

## وراثت پذیری عملکرد و صفات مرتبط با تولید در ژنوتیپ‌های بروم گراس نرم (*Bromus inermis*)

رضا محمدی<sup>۱</sup>، مجتبی خيام تکویی<sup>۲</sup>، محمد مهدی مجیدی<sup>۳\*</sup> و آقافخر میرلوحی<sup>۴</sup>  
۱، ۲، کارشناس ارشد اصلاح نباتات و استادیار پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه مرکزی کشور،  
اصفهان، ۳، ۴، استادیار و استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان  
(تاریخ دریافت: ۸۸/۵/۲۱ - تاریخ تصویب: ۸۹/۱۰/۱)

### چکیده

این مطالعه با هدف بررسی توان تولید، تخمین میزان تنوع، تعیین شباهت بین ژنوتیپ‌های  
گزینش شده بروم گراس نرم (*Bromus inermis*) از طریق ارزیابی‌های کلنی صورت گرفت.  
بدین منظور ژنوتیپ‌ها به صورت کلن‌های تکرار شده طی دو سال (۸۴ و ۸۵) در قالب طرح  
آماری بلوک‌های کامل تصادفی بر اساس خصوصیات مورفولوژیک، فنولوژیک و زراعی مورد  
بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی زیادی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه  
وجود دارد که می‌تواند انتخاب برای اهداف مختلف در این ژرم‌پلاسما را سودمند سازد.  
برآورد ضرایب تنوع ژنتیکی در هر سال آزمایش نشان داد که حداقل میزان تنوع مربوط به  
روز تا گرده‌افشانی، ارتفاع بوته، قطر یقه و طول پدانکل می‌باشد. عملکرد علوفه و عملکرد  
بذر از حداکثر میزان تنوع ژنتیکی برخوردار بودند. بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به  
صفات روز تا خوشه دهی و گرده‌افشانی و کمترین آن برای قطر یقه چین اول به دست آمد.  
تجزیه خوشه‌ای بر اساس ویژگی‌های فنوتیپی، ژنوتیپ‌ها را در ۳ گروه مجزا گروه‌بندی کرد  
که بر مبنای آنها ژنوتیپ‌های دارای فاصله ژنتیکی بیشتر به منظور استفاده در مطالعات بعدی  
شناسایی شدند. در نهایت ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۵، ۱۶، ۱۹ و ۲۳ برای ایجاد واریته ترکیبی  
توصیه شدند.

**واژه‌های کلیدی:** *Bromus inermis*، واریته ترکیبی، تجزیه خوشه‌ای.

### مقدمه

شده است. در این میان تحقیقات بر روی اصلاح ژنتیکی  
گیاهان علوفه‌ای و مرتعی اندک بوده و این در حالی  
است که توسعه ارقام مناسب به منظور افزایش عملکرد  
در واحد سطح و نیز بهبود کیفیت، مستلزم انجام  
مطالعات منسجم می‌باشد (Majidi, 2007).

گراس‌ها از مهمترین گیاهان علوفه‌ای - مرتعی  
هستند که به لحاظ تولید علوفه، حفاظت و جلوگیری از  
فرسایش خاک اهمیت زیادی دارند (Casler &  
Duncan, 2003). در مقیاس جهانی اگرچه روش‌های

ایران یکی از مهمترین مراکز تنوع گیاهان علوفه‌ای و  
مرتعی می‌باشد که از توانمندی بالایی برای توسعه این  
گونه‌ها برخوردار است. بهره‌برداری بهتر از این توانمندی  
نیازمند برنامه‌ریزی دقیق و مناسب می‌باشد تا ضمن  
حفاظت از این تنوع کم‌نظیر، ارقام مطلوب و سازگار به  
شرایط محیطی مختلف تولید شود. متأسفانه در مقایسه  
با سایر محصولات زراعی توجه کمتری به مطالعات در  
زمینه تولید، مدیریت و اصلاح گیاهان علوفه‌ای مبدول

بسیار بالایی در ایران دارد. متأسفانه مطالعات بسیار اندکی در زمینه سازگاری، اصلاح و سایر جنبه‌های دیگر آن انجام شده است.

عموماً توسعه واریته‌های مصنوعی<sup>۲</sup> با جمع‌آوری، ارزیابی بین و درون ژرم‌پلاسم و گزینش تعدادی ژنوتیپ اولیه مطلوب آغاز می‌گردد. در گام بعد از طریق آزمون‌های کلنی روی ژنوتیپ‌ها ضمن برآورد بهتر اثرات محیطی و ژنتیکی، ارزیابی دقیق‌تری از آنها به عمل می‌آید و فواصل ژنتیکی بین آنها مشخص می‌گردد، زیرا فاصله ژنتیکی یکی از معیارهای تعیین والد‌ها برای واریته مصنوعی می‌باشد (Kolliker et al., 2005). ارزیابی کلن‌ها و مطالعات بیومتری با استفاده از مواد کلنی روی گونه‌های جنس بروموس بسیار اندک بوده است. Renato et al. (2004) تعداد ۴۴ ژنوتیپ را به صورت کلنی در گونه بروموس مرتعی (*Bromus riparus*) مورد بررسی قرار داده و تنوع ژنتیکی معنی‌داری برای خصوصیات زراعی مشاهده نمودند. آنها همچنین وراثت‌پذیری عملکرد علوفه، عملکرد بذر و ارتفاع بوته را بیش از ۵۰ درصد برآورد نمودند. اگرچه در گراس‌های چند ساله ارزش ارزیابی‌های کلنی تا حدودی به عملکرد کلن و قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی آن در تلاقی با سایر کلن‌ها بستگی دارد، این ارتباط در بروموس مشخص نبوده و مطالعه اندکی در این زمینه صورت گرفته است. با این حال آنچه مسلم است برای بسیاری از خصوصیات، برآورد پارامترهای ژنتیکی از جمله وراثت‌پذیری با استفاده از مواد کلنی با اطمینان و دقت بیشتری صورت می‌پذیرد. در شبدر (Caradus & Woodfield, 1990) از مواد کلنی برای برآورد وراثت‌پذیری صفات استفاده شده است. در چچم چندساله (*Lolium perenne*) نیز از این روش برای برآورد پارامترهای ژنتیکی، ارزیابی مقدماتی و بررسی اثرات زمان رسیدن روی تولید علوفه استفاده شده است (Simonsen, 1976). در فسکیوی بلند، کلن‌های تکرار شده به منظور تخمین میزان تنوع ژنتیکی و قابلیت توارث صفات بذری به کار گرفته شده و گزارش گردیده است که گزینش بر این مینا میزان عملکرد بذر را تا ۲۰

کلاسیک اصلاح نباتات طی قرن گذشته بیشترین نقش را در بهبود ژنتیکی گراس‌های علوفه‌ای و چمنی به منظور افزایش تولید و کاربرد آنها داشته است (Wang et al., 2001). با این حال وجود مسائلی نظیر پیچیدگی ژنتیکی، چند ساله بودن، کوچک بودن گل‌ها و دگرگشتی (عموماً ناشی از خود ناسازگاری و نرعقیمی) موجب شده که سرعت روش‌های به‌نژادی در گراس‌ها و حتی سایر گیاهان علوفه‌ای در مقایسه با دیگر گیاهان زراعی کمتر باشد. این امر لزوم انجام تلاش‌های بیشتر محققان به نژادی گیاهی در کنار سایر متخصصان به منظور توسعه ارقام علوفه‌ای و چمنی مناسب را آشکارتر می‌سازد (Hopkins et al., 2003).

جنس بروموس (*Bromus*) گروهی از گراس‌ها هستند که از لحاظ جغرافیایی گسترش وسیعی دارند و شامل گونه‌های یک‌ساله، دو ساله و چند ساله با سطوح پلوییدی مختلف و تیپ‌های رشدی متفاوت می‌باشند. گونه‌های این جنس به آب و هوای سرد و یا مناطقی که در آنها فصل سرد در خلال قسمتی از فصل رشد گیاه حاکم است، سازگاری دارند (Sanderson et al., 2002). یکی از مهمترین گونه‌های چند ساله در این جنس بروموگراس نرم<sup>۱</sup> با نام علمی *B. inermis* می‌باشد که سازگاری ویژه‌ای به نواحی دارای بارندگی متوسط و پائین با دماهای معتدل تابستانه دارد. این گونه در خلال دوره‌های خشک و گرمای زیاد زنده می‌ماند و در ماه‌های تابستان تا زمانی که روزهای کوتاه و مرطوب فرا رسد به خواب می‌رود (McKone, 1985). این گونه می‌تواند به صورت کشت مخلوط با لگوم‌های علوفه‌ای نظیر یونجه بکار رفته و موجب بهبود کیفیت و انرژی علوفه مصرفی گردد (Najafi & Mohseni, 2003). وجود این ویژگی‌ها و نیز کیفیت مطلوب علوفه، این گونه را برای احیاء مراتع کشور، احداث چراگاه و تولید علوفه مناسب ساخته است (Mohamadi et al., 2006). بروموگراس نرم بومی اروپا و آسیا بوده و سازگاری خوبی با آب و هوای معتدله دارد و در دوره‌های خشکی و حرارت‌های بالا نیز زنده می‌ماند (Sharifabad & Dori, 2003). اگرچه ممکن است خاستگاه اولیه آن ایران نباشد ولی پراکنش و تنوع

خوشه، تعداد ساقه، عملکرد علوفه تر و علوفه خشک در چین اول و چین دوم (رشد مجدد)، قطر یقه بعد از هر برداشت و عملکرد بذر بود که طی دو ۱۳۸۴ و ۱۳۸۵ ثبت گردید. تجزیه واریانس داده‌ها، بر اساس آزمایش تجزیه مرکب دو سال در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد (Cochron & Cox, 1957). اجزای واریانس محیطی و ژنتیکی بر اساس امید ریاضی میانگین مربعات برآورد گردیدند. ضرایب تنوع فنوتیپی، ضرایب تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی هر صفت از روابط زیر محاسبه گردید (Halluer & Miranda, 1998):

$$PCV = \frac{\sqrt{V_P}}{\bar{X}} \times 100$$

$$GCV = \frac{\sqrt{V_G}}{\bar{X}} \times 100$$

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gy}^2}{y} + \frac{\sigma_e^2}{ry}}$$

در این فرمول‌ها  $V_G$  واریانس ژنتیکی،  $V_P$  واریانس فنوتیپی،  $PCV$  ضریب تغییرات فنوتیپی و  $GCV$  ضریب تغییرات ژنتیپی می‌باشند. همچنین  $\sigma_g^2$  برآوردی از واریانس ژنتیکی،  $\sigma_e^2$  برآورد واریانس خطای آزمایش و  $\sigma_{gy}^2$  برآوردی از واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در جدول تجزیه واریانس و  $h^2$  وراثت‌پذیری عمومی صفت می‌باشد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها پس از تشکیل ماتریس فاصله اقلیدسی، به روش UPGMA انجام گردید و آنگاه گروه‌ها برای صفات مهم مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. با استفاده از ماتریس فاصله ژنتیکی و دندروگرام حاصله دورترین ژنوتیپ‌ها، که می‌توانند پس از بررسی‌های بیشتر والدین بهتری برای ایجاد واریته مصنوعی باشند، شناسایی گردیدند.

### نتایج و بحث

تجزیه واریانس خصوصیات مختلف مشتمل بر میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها (کلن‌ها)، سال و اثر متقابل آنها در جدول ۱ نشان داده شده است. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای تمام صفات مورد بررسی تفاوت آماری معنی‌دار داشتند که نشان می‌دهد بین آنها اختلاف و

درصد افزایش می‌دهد (Bean, 1972).

به دنبال تدوین یک پروژه اصلاحی هدفمند بر روی گونه ارزشمند علوفه‌ای مرتعی بروموگراس نرم، مطالعه اولیه‌ای طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۳ با جمع‌آوری تعداد ۲۰ جمعیت از این گونه و ارزیابی آنها آغاز گردید که نتایج حاصله حاکی از وجود تنوع بالا بین و درون جوامع مورد بررسی بود (Mohamadi et al., 2006). از درون جوامع مذکور تعداد ۲۵ ژنوتیپ مطلوب شناسایی و مبنای مطالعه حاضر قرار گرفت. نظر به اینکه اساس طراحی پروژه‌های اصلاحی (بویژه توسعه ارقام مصنوعی) پس از جمع‌آوری و ارزیابی ژرم‌پلاسم بر توصیف و معرفی ژنوتیپ‌های والدی مناسب استوار است، این پژوهش با هدف بررسی توان تولید ژنوتیپ‌ها، برآورد میزان تنوع، تخمین پارامترهای ژنتیکی مواد کلنی و تعیین شباهت‌های بین ژنوتیپ‌های گونه علوفه‌ای - مرتعی *Bromus inermis* از طریق ارزیابی‌های کلنی طی دو سال صورت گرفت.

### مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی در این مطالعه شامل ۲۵ ژنوتیپ بروموگراس نرم بود. این ژنوتیپ‌ها نمونه‌های برتری بودند که از بین صدها ژنوتیپ مطالعه شده از درون توده‌ها و جمعیت‌های بومی و خارجی بر اساس مطالعه Mohamadi et al. (2006) بر مبنای اطلاعات اندازه‌گیری شده طی دو سال و با در نظر گرفتن خصوصیات مطلوب (عملکرد علوفه، زمان گلدهی، مقاومت در برابر بیماری‌ها و غیره) انتخاب شده بودند. هر یک از ژنوتیپ‌ها از طریق تقسیم بوته به کلن‌های مساوی تفکیک و در اسفند ۱۳۸۳ در قالب یک طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار در مزرعه پژوهشگاه بیوتکنولوژی مرکزی ایران (اصفهان) کشت گردیدند. فاصله بوته‌ها در روی ردیف و بین ردیف‌ها ۶۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. آبیاری اول بلافاصله پس از کاشت گیاهان صورت گرفت. عملیات داشت شامل آبیاری، وجین و کوددهی در طی فصل رشد به طور مرتب انجام شد.

خصوصیات مورد مطالعه شامل تعداد روز تا ظهور خوشه، تعداد روز تا گرده افشانی، ارتفاع بوته، طول

این صفات تأثیرپذیری بیشتری از عوامل محیطی دارند. وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی عملکرد علوفه خشک در برموگراس نرم را به ترتیب ۴۸ و ۳۳ درصد گزارش شده است (De-Araujo & Coulman, 2005). از آنجایی که عمدتاً وراثت‌پذیری خصوصی تعیین‌کننده بازده ناشی از انتخاب می‌باشد، بهتر است تصمیم‌گیری نهایی در مورد نحوه گزینش روی صفات بر مبنای مطالعات تکمیلی صورت پذیرد.

نتایج ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی (جدول ۲) حاکی از آن است که حداقل میزان تنوع در هر دو سال مربوط به صفات قطر یقه چین اول، ارتفاع بوته، روز تا گرده افشانی و طول پدانکل می‌باشد به طوری که برای هر دو سال مقادیر تنوع ژنتیکی برای این صفات کمتر از ۱۰ درصد می‌باشد. صفات عملکرد علوفه و عملکرد بذر از حداکثر میزان تنوع ژنتیکی برخوردار بودند (بیش از ۲۵ درصد). پایین بودن تنوع ژنتیکی برای صفات روز تا گرده افشانی و ارتفاع نشان داد که نوعی یکنواختی نسبی بین ژنوتیپ‌ها از نظر زمان گلدهی و ارتفاع گیاه وجود دارد که می‌تواند انجام پلی‌کراس و آزمون نتاج ژنوتیپ‌ها را در مطالعات بعدی تسهیل کند زیرا این دو صفت از مهمترین صفات تعیین‌کننده آزادگرده افشانی تصادفی می‌باشند. وجود تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های برگزیده به ویژه برای صفات مهم نشان می‌دهد که فاصله ژنتیکی زیادی بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد که نوید بخش توسعه ارقام پرتولید می‌باشد.

تنوع بالایی از نظر صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و زراعی موجود می‌باشد. تفاوت بین دو سال برای کلیه صفات به غیر از روز تا خوشه‌دهی و عملکرد علوفه تر چین دوم حداقل در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار بود. اثر متقابل ژنوتیپ و سال نیز برای برخی خصوصیات اندازه‌گیری شده معنی‌دار بود. وجود این اثر متقابل نشان می‌دهد که واکنش ژنوتیپ‌ها در بروز این گونه صفات طی سال‌های اول و دوم متفاوت بوده است. مقایسه میانگین سال‌ها برای صفات مختلف (نتایج نشان داده نشده است) نشان داد که برای اکثر صفات میزان سایر صفات در سال دوم به طور معنی‌داری بیشتر از سال اول بوده است. به عنوان مثال ژنوتیپ‌ها در سال دوم عملکرد علوفه خشک بیشتری در مقایسه با سال اول تولید نمودند به طوری که عملکرد علوفه خشک رشد مجدد در سال دوم ۵۶ درصد نسبت به سال اول افزایش نشان داد. این روند تغییرات و افزایش متوسط عملکرد از سال اول به دوم را می‌توان به توسعه سیستم ریشه‌ای این گونه طی زمان نسبت داد.

مقادیر برآورد وراثت‌پذیری عمومی صفات برای سال‌های اول و دوم در جدول ۲ نشان داده شده است. بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به دو صفت فنولوژیک (روز تا خوشه‌دهی و گرده‌افشانی) بود که حاکی از تأثیرپذیری کمتر این صفات از عوامل محیطی می‌باشد. کمترین میزان وراثت‌پذیری به تعداد ساقه و قطر یقه در چین اول اختصاص داشت که نشان می‌دهد

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس طرح کرت‌های خرد شده در زمان برای ژنوتیپ‌های برموگراس نرم

صفت	درجه آزادی	تکرار		ژنوتیپ		خطای a		خطای b		ضریب تغییرات
		۳	۲۴	۲۴	۷۲	۱	سال	ژنوتیپ × سال	۷۵	
روز تا خوشه دهی		۱۷/۷ <sup>ns</sup>	۲۲۸ <sup>**</sup>	۱۴/۹	۱۳/۸ <sup>ns</sup>	۴۱/۷ <sup>**</sup>	۱۶/۸	۱۱/۶۴		
روز تا گرده افشانی		۳/۵ <sup>ns</sup>	۷۶/۵ <sup>**</sup>	۵/۱۵	۳۴۱/۷ <sup>**</sup>	۹/۲۶ <sup>ns</sup>	۹/۹	۵/۹		
ارتفاع بوته		۱۴۶/۶ <sup>ns</sup>	۷۱۴ <sup>**</sup>	۸۷/۹	۱۲۱۱۷ <sup>**</sup>	۱۸۴/۹ <sup>*</sup>	۴۳۶۶	۷/۷		
طول پدانکل		۱۰/۴۴ <sup>ns</sup>	۲۳/۳۲ <sup>**</sup>	۱۰/۸۱	۵۷۲/۹ <sup>**</sup>	۱۱/۹۹ <sup>ns</sup>	۸/۱	۱۳/۳۶		
تعداد ساقه		۵۱۵۳ <sup>ns</sup>	۱۷۸۳۷ <sup>*</sup>	۷۵۵۰	۲۶۶۳۶۹ <sup>**</sup>	۲۱۲۱۲ <sup>ns</sup>	۲۰۹۷۱	۲۷/۲		
عملکرد علوفه تر چین اول		۱۵۳۰۱ <sup>ns</sup>	۲۷۶۲۴۸ <sup>**</sup>	۶۲۰۸۹	۲۸۸۳۰۷ <sup>**</sup>	۸۵۰۶۳ <sup>**</sup>	۳۲۷۰۷	۲۴/۳۴		
عملکرد علوفه خشک چین اول		۲۲۴۴۰ <sup>ns</sup>	۸۲۳۳۶ <sup>**</sup>	۳۱۸۳۵	۹۸۸۴۵۶ <sup>*</sup>	۳۴۶۲۵ <sup>**</sup>	۲۰۵۱۷	۲۸/۲		
قطر یقه چین اول		۱۰۹۷ <sup>ns</sup>	۱۵۱۶ <sup>*</sup>	۴۵۸/۲	۱۵۴۳۷ <sup>*</sup>	۱۵۱۸ <sup>ns</sup>	۲۳۴۰	۲۵/۶		
عملکرد بذر		۲۴۹۸۳ <sup>ns</sup>	۳۵۸۶۶ <sup>*</sup>	۷۲۵۶	۸۱۹۷ <sup>*</sup>	۳۷۳۲۱ <sup>*</sup>	۲۱۳۷	۲۳/۷		
عملکرد علوفه تر چین دوم		۱۱۷۶۲ <sup>ns</sup>	۱۸۸۵۶۷ <sup>**</sup>	۵۲۳۳۴	۱۶۳۸۰۴ <sup>ns</sup>	۵۶۷۷۴ <sup>ns</sup>	۵۳۶۹۹۹	۳۰/۳		
عملکرد علوفه خشک چین دوم		۲۶۴۸۹ <sup>ns</sup>	۳۴۶۵۲ <sup>**</sup>	۱۱۲۱۴	۱۸۰۷۳۲ <sup>**</sup>	۱۵۸۸۳ <sup>ns</sup>	۱۴۵۶۰	۲۵/۲		
قطر یقه چین دوم		۶۵۸ <sup>ns</sup>	۲۳۵ <sup>*</sup>	۱۱۵	۸۵۴ <sup>*</sup>	۳۱۴۳ <sup>ns</sup>	۱۴۹	۲۷/۲		

ns، \* و \*\* به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

جدول ۲- مقادیر ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات مختلف در ژنوتیپ‌های بروموگراس نرم

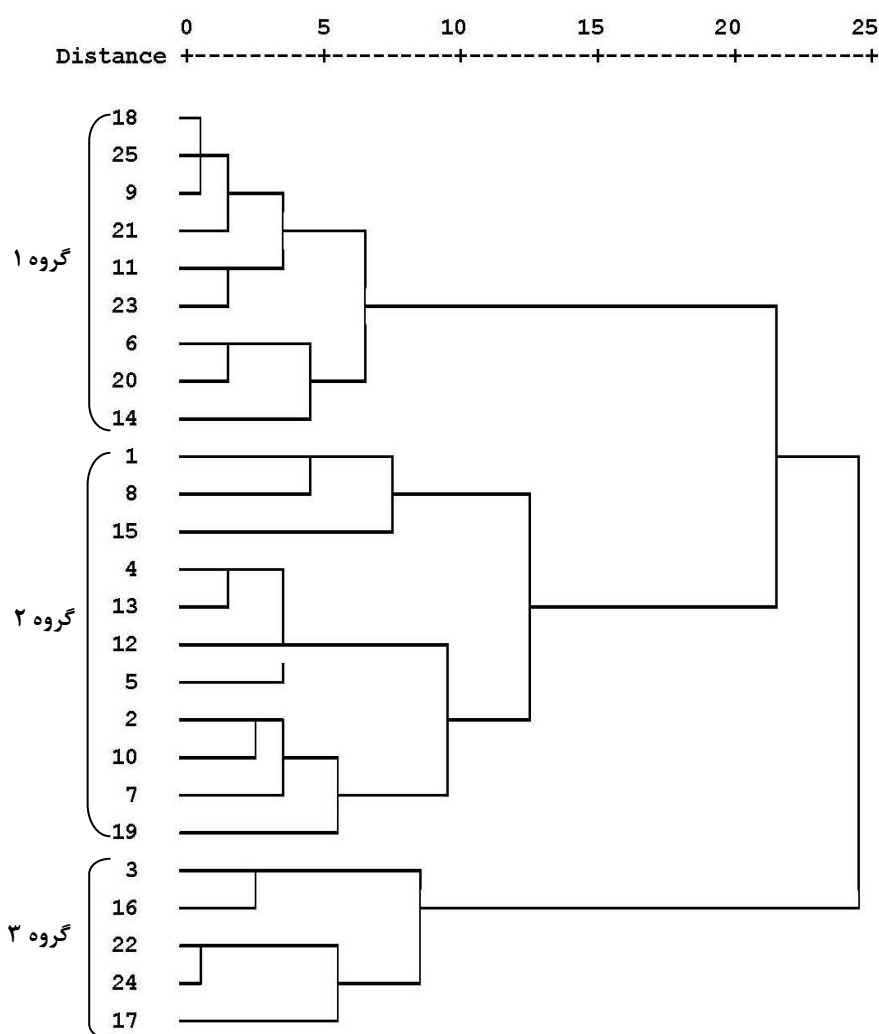
صفات	ضریب تنوع فنوتیپی (درصد)		ضریب تنوع ژنتیکی (درصد)		وراثت‌پذیری عمومی (در صد)
	سال اول	سال دوم	سال اول	سال دوم	
روز تا خوشه‌دهی	۳۳/۴۵	۳۱/۵۲	۱۵/۸۳	۱۹/۱۵	۵۷/۴
روز تا گرده‌افشانی	۱۵/۹۶	۱۱/۳۳	۷/۴۱	۵/۴۵	۶۴/۶
ارتفاع بوته	۲۴/۰۲	۱۸/۵	۹/۲۸	۷/۵۸	۳۳/۳
طول پدانکل	۲۳/۷	۱۷/۸۷	۹/۰۸	۶/۹۲	۲۹/۴
تعداد ساقه	۶۱/۴۵	۳۷/۴۲	۲۷/۱۹	۱۳/۴۷	۱۱/۵
عملکرد علوفه تر چین ۱	۵۷/۵	۶۹/۳۴	۲۵/۵۹	۳۱/۱۷	۲۲
عملکرد علوفه خشک چین ۱	۵۶/۳۲	۷۵/۵۴	۲۵/۰۳	۳۴/۵۹	۲۶/۵
قطر بقیه چین ۱	۱۶/۸۷	۳۰/۱۶	۵/۶۳	۹/۱۹	۱۳/۵
عملکرد بذر	۹۶/۶۸	۷۸/۷۳	۴۶/۴	۳۶/۲۸	۱۸/۷
عملکرد علوفه تر چین ۲	۵۹/۵۲	۶۱/۳۱	۲۶/۳۹	۲۶/۷۵	۵۳
عملکرد علوفه خشک چین ۲	۵۷/۴۲	۵۴/۳۸	۲۴/۷۸	۲۲/۴۴	۴۸/۱
قطر بقیه چین ۲	۲۶/۳۱	۲۹/۴۸	۱۱/۱۸	۱۳/۱۴	۲۸/۳

نظر اجزای عملکرد علوفه شامل قطر بقیه و تعداد ساقه نیز بالاترین مقادیر را به خود اختصاص دادند، با این حال تفاوت معنی‌داری از نظر ارتفاع بوته بین ژنوتیپ‌های سه گروه حاصله وجود نداشت و از نظر تاریخ گرده‌افشانی نیز گروه‌ها به یکدیگر نزدیک بودند. این نتیجه می‌تواند به عنوان یک نکته مثبت برای طراحی پروژه‌های آتی به منظور ایجاد واریته ترکیبی محسوب گردد زیرا پس از انتخاب والدین از بین ژنوتیپ‌های دور (از گروه‌های مختلف)، ترکیب آنها برای ایجاد واریته با هتروزیس مطلوب، مستلزم انجام تلاقی تصادفی میان ژنوتیپ‌ها می‌باشد. به عبارت دیگر یکنواخت‌تر بودن والدین واریته ترکیبی از نظر ارتفاع، توان ایجاد پنجه‌های بارور جدید و تاریخ گرده‌افشانی می‌تواند باعث انجام تلاقی‌های جور شده، کاهش کیفیت بذر و حدوث رانده شدن ژنتیکی گردد (Fang et al., 2004). در مجموع نتایج تجزیه خوشه‌ای حاکی از وجود تنوع ژنتیکی زیاد بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. اصولاً در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌هایی که داخل یک گروه یا زیرگروه قرار می‌گیرند قرابت ژنتیکی بیشتری به یکدیگر دارند. برخی محققین گزینش یک ژنوتیپ برتر از هر کلاستر (یا زیر کلاستر) را برای تشکیل یک زیر مجموعه متنوع از والدین، مناسب تشخیص داده و نشان دادند که واریته ترکیبی Syn1 و Syn2 حاصل از این والدین هتروزیس بیشتری در مقایسه با والدینی که همه

نمودار تجزیه خوشه‌ای برای ۲۵ ژنوتیپ *B. inermis* بر اساس خصوصیات فنوتیپی در شکل ۱ ارائه شده است. تجزیه واریانس در محل فاصله اقلیدسی ۱۳ توانست ۲۵ ژنوتیپ را در سه گروه مجزا که از نظر اکثر صفات تفاوت معنی‌داری داشتند، طبقه‌بندی نماید. نتیجه تجزیه واریانس چند متغیره (نتایج نشان داده نشده است) حاکی از تفاوت معنی‌دار بین سه گروه بود. همانگونه که انتظار می‌رود، با توجه به اینکه هر یک از ژنوتیپ‌های مورد بررسی از یک توده محلی دگرگشن (جامعه متنوع) گزینش شده‌اند، تطابقی کلی بین نحوه گروه‌بندی براساس فواصل ژنتیکی و منشاء جغرافیایی توده‌های اولیه وجود نداشت با این حال به طور موردی برخی ژنوتیپ‌های دارای منشاء مشترک در زیرگروه‌های نزدیک قرار گرفتند. Roldan-Ruiz et al. (2000) معتقدند هر قدر نامتجانسی و تنوع ژنتیکی در بین نمونه‌های مورد مطالعه زیاد باشد، احتمال عدم تطابق بین تنوع جغرافیایی و تنوع ژنتیکی بیشتر است. به منظور مقایسه گروه‌ها از نظر تک تک صفات به منظور تعیین ژنوتیپ‌های برتر، یک تجزیه واریانس ساده برای صفات مهم بین گروه‌ها انجام گردید که نتایج آن در جدول ۳ نشان داده شده است. گروه دوم حداکثر تعداد ژنوتیپ (۱۱ ژنوتیپ) را در خود جای داد و از نظر عملکرد علوفه و عملکرد بذر نسبت به دو گروه دیگر برتری معنی‌داری را نشان داد. ژنوتیپ‌های این گروه از

به طور کلی نتایج پژوهش حاضر حاکی از آن است که آزمون کلنی ژنوتیپ‌های بروموس می‌تواند تخمین بهتری از پتانسیل ژنتیکی آنها در اختیار اصلاحگر قرار داده و امکان حذف افراد نامطلوب را قبل از ورود به آزمون‌های پرهزینه برای قابلیت ترکیب‌پذیری فراهم آورد.

از درون یک کلاستر انتخاب شده بودند، داشتند (Kolliker et al., 2005). بر این اساس و با در نظر گرفتن برتری از نظر عملکرد علوفه، ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۵، ۱۶، ۱۹ و ۲۳ برای ایجاد واریته ترکیبی توصیه می‌شوند.



شکل ۱- نمودار خوشه‌ای ژنوتیپ‌های بروم گراس نرم مورد بررسی بر اساس خصوصیات اندازه‌گیری شده

جدول ۳- میانگین صفات در هر یک از گروه‌های حاصل از تجزیه کلاستر بر اساس خصوصیات فنوتیپی

در ژنوتیپ‌های بروم گراس نرم

گروه	عملکرد علوفه خشک چین ۱ (گرم)	عملکرد علوفه خشک چین ۲ (گرم)	عملکرد بذر (گرم در بوته)	گرده افشانی (روز)	تعداد ساقه	قطر یقه (سانتیمتر)	ارتفاع (سانتیمتر)
گروه اول	۳۴۵/۴۴ <sup>c</sup>	۲۱۳/۸۰ <sup>c</sup>	۵۲/۱۱ <sup>c</sup>	۵۴/۵۵ <sup>a</sup>	۲۰۱ <sup>b</sup>	۲۶/۵۶ <sup>b</sup>	۱۱۵/۳۲ <sup>b</sup>
گروه دوم	۵۴۰/۱۰ <sup>a</sup>	۲۷۴/۹۰ <sup>a</sup>	۷۵/۴۰ <sup>a</sup>	۵۴/۳۰ <sup>a</sup>	۲۱۸ <sup>a</sup>	۳۰ <sup>a</sup>	۱۲۵/۲۰ <sup>a</sup>
گروه سوم	۴۴۷ <sup>b</sup>	۲۷۳ <sup>b</sup>	۶۲/۸۳ <sup>b</sup>	۴۹/۵۰ <sup>b</sup>	۲۰۸ <sup>ab</sup>	۲۶/۳۳ <sup>b</sup>	۱۳۲/۱۷ <sup>a</sup>

\* برای هر صفت تفاوت بین میانگین دو گروه که حداقل در یک حرف مشترک می‌باشند در سطح ۵ درصد معنی‌دار است.

## سپاسگزاری

(کارشناس زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه صنعتی

اصفهان) در این طرح تشکر و قدردانی می‌گردد.

از همکاری صمیمانه خانم مهندس بهاره طهماسبی

## REFERENCES

1. Bean, E. W. (1972). Clonal evaluation for increased seed production in two species of forage grasses, *Festuca arundinacea* Schreb. and *Phleum pratense* L. *Euphytica*, 21, 377-383.
2. Caradus, J. R. & Woodfield, D. R. (1990). Estimates of heritability for, and relationships between, root and shoot characters of white clover. I. Replicated clonal material. *Euphytica*, 46, 203-209.
3. Casler, M. D. & Duncan, R. R. (2003). *Turfgrass: Biology, Genetics and Breeding*. John Wiley & Sons, Inc.
4. Cochran, W. G. & Cox, G. M. (1957). *Experimental designs*. John Wiley and Sons, New York.
5. De-Araujo, M. R. A. & Coulman, B. E. (2002). Genetic variation, heritability and progeny testing in meadow bromegrass. *Plant Breeding*, 121, 417-427.
6. Fang, C., Amlid, T. S., Jørgensen, Q. & Rognil, O. A. (2004). Phenotypic and genotypic variation in seed production traits within a full-sib family of meadow fescue. *Plant Breeding*, 123, 241-246.
7. Hallauer, A. R. & Miranda, J. B. (1988). *Quantitative genetic in maize breeding*. Iowa State Univ, Press, Ames Iowa
8. Hopkins, A., Wang, Z. Y., Mian, R., Sledge, M. & Barker, R. E. Preface. (2003). In: Proceedings of the 3rd International Symposium of Molecular Breeding of Forage and Turf. Dallas, Texas and Ardmore, Oklahoma, U.S.A. P. 12.
9. Kolliker, R., Boller B. & Widmer, F. (2005). Marker assisted polycross breeding to increase diversity and yield in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Euphytica*, 146, 55-65.
10. Majidi, M. M. (2007). *Breeding studies in tall fescue germplasm*. Ph. D. thesis. Isfahan University of Technology. (In Farsi).
11. McKone, M. J. (1985). Reproductive biology of several bromegrass (*Bromus riparius*): breeding system, pattern of fruit maturation, and seed set. *American Journal of Botany*, 72, 1333-1339.
12. Mohamadi, R., khayam-Nekoi, M., Mirlohi, A. F. & Razmjoo, K. H. (2006). Investigation of genetic variation in *Bromus inermis* populations. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 14, 138-147. (In Farsi).
13. Najafi, A. & Mohseni, S. H. (2003). Forage yield comparison of mixtures of rainfed *Medicago sativa*-*Bromus inermis* and *Medicago sativa*-*Agropyron elongatum*. *Iranian Journal of Range and Desert Research* 10, 1-16. (In Farsi).
14. Renato, M. De- Araujo, A. & Coulman, B. (2004). Genetic variation and correlation of agronomic traits in meadow bromegrass (*Bromus riparius* Rehm) clones. *Ciencia Rural*, 34, 505-510.
15. Roldan-Ruiz, I., Dendauw, J., Van-Bockstaele, E., Depicker, A. & De-Loose, M. (2000). AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding*, 6, 125-134.
16. Sanderson, M. A., Skinner, R. H. & Elwinger, G. F. (2002). Seedling development and field performance of prairiegrass, grazing bromegrass, and orchardgrass. *Crop Science*, 42, 224-230.
17. Heidari Sharifabad, H. & Dori, M. A. (2003). *Forage grasses*. Research Institute of Forests and Rangelands. Iran.
18. Simonsen, Q. (1976). Genetic variation in diploid and autotetraploid population of *Festuca pratensis*. *Hereditas*, 85, 1-24.
19. Wang, Z., Hopkins, A. & Main, R. (2001). Forage and turfgrass biotechnology. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 20, 573-619.