ژن‌های کنترل کننده صفت مورد مطالعه را برآورد می‌کنند، بنابراین می‌توان گفت که حداقل ۱ ژن کنترل این صفت را بر عهده دارد.

منابع

- عرشی، ی. ۱۳۷۹. اصلاح ژنتیکی سبزی‌های زراعی. انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد.
- فرشادفر، ع. ۱۳۷۶. کاربرد ژنتیک کمی در اصلاح نباتات. جلد اول. انتشارات طاق بستان.
- Hajjar, R. and T. Hodgkin. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years. *J. Euphytica*. 156:1-13.
- Kallo, G. and B.O. Bepgh. 1985. Genetic improvement of vegetable crops. *AVI*. p.135-169.
- Kearsey, M.J. and H.S. Pooni. 1996. The genetical analysis of quantitative traits. Chapman and London.
- Mather, K. and J.L. Jinks. 1982. Biometrical genetics. Chapman and Hall. London.
- Roff, D.A. and K. Emerson. 2006. Epistasis and dominance: evidence for differential effects in life-history versus morphological traits. *J. Evolution*. 60(10). 1981-1990.
- Warner, J.N. 1952. A method for estimating heritability. *Agron. J.* 44:427-430.

Evaluation of Genetic Parameters of Time Flowering for *Lycopersicon esculentum* Using Generation Mean Analysis

Abstract

Production of earliness cultivar with yield and having long period barly is special important. In order to evaluate heritability and action mechanism of genes controlling of time to flowering in tomato, Peto Early cultivar (P1) and local variety of tomato (P2) were crossed and F1, RF1, F2, RF2, BC1 and BC2 that were produced generation from cross for two years. Then parents with six produced generations, were planted in a randomized complete block design with tree replication in third year and time of flowering in each plant were evaluated. The results obtained from analysis of variance indicated that mean squares in generation were statistically significant for this trait, therefore generation mean analysis was performed for this trait. The results showed that three_ parameter model concluded of additive_ dominance was the best model in genetical to controlled for this trait, thus this model was selected to estimat genetic parameters. In addition, the results revealed that the dominance genes effects had the highest effect on inheritance of time flowering. Broad sense and narrow sense heritabilities were 68.93 and 57.27 percentage, respectively. The number of genes for this trait were also estimated nearly one.