بولتن ماهانه تحقیقات دانه‌های روغنی

(علمی خبری، کشاورزی - دانه‌های روغنی)

سال ششم　　شماره ۷۹　　خردادماه ۱۳۹۷

دیباچه ۱
کامبیز فروزان

برخی روش‌های آماری آزمایشات چند محیطی (مقاله مروری) ۲
سجاد طلایی

گزارشی کوتاه از شرکت در دوره آموزشی NGS ۱۵
علی‌زمان میرآبادی

اندوفیت‌ها ۱۸
آیدین حسن‌زاده

نرعقیمی در گیاهان گل‌دار ۲۱
مهتاب صمدی

مدیریت علف‌های هرز بادام‌زمینی ۲۳
رضاپور مهدی‌علمدارلو

مقدمه‌ای بر کنجد ۲۵
کامبیز فروزان

جوامع نقشه یابی ۲۷
مصطفی حق‌پناه

هیئت تحریریه این شماره:

مهندس کامبیز فروزان

مهندس علی زمان میرآبادی

مهندس مهتاب صمدی

مهندس آیدین حسن‌زاده

مهندس رضاپور مهدی علمدار لو

مهندس سجاد طلایی

مهندس مصطفی حق‌پناه

دیباچه

Preface

کامبیز فروزان

Kforoozan@ordc.ir

قائم مقام اجرایی مدیر عامل در حوزه تولید - کارشناس ارشد زراعت، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

شرکت‌های فعال در عرصه‌های اقتصادی، زمانی می‌توانند قابلیت‌ها و پتانسیل‌های خود را به نمایش بگذارند که بتوانند در مسیر هدفی مشخص برای رسیدن به حداکثر بهره‌وری گام بردارند لذا براساس تعریف، استراتژی را می‌توان مسیر حرکتی یک شرکت نامید. به عبارت دیگر استراتژی تعیین می‌کند که در یک شرکت سه مؤلفه مهم چه مواردی هستند این سه مؤلفه در سه کلمه ساده خلاصه می‌گردد:

۱ -چه؟ (اهدافی که باید محقق شود)

۲ -کجا؟ (روی کدام بازار و محصول‌ها باید تمرکز کرد؟)

۳ -چگونه؟ (مزیت‌های رقابتی مورد نیاز ، نحوه تخصیص منابع و ...)

بسیاری از افراد پیشرو در صنعت و تجارت نقطه نظرات خود را در رابطه با ضرورت استراتژی بیان نموده‌اند که چنانچه مورد توجه عمیق قرار بگیرد می‌تواند بسیار کارگشا باشد. جک والش مدیر عامل افسانه‌ای جنرال الکتریک می‌گوید: "از دیدگاه من استراتژی تصمیم‌های دقیق و شفاف در مورد نحوه رقابت با دیگران است" و یا خانم شرون اوستر که در دانشگاه ییل، استراتژی، تدریس می‌کند می‌گوید: "استراتژی چیزی است از جنس تصمیم و انتخاب".

با توجه به موارد فوق و با تأکید بر محدودیت‌هایی که در عرصه‌های مختلف در فرآیند فعالیت‌های شرکت پیش بینی می‌شود به مانند:

- محدودیت منابع آبی در کشور
- تعدد شرکت‌های رقیب در عرصه تولید بذر
- برنامه‌ها در جهت حذف یارانه بذور
- هزینه‌های بالای عملیاتی اجرایی در مقایسه با در آمدها

ما را بر آن خواهد داشت که تا برای گذر از شرایط پیش رو به مروری مجدد بر فرصت‌ها و تهدیدها از سوی عوامل بیرونی و درونی سازمان و نقاط قوت و ضعف آن داشته باشیم. این ارزیابی دقیق باید از سوی کلیه ارکان شرکت در قالب ماتریس آنالیز SWOT عملیاتی شود تا با استفاده از دیدگاه‌های حادث شده بتوانیم یک استراتژی جدید را در کنار فعالیت‌های رایج تبیین نماییم. این فرایند در دستور کار اجرایی قرارگرفته و امید داریم نتایج حاصله بتواند ما را در نیل به اهدافمان یاری رساند.

برخی روش‌های آماری آزمایشات چند محیطی (مقاله مروری)

Some statistical methods of Multi Environment Trial (Review)

سجاد طلایی
Talaei.s@arc-ordc.ir
کارشناس ارشد اصلاح نباتات، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

در مراحل پایانی برنامه به‌نژادی ژنوتیپ‌های انتخاب شده به‌طور معمول در شرایط مختلف زمانی و مکانی برای مشخص نمودن میزان پایداری و پاسخ ژنوتیپی مورد آزمایش قرار می‌گیرند. بنابراین به‌نژادگران می‌توانند از وجود سازگاری عمومی با انتخاب ژنوتیپ‌هایی که عملکرد خوبی در بین مناطق جغرافیایی بزرگ یا ابر محیط‌ها دارند بهره‌برداری کنند (Witcombe, 2001).

میزان عملکرد هر رقم در یک ناحیهٔ مشخص تحت تأثیر سه عامل، اثر اصلی ژنوتیپ (G)، اثر اصلی محیط (E) و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط (GE) است. اگرچه عملکرد اندازه‌گیری شده، حاصل ترکیب اثر ژنوتیپ، اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است ولی فقط اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با ارزیابی ارقام و شناسایی زیر ناحیه‌ها، قابل تفسیر است. هر کدام از روش‌های تک‌متغیره پارامتری ، ناپارامتری و چند متغیره برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و پایداری در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد دارای معایب و مزایایی هستند که محقق با توجه به اهداف تحقیق و اطلاع از شرایط مختلف منطقه‌ای می‌تواند از هر کدام از آن‌ها استفاده نماید.

روش‌های تجزیه پایداری براساس تجزیه واریانس

۱- روش‌های تک متغیره

چنانچه آزمایش عملکرد با تعداد G ژنوتیپ و E محیط و r تکرار انجام بگیرد ابتدا از یک مدل کلاسیک برای بررسی واریانس منابع تغییرات استفاده می‌گردد (Fisher, 1918). میانگین مربعات باقیمانده درون محیطی، عبارت است از میزان اشتباه در تخمین میانگین ژنوتیپ‌ها که این خود از عوامل گوناگونی مانند میزان حاصلخیزی خاک، رقابت بین کرت‌های آزمایش، سایه اندازی کرت‌ها بر روی همدیگر و سایر عوامل دیگر تأثیر می‌گیرد. پس از جداسازی اثرات تکرارها، منابع تغییرات ژنوتیپ × محیط به دو جز اثرات جمع‌پذیر و غیر جمع‌پذیر تبدیل می‌شوند.

یکی از بزرگ‌ترین و مهم‌ترین مشکلات روش تجزیه واریانس معمولی ناهمگن بودن واریانس اشتباهات است. اگر واریانس اشتباهات همگن نباشند F تست حاصل از میانگین مربعات بر روی واریانس اشتباه ادغام شده و فاقد اعتبار می‌باشد، از این رو برای آزمون منابع تغییرات از روش وزنی برای برطرف نمودن ناهمگنی استفاده می‌کنند. در روش وزنی مقادیر ژنوتیپ‌های هر محیط بر میزان واریانس اشتباه هر یک از محیط‌ها تقسیم می‌شود (Yates and Cochran, 1938). در این روش، وزن کمتری به محیط‌هایی که باقیمانده میانگین مربعات بالایی دارند داده می‌شود. یکی از معایب روش

وزنی این است، محیط‌هایی که دارای عملکرد بالا هستند ممکن است دارای واریانس اشتباه بیشتری باشند و محیط‌هایی که عملکرد کمتری داشته باشند واریانس کمتری نیز داشته باشند بنابراین موجب پایین‌تری و کاهش میزان دقت و اشتباه در برآورد شدن میزان واقعی عملکرد برخی ژنوتیپ‌ها گردد (Crossa, 1990).

یکی از نواقص مهم تجزیه واریانس معمولی برای آزمایش‌های چند ناحیه‌ای، توجیه نکردن ساختارهای غیرجمع‌پذیر در بین داده‌هایی است که تجزیه واریانس در توجیه الگو ساختاری برای داده‌ها ناقص می‌باشد. الگوی ساختاری ابعادی از داده‌ها است که دارای روند قابل برآورد در محاسبات آماری است و از روش‌های مختلفی قابل پیش‌بینی می‌باشد. ولی الگوی غیرساختاری دارای هیچ روند خاصی نیست و روندی تصادفی دارد و قابل تخمین با استفاده از الگوهای مختلف نمی‌باشد.

اگر داده‌ها فقط با درجه آزادی (e-1) × (g-1) تست شوند ممکن است یک سری اطلاعات ارزشمند درباره داده‌ها از دست برود. از جمله مزایای روش‌های غیرجمع‌پذیر می‌توان به تبدیل داده‌ها به دو قسمت با الگوی ساختاری و نویز یا داده‌های بدون ساختار یا تصادفی اشاره کرد که اطلاعات مفیدتری در اختیار محقق قرار می‌دهد (Crossa, 1990).

۱-۱- واریانس محیطی Romer (1917)

واریانس محیطی رومر (۱۹۱۷) یک شاخص پایداری می‌باشد که واریانس محیطی هر ژنوتیپی را برآورد می‌کند.

$$S_i^2 = \frac{\sum_{j=1}^{q}(X_{ij} - \bar{X}_{i.})}{(q-1)}$$

علامت p برابر با تعداد ژنوتیپ‌ها و علامت q برابر با تعداد محیط‌ها است.

این مفهوم از پایداری برای صفاتی مهم است که میزان آن‌ها به هر قیمت باید ثابت نگه‌داشته شود. صفاتی مانند صفات کیفی نظیر مقاومت به امراض و تنش‌های محیطی مانند مقاومت به سرما و خشکی. اما برای عملکرد، اصلاح‌کننده دنبال یافتن ژنوتیپ‌هایی است که هم عملکرد بالایی داشته باشند و هم پایدار باشند.

۱-۲- روش Plaisted and Petrson (1959)

در این روش ژنوتیپی پایداری بیشتری نشان می‌دهد که مقدار کمتری داشته باشد، به عبارت دیگر ژنوتیپی که سهم کمتری در اثر متقابل ژنوتیپ و محیط دارد پایدارتر است.

$$\overline{\theta i} = \frac{p}{2(p-1)(q-1)} \sum_{j=1}^{q} (Xij - \overline{Xi}. - \overline{X}.j + \overline{X}..)2 + \frac{SS(G \times E)}{2(p-1)(q-1)}$$

$$SSG \times E = \sum i \sum j (Xij - \overline{X}i. - \overline{X}.j - \overline{X}..)^2$$

در این معادلات xij عبارت است از ارزش ژنوتیپ iام در محیط jام و $\overline{X}i.$ میانگین محیط‌های ژنوتیپ iام، $\overline{X}.j$ میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط jام و $\overline{X}..$ میانگین کل ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها است.

۱-۳- واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط Peterson (1960)

هر چه مقدار این شاخص بزرگتر باشد، نشان دهنده نقش کوچک‌تر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط مورد نظر است. لذا هر چه میزان این شاخص حداکثر باشد ژنوتیپ پایدارتر است (Plaisted, 1960).

$$Pi = \frac{-p}{(p-1)(p-2)(q-1)} \sum_{j=1}^{q} (Xij - \overline{Xi}. - \overline{X}.j + \overline{X}..)2 + \frac{SS(GE)}{(p-2)(q-1)}$$

۱-۴-آماره پایدار Wricke (1964)

یکی از روش‌های ساده برای بررسی پایداری عملکرد که مفهوم دینامیکی دارد استفاده از روش اکووالانس ریک می‌باشد. اکووالانس ریک براساس فرمول زیر محاسبه می‌گردد.

$$W_i^2 = \sum_{j=1}^{q}(Xij - \bar{X}i. - \bar{X}.j + \bar{X}..)^2$$

۱-۵- واریانس پایداری Shukla (1972)

در این پارامتر، ژنوتیپی پایدار است که کمترین میزان واریانس یا σ_i^2 را داشته باشد. گاهی موارد این مقدار نیز منفی می‌گردد که می‌توان آن را برابر صفر در نظر گرفت.

$$\sigma_i^2 = \frac{p}{(p-2)(q-1)}\sum_{j=1}^{q}(Xij - \bar{X}i. - \bar{X}.j + \bar{X}..)^2 - \frac{SS(GXE)}{(p-1)(p-2)(q-1)}$$

۱-۶- روش ضریب تغییرات هر ژنوتیپ (CV_i)

این روش اولین بار به‌منظور تعیین پایداری ارقام ذرت استفاده شد.

$$CVi = (Si/\bar{X}i.)\times 100$$

براساس این روش، ژنوتیپی پایدار است که حداقل مقدار CV_i و حداکثر عملکرد را در بین ژنوتیپ‌های دیگر داشته باشد.

۱-۷- شاخص برتری Lin and Binns (1988)

در این روش، علاوه بر بررسی پایداری، عملکرد بالای هر ژنوتیپ را نیز در نظر می‌گیرند. در این حالت ژنوتیپی پایدار بوده که دارای کمترین میزان شاخص باشد.

$$pi = [q(\bar{x}i. - \bar{M}..)^2 + (\sum_{j=1}^{q}(x_{ij} - \bar{x}i. - M\,j. + \bar{M}..)^2]/2q$$

در این آماره مقادیر x_{ij}، $\bar{x}i.$ همان مقادیر تعریف‌شده در ابتدای این مبحث می‌باشند و $M\,j.$، $\bar{M}..$ به ترتیب برابر با میانگین بیشترین پاسخ ژنوتیپی در کل محیط‌ها و بیشترین مقدار پاسخ در محیط زام است. در این فرمول قسمت اول معادله نشان‌دهنده مجموع مربعات ژنوتیپ و قسمت دوم مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط می‌باشد. بر طبق این روش هر میزان مقدار P_i کمتر باشد ژنوتیپ دارای پایداری عمومی بالای است.

بر مبنای پارامتر مذکور ژنوتیپ‌هایی که دارای سازگاری عمومی بالایی باشند شناسایی می‌شوند اما اگر ژنوتیپی دارای مقدار P_i بالا نباشد ممکن است دارای سازگاری خصوصی بالای باشد اما با استفاده از این پارامتر حذف می‌شود. برای جلوگیری از این حالت بین هر واریته و بیشترین عملکرد منطقه، یک میانگین مربعات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط جفتی به شرح زیر استفاده می‌شود.

$$MS(GE) = \sum_{j=1}^{q}[M\,j. - \bar{M}.. - (x_{ij} - \bar{x}i.)]^2/2(q-1)$$

اگر MS(GE) کوچک باشد، مقدار P_i معیار برتری خوبی خواهد بود و اگر مقدار MS(GE) بزرگ باشد الگوی پاسخ ژنوتیپ‌ها متفاوت است و لذا استفاده از معیار P_i مناسب نخواهد بود.

۱-۸- روش Finlay and Wilkinson (1963) و Eberhart and Russell (1966)

براساس این دو مدل ژنوتیپ زمانی پایدار است که قدر مطلق مقادیر b_i و S^2_{di} آن کمترین مقدار باشد (Eberhart and Russell, 1966). مدل‌های پارامتری که براساس تجزیه رگرسیون می‌باشند بیشترین کاربرد

را در مشخص نمودن ژنوتیپ‌های پایدار داشته‌اند (Scapim *et al.*, 2000).

برای محاسبه ضریب رگرسیون و انحراف ضریب رگرسیون از معادلات زیر استفاده می‌نمایند.

$$b_i = \frac{\sum_{j=1}^{q}(X_{ij} - \overline{X}..)(\overline{X}.j - \overline{X}..)}{\sum_{j=1}^{q}(\overline{X}.j - \overline{X}..)^2}$$

اگر از شاخص محیطی ($I_j = (\overline{X}.j - \overline{X}..)$) در فرمول استفاده شود، فرمول بالا به‌صورت زیر تغییر می‌کند:

$$b_i = \frac{\sum_{j=1}^{q} X_{ij} I_j}{\sum_{j=1}^{q} I_j^2}$$

$$s^2_{di} = \frac{\left[\sum_{j=1}^{q}(X_{ij} - \overline{X}i.)^2 - b_i^2 \sum_{j=1}^{q}(\overline{X}.j - \overline{X}..)^2\right]}{q-2}$$

۱-۹- روش رگرسیون Perkins and Jinks (1968)

این روش مشابه همان روش رگرسیون ابرهارت و راسل می‌باشد با این تفاوت که در روش ابرهارت و راسل، رگرسیون داده‌های اصلی هر ژنوتیپ × محیط بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌شود، ولی در روش پرکینز و جینکز، رگرسیون اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط هر ژنوتیپ بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌گردد. دو پارامتر ضریب رگرسیون و انحراف از ضریب رگرسیون نیز در این روش محاسبه می‌شوند. تفاوت دیگری که این روش با روش ابرهارت و راسل دارد این است که اگر در روش ابرهارت و راسل ضریب رگرسیون، b=1 گردد پایداری ژنوتیپ بالاست ولی در این روش اگر ضریب رگرسیون برابر با b=0 باشد ژنوتیپ پایدار است. در این روش ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌هایی که دارای ضریب رگرسیون بالاتر از صفر باشد برای محیط‌های با پتانسیل عملکرد بالا قابل پیشنهاد هستند و ژنوتیپ‌هایی که دارای ضریب رگرسیون کمتر از صفر باشند برای محیط‌های با پتانسیل عملکرد پایین توصیه می‌شوند. همچنین در این روش، مشابه روش ابرهارت و راسل اگر انحراف از رگرسیون ژنوتیپ‌ها محاسبه می‌گردد و ژنوتیپ‌هایی که مقدار انحراف از رگرسیون آن‌ها کم باشد (نزدیک به صفر) پایدارتر می‌باشند.

$$\beta_i = \frac{\sum_{j=1}^{q}(Xij - \overline{X}i. - \overline{X}.j + \overline{X}..)(\overline{X}.j - \overline{X}..)}{\sum_{j}(\overline{X}.j - \overline{X}..)^2} a$$

۱-۱۰- روش رگرسیون مستقل Freeman and Perkin (1971)

در روش‌های قبلی مانند روش ابرهارت و راسل (۱۹۶۶) و پرکینز و جینکز (۱۹۶۸) رگرسیون میانگین تکرارها بر روی شاخص محیطی و یا اثر متقابل بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌شود، که در آنها شاخص محیطی از مقادیر ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها مستقل نیست اما در روش پیشنهادی پرکینز و فریمن (۱۹۷۱) تکرارها به دو گروه تقسیم می‌شوند به طوری که شاخص محیطی از روی یکی از تکرارها محاسبه می‌گردد و مقادیر میانگین ژنوتیپ‌ها از روی دو یا چند تکراری که در محاسبه شاخص محیطی وجود نداشته‌اند محاسبه می‌شوند. در معادلات زیر شاخص محیطی را Z تعریف می‌کنند و حالت‌های مختلفی برای محاسبه این روش رگرسیون وجود دارد. یکی از تکرارها Z_1 را محاسبه و از تکرار دو و سه میانگین ژنوتیپ‌ها برآورد می‌شود و یا روش‌های دیگری که تکرارها در محاسبه مقادیر Z و میانگین ژنوتیپ‌ها جابجا می‌شوند.

$$b_i = \frac{\sum_j Y_{ij} Z_j}{Z_j}$$

$$Z_j = \overline{X}.j - \overline{X}$$

برای محاسبه $\overline{X}_{.j}$ و $\overline{X}_{..}$ در این روش تنها از یک تکرار استفاده می‌شود.

۱-۱۱- روش شاخص برتری (Di)

براساس این روش در تعیین ژنوتیپ‌های پایدار، هم از عملکرد ژنوتیپ و هم از ضریب رگرسیون استفاده می‌گردد. در این روش، ژنوتیپ‌هایی به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی می‌شوند که شاخص برتری (Di) آن‌ها مقادیر بالاتری داشته باشد.

شاخص برتری (Di) از طریق فرمول زیر محاسبه می‌شود (Hernandez *et al.*, 1993):

$$Di = \overline{Yi}. + (bi)C1$$

که C_1 از طریق فرمول زیر قابل محاسبه است:

$$C_1 = \frac{(I_b + I_a)}{2}$$

در این معادله $\overline{Y_{i.}}$ و bi به ترتیب میانگین عملکرد و ضریب رگرسیون واریته می‌باشد و I_a و I_b به ترتیب حداقل و حداکثر شاخص‌های محیطی است. شاخص پایداری ژنوتیپ استاندارد (پایدار) که دارای ضریب رگرسیون یک می‌باشد به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$Ds = \overline{Y}.. + C1$$

که $\overline{Y_{..}}$ میانگین کل همه آزمایش‌ها می‌باشد.

۱-۱۲- پایداری ژنوتیپی Hanson (1970)

این آماره با استفاده از روش تجزیه رگرسیونی حاصل می‌شود چون در این روش از کمترین ضریب رگرسیون روش ابرهارت و راسل (۱۹۶۶) برای محاسبه پایداری ژنوتیپی (D_i^2) استفاده می‌شود. براساس این روش هرچقدر مقدار D_i^2 کمتر باشد، پایداری ژنوتیپ بیشتر خواهد بود.

۱-۱۳- رگرسیون Tai (1971)

در سال ۱۹۷۱ تای یک روش تجزیه رگرسیونی ارائه نمود که از اصل روابط ساختاری، پیروی می‌کرد. این روش بیشتر بر مبنای امید ریاضی منابع تغییرات بود. در این روش بررسی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از طریق اثرات ژنوتیپی انجام می‌گیرد ولی در روش رگرسیون ابرهارت و راسل از اثرات فنوتیپی استفاده گردیده است. به عبارت دیگر در روش رگرسیون تای همان روش رگرسیونی ابرهارت و راسل می‌باشد با این تفاوت از یک وزنی که بر مبنای امید ریاضی داده‌هاست پارامترهای رگرسیونی ابرهارت و راسل تصحیح گردیده و پارامترهای رگرسیونی تای به دست می‌آیند. دو پارامتر α و λ در رگرسیون تای اهمیت زیادی در توجیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط دارند که پارامتر α بیانگر ضریب رگرسیون و مناسب‌ترین مقدار این پارامتر برای بررسی اثر متقابل بایستی ۱- و متوسط آن صفر باشد و پارامتر λ که بیانگر انحراف از خط رگرسیون می‌باشد، بهترین مقدار آن بایستی ۱ گردد. چنانچه ژنوتیپی دارای ضریب رگرسیون ۱- و انحراف از رگرسیون آن ۱ باشد پایداری آن ژنوتیپ کامل می‌باشد. همچنین اگر ژنوتیپی ضریب رگرسیون ۰ و انحراف ۱ داشته باشد پایداری متوسطی از خود نشان خواهد داد. همچنین با استفاده از روش رگرسیونی تای یک نمودار هذلولی شکل ترسیم می‌گردد که قابلیت تفکیک ژنوتیپ‌های با پایداری بالا و پایین را دارا است.

روابطی که رگرسیون تای را تشکیل می‌دهند عبارتند از:

$$\alpha_i = \frac{(\sum_j \varepsilon_j (ge)_{ij} /(q-1))}{(msl - msb)/(pr)}$$

$$\lambda_i = \frac{(\sum_j ge_{ij}^2 /(q-1)) - \alpha_i(\sum_j \varepsilon_j ge_{ij})/(q-1)}{(p-1)MSE / pr}$$

در این روابط:

$$g_i = \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}$$
$$\varepsilon_j = \bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}$$

msl = واریانس اثرات محیطی، msb = واریانس تکرار درون محیط‌ها و Mse واریانس اشتباه می‌باشد.

۱-۱۴- ضریب تشخیص

ضریب تشخیص یا تبیین روابط رگرسیونی می‌تواند برای بررسی پایداری بکار رود و کفایت مدل رگرسیونی ابرهارت و راسل (۱۹۶۶)را مشخص نماید. استفاده از ضریب تبیین برای تعیین ژنوتیپ‌های پایدار در آزمایش‌ها ناحیه‌ای عملکرد توسط پینتوس پیشنهاد گردید (Pinthus, 1973)

$$R_i^2 = SS(REG)_i / SS(TOTAL)_i$$

مزیت عمده این روش این است که فاقد واحد اندازه‌گیری است و واحد اندازه‌گیری در آن تأثیری ندارد. براساس این روش ژنوتیپ‌های پایدار دارای حداکثر میزان ضریب تبیین می‌باشند. این مدل گرچه مزایای مربوط به خود را دارا است اما به‌تنهایی قادر به تشخیص ژنوتیپ‌های برتر یا پایدار نیست. زیرا نسبت توجیه مدل رگرسیونی را به محقق نشان می‌دهد و هیچ‌گونه روند خاصی را توجیه نمی‌نماید.

۲- روش‌های تعیین پایداری مبتنی بر آمار چند متغیره

در تجزیه مرکب فقط آثار متقابل جمع‌پذیر برآورد می‌گردد، به همین دلیل محققان دنبال روش‌های بوده‌اند که از اثرات ضرب‌پذیر هم استفاده شود. از جمله روش‌های ضرب‌پذیر چند متغیره می‌توان به PCA و AMMI نام برد.

روش‌های چند متغیره دارای چندین مزیت می‌باشند:

۱. جدا کردن داده‌های نویز (باقیمانده) که دارای یک نظم غیر سیستماتیک هستند از داده‌ها که دارای یک‌روند خاص و سیستماتیک هستند.

۲. خلاصه کردن داده‌ها در ابعاد کوچک‌تر و تفسیر براساس آن‌ها

۳. نشان دادن یک ساختار برای داده‌ها (Crossa, 1990) در ضمن برخلاف روش‌های کلاسیک روش‌های چند متغیره ساختار درونی داده‌ها را به وضوح نشان داده و بیان می‌دارد که کدام روش آماری برای آزمون داده‌ها موردنیاز است (Gauch, 1982).

از روش‌های چند متغیره، روش تجزیه خوشه‌ای، روش تجزیه به مختصات اصلی، روش AMMI، روش GREG و روش GGE biplot یا رگرسیون مکانی (SREG) در این مطالعه استفاده‌شده است.

۱-۲- روش AMMI

یکی از معایب روش تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) این است که در مدل آن فقط اثرات ضرب پذیر موردتوجه قرار می‌گیرند و اثرات جمع‌پذیر لحاظ نمی‌شوند. بنابراین اثرات جمع‌پذیر از اثرات ضربی جدا نشده و این دو اثر با هم اختلاط می‌یابند. علاوه بر این اثرات ضرب‌پذیر یا اثرات متقابل نیز حاصل از مدل

جمع‌پذیر است، پس اثرات متقابل به‌خوبی تفسیر نمی‌شوند چون اثرات جمع‌پذیر تفسیر نشده‌اند. برای حل این مشکلات کمپتون (۱۹۸۴) از روش AMMI در تجزیه داده‌های حاصل از عملکرد استفاده کرد (Kempton, 1984).

روش AMMI مبتنی بر اجزای جمع و ضرب‌پذیر می‌باشد. این مدل یک مدل تشخیصی است، به عبارت دیگر این مدل یک مدل مناسب برای تجزیه‌های اولیه تجزیه مرکب است، زیرا این مدل، به‌عنوان یک ابزار تحلیلی، قادر به تشخیص بهترین نوع تجزیه و تحلیل برای مجموعه داده‌ها می‌باشد. مدلAMMI بیان ساختار اثر متقابل ژنوتیپ × محیط است.

این مدل در واقع خلاصه نمودن مجموع داده‌ها در یک الگوی ساختاری و جداسازی آن از مقدار نویز است و ویژگی سوم AMMI عبارت است از تخمین بهتر میزان عملکرد، از طریق اعتبار سنجی روایی که معادل با افزایش تکرار در آزمایش‌ها می‌باشد و راندمان انتخاب ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌ها را افزایش می‌دهد(Crossa, 1990).

در مدل AMMI ابتدا اثرات اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط با تجزیه واریانس و سپس با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مقدار باقی‌مانده مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. مدل آماری AMMI به شرح زیر می‌باشد

$$y_{ij}=\mu+g_i+e_j+\sum_{k=1}^{N}\lambda_k\alpha_{ik}\gamma_{jk}+\varepsilon_{ij}$$

در این مدل y_{ij}، میانگین تکرارهای ژنوتیپ iام در محیط jام، g_i و e_j، به ترتیب انحرافات اثرات ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از میانگین، λ_k، مقدار منفرد برای مؤلفه nام، α_{ik}، مقادیر ویژه بردار ژنوتیپی مؤلفه nام و γ_{jk}، مقادیر ویژه بردار محیطی مؤلفه nام و ε_{ij} مقادیر باقیمانده که در مدل باقی می‌ماند است.

پارامترهای پایداری مدل AMMI

از چندین پارامتر AMMI برای پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود، SIPC یا مجموع مقادیر ویژه مؤلفه‌های باقیمانده در مدل، EV یا میانگین مربعات بردار مؤلفه‌ها برای هر ژنوتیپ و AMGE جمع مقادیر ویژه ژنوتیپ در محیط تعداد مؤلفه‌های باقیمانده در مدل می‌باشد (Sneller *et al*., 1997). در سال ۱۹۹۷ پارچیس یک معیار معتبر پایداری را با استفاده از مدل AMMI برای پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه نمود، که آن را ارزش پایداری ASV(AMMI) می‌نامند و در آن از دو مؤلفه اول AMMI برای این روش استفاده می‌گردد. همچنین از دو پارامتر D که بیانگر فاصله اقلیدسی و قدر مطلق اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل است استفاده شده است.

$$EV=\sum_{k=1}^{N}\alpha_{in}^2$$

$$SIPC=\sum_{k=1}^{N}\left|\lambda_k^{0.5}\alpha_{ik}\right|$$

$$AMGE=\sum_{k=1}^{N}\sum_{j=1}^{E}\lambda_K\alpha_{ik}\gamma_{jk}$$

$$D=\left[\sum(\lambda_k\alpha_{in})^2\right]^{0.5}$$

$$ASV=\sqrt{\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPSA2}}(GSIPCA1)^2+(GSIPCA2)^2}$$

که GSIPC1 و GSIPC2 مقادیر ویژه ژنوتیپی مؤلفه اول و دوم می‌باشند.

مزایای مدل AMMI

- فهم بهتری از اثرات متقابل مؤلفه‌های ضربی می‌دهد.
- با کاهش مقدار نویز برآورد دقیق‌تری از عملکرد ارائه می‌شود.
- باعث بهبود و موفقیت بیشتر در گزینش مواد اصلاحی می‌گردد.
- برآورد بهتری از داده‌های از دست رفته می‌دهد.
- در آزمایش‌های به‌نژادی که تعداد تکرارها کم است مثل آزمایش دورگ‌های ذرت بازده ژنتیکی بیشتری از روش‌های رایج در مدت‌زمان کمتری به‌دست می‌آید که در اصلاح نباتات خیلی مهم است.

۲-۲- روش GGE biplot

بای‌پلات روشی است که ابتدا توسط گابریل (۱۹۷۱) ابداع و توضیح داده شد (Gabriel, 1971) سپس توسط کمپتون (۱۹۸۴) و زوبل و همکاران (۱۹۸۸) گسترش یافت (Kempton, 1984; Zobel *et al.*,1988). روش GGE biplot نیز توسط یان و همکاران (۲۰۰۱) برای ترسیم گرافیکی روابط ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بکار گرفته شد (Yan *et al.*, 2001). مفهوم GGE، از اثرات اصلی ژنوتیپ و اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط گرفته می‌شود و قسمت ضرب‌پذیر مدل رگرسیون مکانی(SREG) را تشکیل می‌دهد. روش GGE biplot به به‌نژادگر این امکان را می‌دهد که یک تصویر از روابط بین ژنوتیپ و محیط‌ها را مجسم کند و براساس نمودار گرافیکی که با استفاده از نرم‌افزار GGE biplot ترسیم می‌شود به قضاوت پرداخته و ژنوتیپ‌های مطلوب را برای ابرمحیط‌های مختلف انتخاب نماید. همچنین با استفاده از این روش می‌توان ژنوتیپ پایدار را مشخص نمود. با استفاده از GGE biplot می‌توان به اهداف ذیل رسید.

۲-۳- تجزیه به مختصات اصلی

استفاده از تجزیه به مختصات اصلی برای بررسی پایداری، ابتدا توسط وستکات (۱۹۸۷) پیشنهاد شد (Westcott, 1987) و سپس توسط کراسا (۱۹۸۸) بکار گرفته شد (Crossa, 1988). این روش را گاهی اوقات روش مقیاس‌بندی کلاسیکی گویند. روش تجزیه به مختصات اصلی یک روش مقیاس‌دهی چندبعدی یا یک تکنیک دسته‌بندی است که ساختار داده‌های اصلی را در ابعاد کمتر به صورت هندسی به تصویر می‌کشد (Gordon, 1980). فاصله بین نقاط در یک نمودار با ابعاد کمتر نشان‌دهنده فاصله کمتر بین داده‌های اصلی و یا ارتباط بیشتر بین داده‌های اصلی است. شباهت بین اجزا و عدم شباهت آن‌ها با استفاده از فاصله بین نقاط در نمودار نشان داده می‌شود. تجزیه مختصات اصلی در واقع حالت تعمیم‌یافته تجزیه مؤلفه‌های اصلی است که در آن از شباهت بین افراد استفاده می‌شود. اهداف و محدودیت‌های تجزیه مختصات اصلی شبیه تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است. به‌منظور کنترل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و نیز روش‌های حذف اثرات محیطی از روش تجزیه به مختصات اصلی استفاده شده است.

مزایای روش تجزیه به مختصات اصلی برای مطالعه و تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است.

روش تجزیه به مختصات اصلی دارای مزیت‌هایی به شرح زیر است:

- برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در مناطق پر محصول و کم محصول مفید می‌باشد.

- این روش بستگی به تعداد ژنوتیپ‌های موجود در آزمایش ندارد.

- به‌منظور شناسایی ارقام پایدار از روش‌های گرافیکی استفاده می‌شود.

روش تجزیه به مختصات اصلی از روش‌های هندسی به شمار می‌رود. هدف اصلی از این روش‌ها آن است که هر ژنوتیپ و یا محیط توسط نقطه‌ای در فضای اقلیدسی نمایش داده می‌شود و لذا ژنوتیپ‌هایی که دارای شباهت بیشتری به یکدیگر هستند نزدیک هم قرار می‌گیرند.

۲-۴- تجزیه خوشه‌ای

از جمله روش‌های چند متغیره که برای تعیین پایداری ارقام به‌وفور استفاده می‌شود می‌توان به تجزیه خوشه‌ای اشاره نمود. روش تجزیه خوشه‌ای به‌طور معمول برای n فرد و با p صفت بکار برده می‌شود. برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ساختار دوطرفه داده‌هایی که دارای اثر متقابل می‌باشند را می‌توان به‌صورت زیرگروه‌هایی همگن گروه‌بندی نمود. برای گروه‌بندی داده‌ها روش‌های مختلفی وجود دارد اما یکی از بهترین روش‌ها می‌تواند تجزیه خوشه‌ای باشد. در روش تجزیه خوشه‌ای ابتدا با استفاده از روش‌های مختلف، فواصل اقلیدسی گروه‌ها را مشخص و سپس عملیات خوشه‌بندی را انجام می‌دهند. اولین بار هنسون روش تجزیه خوشه‌ای را برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها پیشنهاد نمود (Hanson, 1970).

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left[(x_{ij} - \bar{x}_{i.}) - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.})\right]^2 / q$$

پس از آن، روش‌های مختلفی برای محاسبه فاصله اقلیدسی ژنوتیپ‌ها، توسط محققان دیگر ارائه گردید. یک روش تجزیه خوشه‌ای توسط فاکس و روسیول به شرح زیر پیشنهاد شده است (Fox and Rosielle, 1982):

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left([x_{ij} - \bar{x}_{i.}) / S_i - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.}) / S_i\right]^2$$

با توجه به معایب و محدودیت‌های فواصل اقلیدوسی ذکر شده، فاصله استاندارد شده توسط ابوعلی‌فتوح به شرح زیر می‌باشد (Abou-El-Fittouh *et al.*, 1969 in Lin *et al.*, 1986).

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left([x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) / W_i - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) / W_i\right]^2$$

$$W_i = \sum_{j=1}^{q}(x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..})^2$$

در سال ۱۹۷۵ لین و تامپسون برای تجزیه خوشه‌ای داده‌های جدول دوطرفه ژنوتیپ × محیط، فواصل اقلیدسی به‌دست آمده از روش رگرسیون را پیشنهاد دادند که در این روش‌ها ژنوتیپ‌ها براساس شباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ گروه‌بندی می‌شدند (Lin and Thompson, 1975). روش لین و تامپسون بعدها توسط لین و باتلر (۱۹۹۰) توسعه پیدا کرد (Lin and Butle, 1990). لین و باتلر علاوه بر تجزیه خوشه‌ای براساس فواصل به‌دست آمده از روش رگرسیون که مبتنی برشباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ می‌باشند، سه روش دیگر تجزیه خوشه‌ای را پیشنهاد نمودند که عبارت بودند از تجزیه براساس فواصل اقلیدسی به‌دست آمده از انحراف از خط رگرسیون، اثر متقابل ژنوتیپ در محیط زیرگروه‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ و ژنوتیپ، که اثر متقابل از تجزیه واریانس ژنوتیپ‌های هر گروه به‌دست می‌آید.

۳- بررسی پایداری با استفاده از روش‌های ناپارامتری

روش‌های پارامتری، روش‌های مرسوم آماری هستند که با مشخص بودن توزیع احتمال یک متغیر تصادفی در مورد ویژگی‌های جامعه مورد بررسی برآوردهایی انجام می‌دهند. به‌عبارت‌دیگر زمانی که توزیع متغیرهای مورد مطالعه مشخص باشد می‌توان پارامترهای جامعه را استنباط کرد. این شاخه مهم از آمار را آمار پارامتری گویند و در مقابل آن آمار ناپارامتری وجود دارد که از توزیع خاصی پیروی نمی‌کند. اصطلاح ناپارامتری برای اولین بار در سال ۱۹۴۲ در رساله دکتری یک آماردان بکار رفت. در آمار ناپارامتری نمونه‌های اخذ شده از جامعه به‌صورت صعودی مرتب شده و به آن‌ها رتبه داده می‌شود و پس از این کار سایر معیارهای مورد نیاز از طریق این رتبه‌ها به‌دست می‌آید.

کاربرد و محاسبه معیارهای ناپارامتری پایداری، آسان بوده و تفسیر آن‌ها به‌راحتی امکان‌پذیر است. بنا به این دلایل و موارد دیگری که ذکر خواهد شد توسعه و گسترش معیارهای ناپارامتری در سال‌های اخیر گسترده بوده است و معیارهای متعدد ناپارامتری توسط محققین متفاوتی پیشنهاد شده است. معیارهای ناپارامتری حساسیت چندانی به اشتباهات ناشی از اندازه‌گیری ندارند و صادق بودن مفروضات اولیه تجزیه واریانس در مورد آن‌ها الزامی نیست. مفروضات اولیه برای استفاده از روش‌های پارامتری شامل نرمال بودن داده‌ها، همگنی واریانس باقی‌مانده‌ها، عدم وجود داده‌های پرت و جمع‌پذیر بودن اثرات اصلی است.

روش‌های ناپارامتری دارای برخی معایب نظیر عدم مشخص شدن اختلافات نسبی در عملکرد ژنوتیپ‌ها است به‌عبارت‌دیگر میزان اختلافات و بزرگی آن‌ها را نمی‌توان با این آماره‌ها مشخص نمود.

در سال ۱۹۸۸ روش‌های ناپارامتری مجموع رتبه کنگ (Kang, 1988) و معیار برتری ناپارامتری فوکس (Fox *et al.*, 1990) نیز در سال ۱۹۹۰ ارائه گردید. در سال ۱۹۹۵ نیز روش‌های ناپارامتری تنارازو نیز ارائه شد (Thennarasu, 1995; Prabhakaran, 2000).

تنارازو در رساله دکتری خود با تأکید بر این‌که رتبه یک ژنوتیپ در یک محیط نابایستی براساس ارزش فنوتیپی مشاهده‌شده آن باشد پیشنهاد کرد که برای حذف اثر ژنوتیپی از عملکرد مشاهده‌شده، ابتدا عملکرد هر ژنوتیپ تصحیح‌شده و سپس از روش‌های ناپارامتری برای تعیین پایداری استفاده شود (Thennarasu, 1995; Prabhakaran, 2000).

برخی از مزیت‌های بررسی اثر متقابل با استفاده از روش‌های آماری ناپارامتری عبارتند از:

- نداشتن حساسیت بالا به میزان اشتباه آزمایشی و تأثیر زیاد حذف یا اضافه شدن یک یا چندین نمونه بر میزان واریانس
- از دیگر محاسن این روش قابلیت تفسیر ساده‌تر این روش‌ها نسبت به روش‌های پارامتری است (Nassar and Hühn, 1987).

در روش‌های ناپارامتری به‌جای عملکرد ژنوتیپ × محیط از رتبه عملکرد آن استفاده می‌شود.

از آماره‌های ناپارامتری متعددی برای برآورد کردن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده می‌گردد که به‌اجمال در ادامه مطلب توضیح داده می‌شوند.

۳-۱- روش‌های ناپارامتری Nassar and Huhn (1987)

اولین مرتبه هان (۱۹۷۹) و نصار و هان (۱۹۸۷) روش‌های ناپارامتری را برای بررسی پایداری عملکرد استفاده نمودند. در این روش ابتدا داده‌های عملکرد در یک جدول دوطرفه ژنوتیپ × محیط آورده می‌شوند. سپس به هر یک از آن‌ها یک رتبه (r_{ij}) داده می‌شود. میانگین رتبه ژنوتیپ در محیط را با $\bar{r}_{i.}$ یا $\bar{r}_{i.}^{*}$ نشان می‌دهند همچنین r_{ij} و r^{*}_{ij} را رتبه تصحیح نشده و تصحیح شده می‌نامند که r*ij رتبه‌ای است که از داده تصحیح شده با استفاده از رابطه زیر به‌دست می‌آید.

$$\left(x_{ij}^{*} = x_{ijk} - \bar{x}_{i.} + \bar{x}..\right)$$

که $\bar{X}_{..}$ برابر است با میانگین همه ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها می‌باشد.

میانگین اختلافات رتبه ($S_i^{(1)}$) پارامتری است که برای یک ژنوتیپ معین مقدار میانگین اختلافات ناشی از رتبه ژنوتیپ در تمامی محیط‌ها را اندازه می‌گیرد (Huhn, 1979). این معیار مفهوم مشابه واریانس محیطی دارد و مشابه آن پایداری بیولوژیکی را نشان می‌دهد. واریانس رتبه ($S_i^{(2)}$) پارامتری است که واریانس را برای رتبه‌های یک ژنوتیپ در محیط‌های مورد آزمایش نشان می‌دهد (Nassar and Huhn, 1987; Huhn and Nassar, 1989) و معیار $S_i^{(3)}$ دارای ماهیت نسبت است و علاوه بر پایداری، عملکرد ژنوتیپ‌ها را نیز می‌رساند به عبارت دیگر انتخاب براساس این پارامتر موجب انتخاب ارقام پایدار با عملکرد بالا می‌شود (Nassar and Huhn, 1987; Huhn and Nassar, 1989). ماهیت پایداری آماری $S_i^{(6)}$ نیز مشابه $S_i^{(3)}$ می‌باشد ولی نحوه محاسبه آن متفاوت است (Huhn, 1979).

$$S_i^{(1)} = 2\sum_{j}^{n-1}\sum_{j'=j+1}^{n}\left|r_{ij}^{*} - r_{ij'}^{*}\right| / [n(n-1)]$$

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^{n}(r_{ij}^{*} - \bar{r}_{i.}^{*})^2 / (n-1)$$

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}(r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{\bar{r}_{i.}}$$

$$S_i^{(6)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}|\, r_{ij} - \bar{r}_{i.}\,|}{\bar{r}_{i.}}$$

در این فرمول‌ها n برابر با تعداد محیط است، rij و $\bar{r}_{i.}$ برابر با رتبه و میانگین رتبه عملکرد تصحیح نشده است و r^{*}_{ij} و $\bar{r}_{i.}^{*}$ برابر با رتبه و میانگین رتبه تصحیح شده است.

۳-۲- معیارهای ناپارامتری Thennarasu (1995)

در این معیارها رتبه هر ژنوتیپ براساس رتبه فنوتیپی آن اندازه‌گیری نمی‌شود زیرا رتبه هر ژنوتیپی مستقل از اثرات فنوتیپی است.

بنابراین رتبه ژنوتیپ iام در محیط jام براساس فنوتیپ تصحیح شده یعنی ($X_{ij}^{*} = X_{ijk} - \bar{X}_{i.} + \bar{X}_{..}$) می‌باشد که رتبه بدست آمده از فنوتیپ تصحیح شده به مقدار اثرات ژنوتیپی بستگی دارد.

$$NP_i^{(1)} = \frac{1}{n}\sum_{J=1}^{n}\left|r^{*}_{ij} - M^{*}_{di}\right|$$

$$NP_i^{(2)} = \frac{1}{n}\left[\sum_{J=1}^{n}\left|r^{*}_{ij} - M^{*}_{di}\right| / M_{di}\right]$$

$$NP_i^{(3)} = \frac{\sqrt{\sum\left(r^{*}_{ij} - \overline{r^{*}}_{i.}\right)^2 / n}}{\bar{r}_{i.}}$$

$$NP_i^{(4)} = \frac{2}{n(n-1)}\left[\sum_{j=1}^{n-1}\sum_{[j'=j+1]}^{n}\left|r_{ij}^{*} - r^{*}_{ij'}\right| / \bar{r}_{i.}\right]$$

در این فرمول‌ها، X_{ij} مقدار عملکرد مشاهده‌شده X^*_{ij} مقدار عملکرد تصحیح‌شده r^*_{ij} رتبه عملکرد تصحیح‌شده M_{di} و $\bar{r}_{i.}$ میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح نشده ژنوتیپ iام است و M^*_{di} و $\bar{r}^*_{i.}$ نیز میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح شده ژنوتیپ iام است.

ماهیت پایداری آماری نیز مشابه می‌باشد ولی نحوه محاسبه آن متفاوت است (Huhn, 1979). روش‌های ناپارامتری دارای یک سری از معایب نیز می‌باشند که مهم‌ترین آن‌ها عدم مشخص شدن اختلافات نسبی در عملکرد ژنوتیپ‌ها می‌باشد به عبارت دیگر میزان اختلافات و بزرگی آن‌ها را نمی‌توان مشخص نمود. روش‌های ناپارامتری مجموع رتبه کنگ در سال ۱۹۸۸ و معیار برتری ناپارامتری فوکس نیز در سال ۱۹۹۰ ارائه گردید (Kang, 1988; Fox *et al*., 1990). در سال ۱۹۹۵ نیز روش‌های ناپارامتری تنارازو ارائه شد (Thennarasu, 1995 in Hanuman and Prabhakaran, 2000). تنارازو در رساله دکتری خود با تأکید بر این‌که رتبه یک ژنوتیپ در یک محیط نبایستی براساس ارزش فنوتیپی مشاهده‌شده آن باشد پیشنهاد کرد که برای حذف اثر ژنوتیپی از عملکرد مشاهده‌شده، ابتدا عملکرد هر ژنوتیپ تصحیح شده، سپس از روش‌های ناپارامتری برای تعیین پایداری استفاده گردد (Thennarasu, 1995, Prabhakaran, 2000).

۳-۳- معیار برتری ناپارامتری

معیار ناپارامتری دیگری بنام معیار برتری وجود دارد. در این روش رتبه‌بندی براساس عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر مکان صورت می‌گیرد و سپس براساس درصد قرارگیری ژنوتیپ‌ها در بالا، متوسط و پایین معیارهای Top، Mid و Low توصیف می‌گردد (Fox *et al*., 1990). هر چه میزان آماره Top یک ژنوتیپ بیشتر باشد پایدارتر است.

۳-۴- مجموع رتبه

معیار مجموع رتبه کنگ یک معیار ناپارامتری است که از واریانس پایداری شوکلا نیز استفاده می‌کند. مجموع رتبه حاصل از میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها و رتبه حاصل از واریانس پایداری شوکلا را مجموع رتبه گویند (Kang, 1988). مقدار پایین این آماره، معرف پایداری خوب و مطلوبیت بیشتر ژنوتیپ‌ها است.

منابع:

Crossa, J. (1988**).** A comparison of results obtained with twomethods for assessing yield stability. Theoretical & Applied Genetics, **75**:460-467.

Crossa, J., (1990). Statistical analysis of multilocational trials. Advance in Agronomy, 44:55-85**.**

Eberhart, S. A. & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. Crop Science, **6:** 36-40.

Fisher, R.A. (1918) The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance**.** Transactions Royal Society of Edinburgh, 52**:** 399-433**.**

Fox, P. & Rosielle, A. (1982). Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. Euphytica, 31: 645-656 .

Freeman, G.H. & Perkins, J. M. (1971). Environmental and genotype environmental components of variability VIII. Relation between genotypes grown in different environments and masures of these environments. Heredity, 27: 15-23.

Gabriel, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika, 58: 453-467.

Gordon, A.D., (1980). Classification. Chapman and Hall, London. Hanounik, S.B. and Bisri, M. 1991. Status of diseases of faba beans in the Mediterranean region and their control. In: (eds). J.I. Cubero and M.C. Saxena, Present status and future prospects of faba bean production and improvement in the Mediterranean countries. CIHEAM/IAMZ, Zaragoza, Spain, pp. 59-66.

Guach, H.G. (1982). Multivariate Analysis in Community Ecology. 1st Ed. Cambridge Univ. Press, London and New York.

Hanson, W.D. (1970). Genotypic stability. Theoretical and Applied Genetics, 40**:** 226-231.

Hanuman, L. R. & Prabhakaran, V. T. (2000). A statistical comparison between non-parametric and parametric stability measures. Indian Journal of Genetics, 60**:** 417-432.

Hernandez, C. M. Crossa, J. & Castillo, A. (1993). The area under the function **:** an index for selecting desirable genotypes. Theoretical and Applied Genetics, 87**:** 409-415.

Huhn, M. (1979). Beitrage zur Erfassung der phanotypischen stabilitat. I. Vorschlag einiger auf Ranginformationnen beruhenden stabilitatsparameter. EDV in Medizin und Biologie, **10:** 112-117 (in German).

Huhn, M. & Nassar, R. (1989). On tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. Biometrics, **45:** 997-1000.interaction. Heredity, 56**:** 243–253.

Kang, M.S. (1998). Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. Advances in Agronomy. **62**: 199–252.

Kempton, R. A. (1984). The use of biplots in interpreting variety by environment interaction. Journal of Agricultural Science, 103: 123-135.

Lin, C. S. & Binns, M. R. (1988). method for analyzing cultivar × location × year experiments: A new stability parameter. Theoretical and Applied Genetics, 79: 425-430.

Lin, C. S. & Butler, G. (1990). Cluster analysis for analyzing two way classification data. Agronomy Journal, **82** : 344-348.

Lin, C. S. & Thompson, B. (1975). An empirical method of grouping genotypes based on a linear function of the genotype-environment interaction. Heredity, 34: 255-263.

Lin, C. S., Binns, M. R. & Lefcovitch, L. P. (1986). Stability analysis :where do we stand? Crop Science, 26: 894-900.

Nassar, R. & Huhn, M. (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: test of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. Biometrics 43: 45–53.

Pinthus, J. M. (1973). Estimate of genotype value: a proposed method. Euphitica, 22: 121-123.

Plaisted, R. L. (1960). A shorter method of evaluating the ability of selection to yield consistently over seasons. Am Potato J 37: 166–172.

Plaisted, R. L. & Peterson, L. C. (1959). A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. American Potato Journal, 36: 381–385.

Purchase, J. L. (1997). Parametric Analysis to Describe G × E Interaction and Yield Stability in Winter Wheat. Ph.D Thesis, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, University of the Orange Free State, Bloemfontein, South Africa. regional trials. Crop Science, 11: 184–190.

Scapim, C.A., Oliveria, V.R., Braccini, C.D., Andrade, C.A., & Vidigal, M.C. (2000). Yield stability in maize and correlations among the parameters of the Ebrhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. Genetic Molecular Biology Journal, 23: 387-393.

Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental compounents of variability. Heredity, 29: 237-245.

Sneller, C. H. Cilgore-Norquest, L. & Dombek, D. (1997). Repeatability of yield stability in soybean. Crop Science, 37: 383-390.

Tai, G. C. C. (1971). Genotypic stability analysis and application to potato the Ebrhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. Genetic.

Thennarasu, K. (1995). On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D Theses, P. J. School, IARI., New Delhi.

Westcott, B. (1986). Some methods of analysing genotype-environment.

Witcombe, J.R. (2001) The impact of decentralized and participatory plant breeding on the genetic base of crops. In: Cooper, H.D., Spillane, C. and Hodgkins, T. (eds) Broadening the Genetic Bases of Crop Production. CAB International, Wallingford, UK, pp. 407–417.

Wricke, G. (1962). Uber eine methode zur refassung der okologischen streubretite in feldversuchen, Flazenzuecht, 47: 92–96.

Yan, W., Cornelius, P. L., Crossa, J. & Hunt, L. A. (2001). Two types of GGE biplot for analyzing multi-environment trial data. Crop Science, 41: 656-663.

Yates, F. & Cochran, W.G. (1938) The analysis of groups of experiments. Journal of Agricultural Science, 28: 556–580.

Zobel, R., Wright, M. & Gauch Jr, H. (1988). Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal , 80: 388–393.

گزارشی کوتاه از شرکت در دوره آموزشی NGS در تاریخ ۴ و ۵ بهمن‌ماه ۱۳۹۶ در انستیتو پاستور ایران

A short report from the NGS training course on January 2018 at the Pasteur Institute of Iran

علی زمان میرآبادی
Zaman.a@arc-ordc.ir
رئیس مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

در سال‌های اخیر، بیشتر مطالعات زیست شناسی در حوزه ژنومیک مبتنی بر DNA و RNA بوده و اینکار با تجهیزات متنوع و پیشرفته و عموماً خدمات مبتنی بر توالی یابی کل ژنوم و یا RNA انجام می‌گردد. با این روش توالی یابی، می‌توان بیشتر اطلاعات ژنومی و همچنین داده‌های مربوط به سطح بیان ژن‌ها را استخراج نمود. این گزارش مربوط به دوره‌ای دو روزه است که تحت عنوان فوق بنده در انستیتو پاستور شرکت نمودم و خلاصه آن را در این مطلب عنوان نمودم.

روز اول دوره آموزشی توسط آقای دکتر بختیارزاده از بخش علوم دامی دانشگاه ابوریحان تهران در نوبت صبح ساعت ۹ ارائه گردید و در مورد پیشرفت‌های حاصله در موضوع توالی‌یابی ارائه گردید. عنوان شد که روش‌های توالی یابی بخش‌های گسترده‌ای داشته و در سطوح مختلف انجام می‌گیرد که هر کدام از این بخش‌ها چهارچوب کلی یکسانی دارند اما در سطوح عملیاتی و استخراج داده‌ها با یکدیگر متفاوت می‌باشند. هدف از شرکت در این کلاس آشنایی با چهارچوب فعالیت‌های حوزه نسل جدید توالی‌یابی یا به‌اصطلاح Next Generation Sequencing (NGS) بوده است. بخشی از تجزیه و تحلیل داده‌ها در توالی یابی ژنوم مربوط به miRNA می‌باشد. میکرو RNA ها توالی‌های کوچک اسید نوکلئیک هستند که ساز و کارهای مختلفی در ژنوم از جمله در موضوع خاموشی ژن‌های بیان‌شده دارند و کاربردهای آن در حوزه پزشکی و کشاورزی در حال گسترش است. شناسایی این قطعات کوچک اسید نوکلئیک در سطح ژنوم کار ساده‌ای نیست و شناسایی، کیفیت سنجی، تجزیه و تحلیل این داده‌ها نیاز به پروتکل‌ها و روش‌های مختلفی دارد که نیازمند یادگیری دانش برنامه‌نویسی و خدمات مبتنی بر داده‌های بانک‌های اطلاعاتی می‌باشد. در جلسه بعدازظهر و صبح روز بعد، با نحوه استفاده از تعدادی از این نرم افزارها و دستورها در محیط DOS توسط جناب آقای دکتر بختیارزاده آشنا شدیم. در بعدازظهر روز دوم، آقای دکتر شریعتی، به‌طور اختصاصی و با چند کد دستوری در محیط R studio تجزیه و تحلیل‌ها و رسم گراف‌های آماری کاربردی را تشریح نمودند.

ارائه برخی از مطالب کارگاه توسط آقای دکتر بختیارزاده در خصوص تکنولوژی توالی‌یابی

در سال ۱۹۷۵ به‌وسیله روش سنگر (از روش نوکلئوتیدهای برگشت ناپذیر) ، اولین باکتریوفاژ توالی یابی شد. به دنبال آن ماکسام گیلبرت در سال ۱۹۷۷ بر پایه تجزیه شیمیایی اینکار را انجام دادند. در روش سنگر کیفیت براساس طول و ارتفاع پیک است و از

این روش به دلیل سرعت انجام کار استقبال بیشتری می‌شود. روش سنگر ابتدا در الکتروفورز راه‌اندازی گردید و سپس دستگاه‌های مختلفی بر این اساس طراحی و روانه بازار شد مانند ABI270 سیستم ۱۹۸۷، بعد ABI 377 یا ABI 3730 که همگی بر پایه سنگر و الکتروفورز بودند. سپس دستگاه‌ها براساس کاپیلاری و سیستم لیزری ABI310 بنا نهاده شدند و نهایتاً پروژه ژنوم انسان در سال ۱۹۹۰ توسط پنج کشور و با مشارکت ۵۰ درصدی امریکا و سایر کشورها مثل استرالیا، کانادا، فرانسه و ژاپن رقم خورد. این پروژه ۱۳ سال با هزینه سه میلیارد دلاری به اتمام رسید. در سال ۲۰۰۴ حدود ۱۰ میلیون دلار هزینه توالی یابی برای هر فرد اعلام گردید و البته بعد از آن با سرمایه‌گذاری ۷۰ میلیون دلاری تصمیم گرفتند این هزینه را کاهش دهند که نهایتاً منجر به شروع مرحله جدیدی از خدمات NGS شد. اولین پلت فرم توسط Roch تحت عنوان نسل دوم سیستم‌های توالی یابی راه اندازی گردید. در همه پلت فرم‌های آن ابتدا DNA و cDNA را به قطعات کوچک‌تر تبدیل می‌کردند سپس با آنزیم لیگاز، آداپتورها را متصل و در مرحله بعد آن را در جایگاه‌های خود ثابت می‌نمودند و نهایتاً پس از تکثیر، توالی یابی شروع می‌گردید. بیشتر پلت فرم‌ها در نحوه تکثیر و توالی یابی با یکدیگر متفاوت هستند. برای توالی یابی دو نکته مهم است، چطور تکثیر کنیم و به چه طریق توالی یابی کنیم. در سیستم Roch 454 پس از fragment کردن DNA با تیمارهای شیمیایی یا صوتی، باندهای ۱۲۰۰ جفت باز (bp) می‌گرفتند و دو تا آداپتور متصل می‌کردند در حالی که در سیستم Roch از صفحه یا گویچه‌ها پر از الیگونوکلئوتید مکمل با آداپتور استفاده می‌شد.

در سیستم Roch از یک ماده روغنی استفاده می‌کنند که در ترکیب با آب تشکیل حباب‌های را می‌دهد که حاوی تمامی مواد لازم برای تکثیر قطعات DNA است. هر گویچه وارد یک حباب شده و سپس وارد یک چاهک می‌شود و هر بار که می‌خواهیم باز را بخوانیم می‌بایست چهار باز را وارد کنیم. خطاهای هموپلیمری به دلیل نوع توالی یابی که نمی‌تواند پلیمرهای بیش از شش عددی را از یکدیگر تفکیک کند یکی از مشکلات این سیستم در کنار گران بودن و هزینه‌های مترتب آن بوده است.

در سال ۲۰۱۶ خدمات Roch محدود گردید و تکنولوژی دیگری که از سال ۲۰۰۶ فعالیت می‌کرد تحت عنوان Illumina توسعه یافت. در این سیستم هشت لاین وجود دارد که تایل بندی شده و در داخل هریک تا ۱۰۰ میلیون قطعه را می‌توان قرار داد. با تغییر دما، چون دو سر قطعه آداپتور متصل می‌شود با بالا رفتن دما دو قطعه از یکدیگر باز شده و بعد از ۲۰ سیکل تکثیر از هر قطعه، تعداد زیادی قطعه تولید می‌شود. یکی از مشکلات وارد بر این سیستم، مدت زمان زیاد برای تهیه کتابخانه توالی‌یابی بوده است. چون برخی قطعات ممکن است حالت استیکی (Sticky) پیدا کنند می‌بایست همه آن‌ها را با آنزیم بلانت (Blunt) هضم نمود.

در یکی از دستگاه‌های توسعه یافته از این سیستم مانند Hiseq 2000 قطعات ۷۰ تا ۱۰۰ جفت باز ایجاد می‌شود. در سال ۲۰۱۷ ایلومینا Novaseq را و در سال ۲۰۱۸ نیز Iseq100 را به بازار معرفی کرد که به صورت یک دستگاه Benchtop و بدون استفاده از چهار رنگ بود و تنها با استفاده از یک رنگ و با دو تصویر و دو فرآیند شیمیایی اطلاعات از آن قابل استخراج می‌باشد.

به‌عنوان مثال اگر باز G باشد در دو تصویر نور نمی‌دهد، اگر T باشد در هر دو تصویر نور می‌دهد اگر C باشد فقط در تصویر دوم نور می‌دهد و اگر A باشد فقط در تصویر اول نور می‌دهد. یک کلاستر شامل ۱۰ هزار نوکلئوتید است و همیشه انتهای '۳ کیفیت بازها کم می باشد.

در کنار این روش‌ها، سیستم توالی‌یابی دیگری تحت عنوان Ion Torrent معرفی‌شده بود که توالی‌یابی براساس میزان pH و تغییر شیمیایی انجام می‌گرفت اما باز خطای هموپلیمری داشت.

بعد از نسل دوم، نسل سوم NGS معرفی گردید که اصولاً فاقد PCR بوده و دارای قابلیت مانیتورینگ آنلاین داشته که یکی از آن‌ها PacBio است که دارای آداپتورهای حلقوی می‌باشند و لیبل آن را در دو فسفات آزاد شده گاما و بتا قرار داده‌اند و چاهک‌ها طوری تعبیه شده‌اند که با خارج شدن هر باز می‌توان آن‌ها را خوانش کنند.

یکی از مشکلات این سیستم خطای بالای آن است و ۱۵ درصد توالی‌ها در این سیستم خطا دارند یعنی از هر ۱۰۰ باز ۱۵ عدد آن می‌تواند خطا داشته باشد.

تکنولوژی بعدی Nanopore بوده که در سال ۲۰۱۴ معرفی و در این تکنولوژی DNA دو رشته‌ای، تک‌رشته‌ای شده و براساس شارش بار الکتریکی خوانش می‌شود و همچنین براساس حجم فضایی شناسایی می‌گردد. خطای این سیستم نیز بالا بوده و اولین پلت فرم این کمپانی تحت عنوان Minion و جدیدترین آن تحت عنوان SmidgION می‌باشد.

ادامه دارد ...

اندوفیت‌ها (قسمت چهارم: تعادل آنتاگونیسمی و نتیجه‌گیری)

Endophytes (Part 4: Balanced antagonism and Conclusions)

آیدین حسن‌زاده

Hasanzadeh.i@arc-ordc.ir

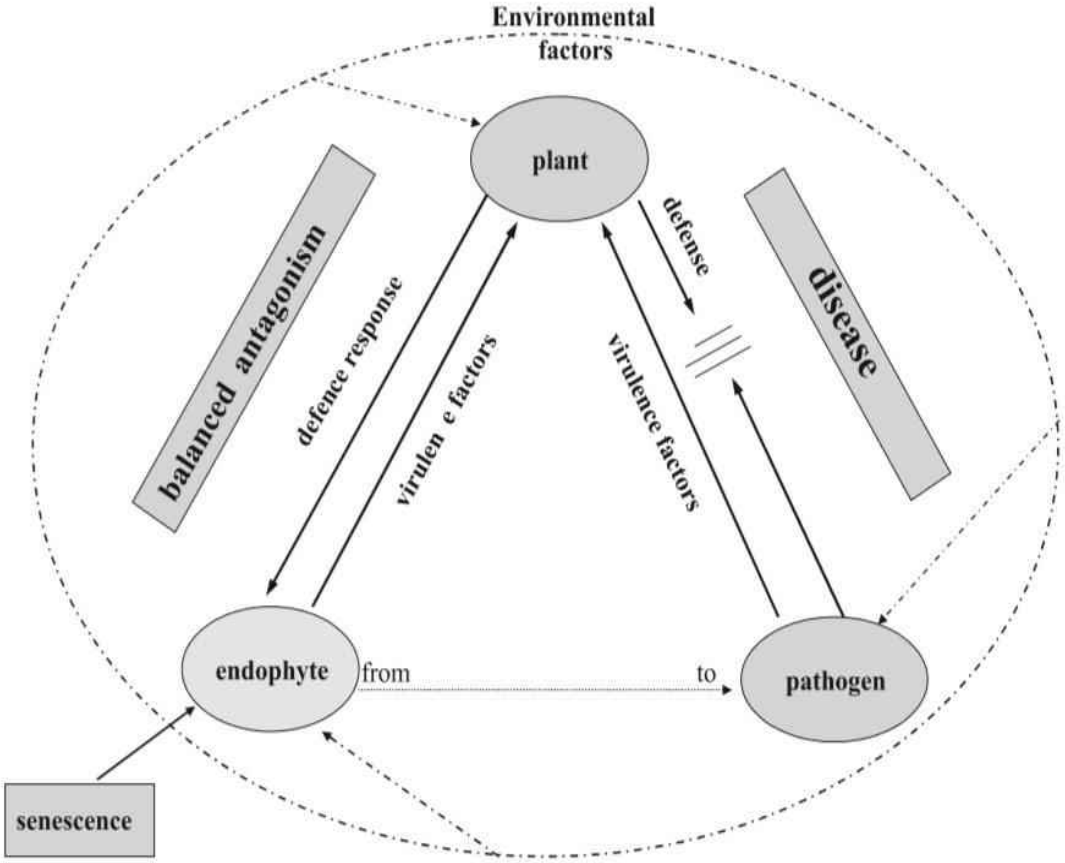
کارشناس ارشد بیماری‌شناسی گیاهی، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

تعادل آنتاگونیسمی

براساس مطالعات هس (۱۹۹۷)، تنها تعداد کمی از قارچ‌ها قادرند در هر گیاهی بیماری ایجاد نمایند، چرا که این قارچ‌ها ابتدا باید بتوانند از موانع متعددی عبور کرده و بر سدهای دفاعی گیاه غلبه نمایند (Heath, 1997). در مورد باکتری‌ها نیز به همین ترتیب است. بنابراین یک پرسش مطرح می‌شود که نشان‌دهنده ضرورت بسیاری از تحقیقات در زمینه اندوفیت‌ها می‌باشد، "چگونه یک اندوفیت حضور و رشد خود را در میزبانش مدیریت می‌کند تا علائم قابل‌مشاهده بیماری روی میزبان ایجاد نشود؟"

براساس نتایج به‌دست آمده از مطالعات صورت گرفته در زمینه تعاملات اندوفیتی، در پاسخ به این پرسش، فرضیه‌ای ارائه شده است (Schulz *et al*., 1999; Schulz and Boyle, 2005). این فرضیه بیانگر وجود یک تعادل آنتاگونیسمی در یک کلنیزاسیون فاقد علائم بین عامل اندوفیت و میزبان گیاهی است (شکل ۱). اندوفیت‌ها و بیمارگرها، هر دو دارای تعداد زیادی از فاکتورهای پرآزاری (Virulence factors) مشابه هستند. از تمام اندوفیت‌های مورد مطالعه، آنزیم‌های خارج سلولی مورد نیاز برای آلوده‌سازی میزبان جداسازی شده است، اگر چه فقط برخی از آن‌ها احتمالاً بیمارگرهای نهفته هستند (Sieber *et al*., 1991; Petrini *et al*., 1993; Ahlich-Schlegel, 1997; Boyle *et al*., 2001; Lumyong *et al*., 2002). اکثر این اندوفیت‌ها می‌توانند متابولیت‌های سمی برای گیاهان تولید کنند (Schulz *et al*., 2002; Schulz and Boyle, 2005). در مقابل، میزبان گیاهی می‌تواند با به‌کارگیری عکس‌العمل‌های دفاعی (مورد استفاده در برابر عوامل بیماری‌زا) از جمله متابولیت‌های دفاعی القایی (Yates *et al*., 1997; Schulz *et al*., 1999; Mucciarelli *et al*., 2003) و پاسخ‌های دفاعی عمومی (Narisawa *et al*., 2004; Schulz and Boyle, 2005)، واکنش نشان دهد. تا زمانی که پرآزاری قارچ و پاسخ دفاعی گیاه متعادل باشد، تعامل حاصل، بدون بروز علائم بیماری در میزبان باقی خواهد ماند. در تمامی تعاملات، این تعادل لحظه‌ای و شکننده (Fragile balance) می‌باشد (Schulz and Boyle, 2006).

اگر تعامل میزبان و بیمارگر نامتوازن شود، در این صورت یا بیماری ایجاد می‌گردد و یا قارچ بیمارگر، کشته خواهد شد. در برخی موارد، پرآزاری بیمارگرهای ضعیفی مانند *Pezicula* spp.، برای توسعه بیماری در گیاه تحت تنش و یا میزبان پیر،کافی می‌باشد (Kehr, 1992).



شکل ۱- تعادل آنتاگونیسمی بین پرآزاری اندوفیتی و نتایج پاسخ دفاعی گیاه در کلنیزاسیون بدون علائم بیماری

بدون توجه به متعادل و یا نامتعادل بودن تعامل، پرآزاری قارچ و پاسخ دفاعی میزبان متغیر بوده و تحت تأثیر شرایط محیطی، وضعیت تغذیه و مراحل رشدی طرفین این تعامل قرار دارد. تعاملات آنتاگونیستی متعادل، بسته به وضعیت لحظه‌ای میزبان و اندوفیت، عوامل محیطی زنده و غیرزنده و میزان تحمل هر یک از طرفین این تعامل نسبت به تنش‌های محیطی، متغیر خواهند بود. الگوی زندگی بسیاری از اندوفیت‌ها شامل آلوده‌سازی به‌عنوان یک بیمارگر، کلنیزاسیون نهفته و درنهایت هاگ‌زایی به‌عنوان یک بیمارگر و یا ساپروفیت است. این الگوی زندگی نشان می‌دهد که اندوفیت‌ها دارای توانایی تغییرپذیری بوده و درنتیجه تعامل ممکن است به همیاری تخصصی و یا رابطه انگلی تخصصی تکامل یابد. بر این اساس، قارچ‌های میکوریز ممکن است از فعالیت‌های اندوفیتی قارچ‌های ساپروفیت با ریشه گیاهان، تکامل یافته باشند (Brundrett, 2004; Schulz and Boyle, 2006).

نتیجه‌گیری

اصطلاح اندوفیت در معنای تحت اللفظی به‌طور گسترده برای طیفی از میزبان‌ها و ساکنانشان استفاده می‌شود. مهم‌ترین کاربرد این اصطلاح برای میکروارگانیسم‌هایی با عفونت داخلی که بافت آلوده به‌طور موقت فاقد علائم است و برای باکتری‌های پروکاریوت و قارچ‌های یوکاریوت استفاده می‌شود. اندوفیت‌ها شامل مجموعه‌ای از میکروارگانیسم‌ها با الگوهای زندگی متفاوتند که در طول مراحل رشدی به‌صورت ساپروفیت روی بافت‌های پیر و یا

مرده، بیمارگرهای نهفته و یا بیمارگرهای پرآزار در مراحل اولیه آلودگی ظاهر می‌شوند. این تعاملات انگلی ممکن است از همیاری به همسفرگی و از همسفرگی به بیمارگری نهفته تغییر کنند. این تعاملات اغلب بسته به ماهیت ژنتیکی دو طرف تعامل، مرحله رشدی و وضعیت تغذیه آن‌ها و عوامل محیطی متفاوت هستند. بر پایه نتایج به‌دست آمده از مطالعات اندوفیتی، کلنیزاسیون میکروبی میزبان بدون ایجاد علائم بیماری نتیجه ایجاد تعادل آنتاگونیسمی بین میزبان و اندوفیت است (شکل ۱). این تعادل، لحظه‌ای و اغلب شکننده بوده و به شرایط عمومی دو شریک تعامل، پرآزاری قارچ، پاسخ دفاعی میزبان، عوامل محیطی، وضعیت تغذیه و مرحله رشدی میزبان و اندوفیت بستگی دارد (Schulz and Boyle, 2005; Schulz and Boyle, 2006).

منابع

Ahlich Schlegel, K. (1997). Vorkommen und Charakterisierung von dunklen, septierten Hyphomyceten (DSH) in Gehölzwurzeln (Doctoral dissertation, ETH Zurich).

Boyle, C., Götz, M., Dammann-Tugend, U., & Schulz, B. (2001). Endophyte-host interactions. III. Local vs. systemic colonization. Symbiosis, 31(4), 259-281.

Brundrett, M. (2004). Diversity and classification of mycorrhizal associations. Biological Reviews, 79(3), 473-495.

Heath, M. C. (1997). Evolution of plant resistance and susceptibility to fungal parasites. In Plant Relationships Part B (pp. 257-276). Springer, Berlin, Heidelberg.

Kehr, R. D. (1992). *Pezicula* canker of *Quercus rubra* L., caused by *Pezicula cinnamomea* (DC.) Sacc. Forest Pathology, 22(1), 29-40.

Lumyong, S., Lumyong, P., McKenzie, E. H., & Hyde, K. D. (2002). Enzymatic activity of endophytic fungi of six native seedling species from Doi Suthep-Pui National Park, Thailand. Canadian journal of microbiology, 48(12), 1109-1112.

Mucciarelli, M., Scannerini, S., Bertea, C., & Maffei, M. (2003). In vitro and in vivo peppermint (*Mentha piperita*) growth promotion by nonmycorrhizal fungal colonization. New Phytologist, 158(3), 579-591.

Narisawa, K., Usuki, F., & Hashiba, T. (2004). Control of Verticillium yellows in Chinese cabbage by the dark septate endophytic fungus LtVB3. Phytopathology, 94(5), 412-418.

Petrini, O., Sieber, T. N., Toti, L., & Viret, O. (1993). Ecology, metabolite production, and substrate utilization in endophytic fungi. Natural toxins, 1(3), 185-196.

Schulz, B., Römmert, A. K., Dammann, U., Aust, H. J., & Strack, D. (1999). The endophyte-host interaction: a balanced antagonism? Mycological Research, 103(10), 1275-1283.

Schulz, B., Boyle, C., Draeger, S., Römmert, A. K., & Krohn, K. (2002). Endophytic fungi: a source of novel biologically active secondary metabolites. Mycological Research, 106(9), 996-1004.

Schulz, B., & Boyle, C. (2005). The endophytic continuum. Mycological Research, 109(6), 661-686.

Schulz, B., & Boyle, C. (2006). What are Endophytes? Soil biology, Volume 9, pp. 1-13.

Sieber, T. N., Sieber-Canavesi, F., Petrini, O., Ekramoddoullah, A. K. M., & Dorworth, C. E. (1991). Characterization of Canadian and European *Melanconium* from some *Alnus* species by morphological, cultural, and biochemical studies. Canadian journal of botany, 69(10), 2170-2176.

Yates, I. E., Bacon, C. W., & Hinton, D. M. (1997). Effects of endophytic infection by *Fusarium moniliforme* on corn growth and cellular morphology. Plant disease, 81(7), 723-728.

نرعقیمی در گیاهان گل‌دار: آیا تنظیم کننده‌های رشد گیاهی در این امر نقش دارند؟

Male Sterility in Flowering Plants: Are Plant Growth Substances Involved?

مهتاب صمدی
Samadi.m@arc-ordc.ir
کارشناس ارشد بیوتکنولوژی گیاهی، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

نرعقیمی در محصولات زراعی به دلیل ارزش زیاد آن در برنامه‌های اصلاحی و تولید هیبرید مهم است. سیستم‌های نرعقیمی (Male Sterile) ابزار قدرتمندی برای تحقیقات گسترده در زمینه مکانیسم‌های مؤثر در ایجاد پرچم و تولید دانه گرده هستند. با وجود اهمیت فراوان این موضوع هنوز عوامل مؤثر در عقیمی دانه گرده گیاهان به‌طور کامل بررسی نشده است. اگرچه تعریف نرعقیمی به‌طور کلی به شرایطی که گرده زنده تولید نمی‌شود اطلاق می‌گردد، اما می‌تواند در محدوده‌ای از غیاب کامل پرچم تا ناتوانی در شکوفایی بساک و آزادسازی گرده طبیعی زنده بیان شود. همچنین تبدیل پرچم به اندام‌های مختلف گل نیز نشان دهنده شرایط نرعقیمی است. الگوهای وراثت نرعقیمی متغیر هستند و شامل نرعقیمی ژنتیکی (GMS) به وسیله ژن‌های هسته‌ای، نرعقیمی سیتوپلاسمی (CMS) توسط سیتوپلاسم عقیم (s) و نرعقیمی سیتوپلاسمی-ژنتیکی (GCMS) توسط ترکیب ژن‌های نرعقیم هسته‌ای (*fr*) و سیتوپلاسم عقیم (s) کنترل می‌شود. مشخص شده است در برخی از سیستم‌های نرعقیمی تقریباً تمام تنظیم کننده‌های رشد گیاهی (PGSs) (درونی) و بعضی از تنظیم کننده‌های رشد مصنوعی (PGSs) (بیرونی) بر ایجاد دانه گرده طبیعی و یا تغییر میزان بیان نرعقیمی اثر دارند. همچنین بیان نهایی نرعقیمی در بسیاری از موارد می‌تواند توسط عوامل محیطی مانند نور، دما تنظیم شود. در حقیقت در برخی موارد اثر محیط روی بیان نرعقیمی با تغییرات در میزان PGSs درونی مرتبط است.

در زمینه وجود ارتباط ایجاد اندام‌های زایشی نر و ماده و نرعقیمی با تغییرات PGSs تلاش‌هایی انجام‌شده است. تحقیقات نشان می‌دهد که تغییر یک یا چندین PGS با رشد طبیعی و یا غیرطبیعی گرده همراه است. یکی از موارد مفید برای بررسی نقش PGSs، در ایجاد پرچم و عقیمی کشت درون شیشه‌ای غنچه‌های گل نرمال و عقیم است. گزارش شده است که در ایجاد گل‌های نر تعادل اساسی از چندینPGSs ضروری است.

بررسی روی تعدادی از سیستم‌های نرعقیم و نرمال نشان می‌دهد که رشد و باززایی غنچه‌های گل به حضور سیتوکینین (CKs –Cytokinins) در محیط کشت نیاز دارد. سیتوکینین‌ها به‌طور کلی با رشد و ایجاد اندام‌های ماده در تعدادی از گونه‌های گیاهی مرتبط هستند. همچنین گزارش شده است انواع مختلف سیتوکنین اثرات قوی و ضعیفی روی نرعقیمی در لاین‌های مختلف گیاهی دارد. برای مثال در سیستم نرعقیمی سیتوپلاسمی جو، ایجاد نرعقیمی به سطح پایین سیتوکینین در مقایسه با لاین‌های بارور مرتبط بود. در مقابل در لاین نرعقیمی سیتوپلاسمی برنج با کمبود GAs نشان داده شده که غلظت GA1 و GA4 در لاین نرعقیم تقریباً یک ششم لاین بارور بود.

نیاز به سایر PGSsها برای رشد غنچه‌های گل، بخصوص پرچم‌ها، از ضروری تا غیرضروری متفاوت است، و در برخی موارد PGS ها مهار کننده هستند. برای مثال اثرات اکسین‌ها (Auxins) شدیداً با کاهش ایجاد اندام‌های نر و رشد و ایجاد اندام‌های ماده در نهاندانگان، بازدانگان و گونه‌های دوجنسی مرتبط است. اکسین، تشکیل گل‌های ماده را در گیاهان نر افزایش می‌دهد. در گوجه‌فرنگی 2-4-D نرعقیمی را القا می‌کند. در گیاهان نرعقیم اکسین بیشتر، از ایجاد گرده و پرچم جلوگیری می‌کند. در موتانت *sl-1* گوجه‌فرنگی IAA به‌طور کامل از میکروسپورژنز جلوگیری کرده و تشکیل اندام‌های شبیه مادگی را در محل پرچم‌ها تحریک می‌کند. همچنین به نظر می‌رسد جیبرلین‌ها (GAs-Gibberelli) به‌طور معمول در ایجاد پرچم‌ها نقش دارند. افزایش تعداد گل نر در خیار به وسیله *GAs* گزارش شده است. همچنین بیان شده است استفاده از جیبرلین‌های بیرونی ایجاد پرچم‌های نرمال تا تقریباً نرمال و تشکیل گرده زنده را در تعدادی از سیستم‌های نرعقیم افزایش می‌دهد. در موتانت‌های نرعقیم جو و گوجه فرنگی جیبرلین‌ها باعث ایجاد پرچم تقریباً نرمال و بازگرداندن باروری شدند. در موتانت‌های گوجه‌فرنگی با کمبود جیبرلین ایجاد پرچم و دانه گرده با مشکل مواجه می‌شود ولی با استفاده از جیبرلین‌های بیرونی ایجاد پرچم و گرده نرمال برگردانده می‌شود. با این حال استفاده از GAs بیرونی در برخی سیستم‌های نرعقیم ناکارآمد بوده و اثر معکوس مثل ایجاد نرعقیمی در برخی گیاهان نرمال نیز گزارش شده است. برای مثال جیبرلین‌ها نمی‌توانند باروری را در غنچه‌های کشت شده موتانت *sl-2* گوجه فرنگی، سیستم CMS توتون و براسیکا برگردانند. بنابراین پیشنهاد شد که فاکتورهای دیگر علاوه بر GA برای ایجاد گرده در گل‌های عقیم مورد نیاز است.

برخی عوامل محیطی در ایجاد گرده نرمال و عقیم اثر می‌گذارند. به ویژه درجه حرارت، فتوپریود و تنش آبی سبب القا عقیمی یا بازگرداندن باروری در سیستم‌های نرعقیم می‌شوند. در واقع، درجه حرارت، فتوپریود و خشک‌سالی باعث ایجاد نرعقیمی در گونه‌های مختلف می‌شوند. دماهای مختلف، تشکیل گرده زنده طبیعی را در برخی از سیستم‌های نرعقیم افزایش می‌دهند. در موتانت نرعقیم *sl-2* گوجه‌فرنگی در دماهای پایین باروری بازگردانده می شود، اما در دمای بالا میکروسپورژنز کاملاً مهارشده و تشکیل اندام‌های شبیه مادگی تحریک می‌شود. گزارش شده است تنش آبی القا کننده نرعقیمی ممکن است به‌طور غیرمستقیم با تغییر در سیتوکینین‌های درونی و تولید اتیلن کنترل شود.

به‌طور کلی به نظر می‌رسد تقریباً تمام PGSs به‌طور مستقیم و غیرمستقیم در ایجاد پرچم نقش دارند و نرعقیمی نمی‌تواند به کمبود و تولید بیش از حد یک ماده در سیستم‌های مختلف مرتبط باشد. به نظر می‌رسد PGSهای مختلف تحت تأثیر قرار می‌گیرند و تغییر سطوح یک یا چندین PGSs می‌تواند سبب نرعقیمی شود. اگرچه استثناء هم وجود دارد، ولی به‌طور کلی نرعقیمی می‌تواند از یک یا چند راه زیر ایجاد شود: ۱. افزایش سطح اکسین درونی ۲. تولید بیش از حد اتیلن ۳. کاهش سطوح جیبرلین‌ها ۴. افزایش سطح اسید آبسیزیک ۵. کاهش سطوح سیتوکینین.

منبع

Vipen, K. Sawhney, V. K. & Shukla, A. (2013). Male sterility in flowering plants: are plant growth substances involved? American Journal of Botany, 81 (12), 1640-1647.

رضاپور مهدی علمدارلو
Alamdarlou.r@arc-ordc.ir
کارشناس ارشد بیماری شناسی گیاهی، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر،
شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

مدیریت علف‌های هرز بادام‌زمینی

Peanut weeds management

علف‌کش‌های مورد استفاده و میزان مصرف در هکتار / علف‌های هرز بادام‌زمینی		قبل از کاشت (مخلوط با خاک)		قبل از سبزشدن		بعد از سبز شدن								مدیریت تلفیقی علف‌های هرز
		ترفلان (تریفلورالین) ۲-۲/۵ لیتر	سونالان (اتال‌فلورالین) ۳-۳/۵ لیتر	*استامپ (پندیمتالین) ۳ لیتر	**پرسوئیت (ایمازتاپیر) ۱ لیتر	بازاگران (بنتازون) ۳-۲ لیتر	اکسی فلورفن (گل) ۱/۵ لیتر	گالانت (هالوکسی فوپ اتوکسی اتیل) ۲-۲/۵ لیتر	گالانت سوپر (هالوکسی فوپ- آر-متیل استر) ۱-۰/۷۵ لیتر	فوکوس (سیکلوکسیدیم) ۲ لیتر	سلکت سوپر (کلتودیم) ۱-۰/۸ لیتر	نابواس (ستوکسیدیم) ۳-۲ لیتر	
پهن برگ	گاوپنبه *Abutilon theophrasti*												- استفاده از بذر سالم و گواهی شده و فاقد بذر علف‌های هرز - تاریخ کشت به موقع - عمق کاشت مناسب - تراکم کشت مطلوب - تناوب زراعی و کنترل علف‌های هرز در زراعت تناوبی - هیرم کاری (آبیاری زمین قبل از کشت و کنترل علف‌های سبز شده) - استفاده از کولتیواتور در کشت‌های ردیفی - استفاده به موقع از علف‌کش‌ها (بهتر است بعد از سبز شدن در مرحله ۶-۲ برگی علف‌های هرز استفاده شود).
	تاج خروس وحشی *Amaranthus retroflexus*													
	سلمک *Chenopodium album*													
	تاجریزی *Solanum nigrum*													
	عروسک پشت پرده *Physalis angulata*													
	طوق *Xanthium strumarium*													
	خربزه وحشی *Cucumis melo var. agrestis*													
	تاتوره *Datura stramonium*													
	پیچک صحرایی *Convolvulus arvensis*													

علف‌کش‌های مورد استفاده و میزان مصرف در هکتار / علف‌های هرز بادام زمینی		قبل ازکاشت (مخلوط با خاک)		قبل از سبزشدن		بعد از سبز شدن								
جگن	اویارسلام *Cyperus* spp.													
باریک برگ	قیاق *Sorghum halepense*													
	سوروف *Echinochloacrus_galli*													
	چسبک *Setaria viridis*													
	مرغ *Cynodon dactylon*													

- جهت جلوگیری از ایجاد مقاومت به علف‌کشها، بهتر است در دفعات مختلف نوع سم مصرفی را تغییر داد.

*- جهت تأثیر بهتر استامپ، تامین رطوبت کافی در سطح خاک تا مدتی بعد از زمان سمپاشی با این علف کش ضروری است.

**- پرسوئیت به تنهایی یا مخلوط با سایر علف کشها بعد از سبز شدن گیاه هم، استفاده می‌شود. بیش تر از یک بار در سال نباید استفاده شود.

موثر نسبتا موثر بی‌اثر نامشخص

مقدمه‌ای بر کنجد (قسمت دوم)

An introduction on sesame (part Two)

کامبیز فروزان
Kforoozan@ordc.ir
قائم مقام اجرایی مدیر عامل در حوزه تولید - کارشناس ارشد زراعت، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

جنس *Sesamum* به خانواده Pedaliaceae تعلق دارد که مشتمل بر۱۶ جنس و ۶۰ گونه می‌باشد. تعداد گونه‌های کنجد مشخص نیست اگر چه حدود ۴۰ گونه تا کنون معرفی‌شده‌اند و ۳۶ گونه در فهرست Kewensis ارائه گردیده است. بسیاری از این گونه‌ها متعلق به آفریقا بوده (۱۸ گونه) و هشت گونه به هندوستان و سیلان تعلق دارند بیشتر گونه‌های وحشی در آفریقا گسترش یافته‌اند.

Sesamum indicum همانند *S. capense Burn* و *S. schenki* دارای عدد کروموزومی 2n=26 می‌باشند این در حالی است که برای *S. laciniatumthis* تعداد کروموزوم‌ها 2n=28 می‌باشد.

در *S. angolens* و *S. prostratum* این عدد کروموزومی 2n=32 می‌باشد و در *S. occidenale* و *S. radiatum* عدد کروموزومی 2n=64 است. در *Ceratotheca sesamoides* که به جنس *Sesamum* وابسته است تعداد کروموزوم‌ها 2n=32 می‌باشد. در بین گونه‌های کنجد تنها *Sesamum indicum* قابلیت کشت به صورت زراعی را دارد هرچند بعضی از گونه‌های دیگر این جنس مانند *S. angustifolium*، *S. calycinum*، *S .malabaricum* و *S. radiatum* می‌توانند کشت شوند و به‌عنوان مواد غذایی در طی بحران‌های غذایی مورد استفاده قرار گیرند.

کولتیوارها و طبقه‌بندی

بر پایه منابع، *Sesamum indicum* دارای تعدادی کولتیوارهای بومی است. اگرچه اعلام می‌شود که جنس *Sesamum* دارای یک گونه قابل کشت به نام *S. indicum* می‌باشد، اما طیفی از توده‌های *Sesamum* spp. در بانک‌های بذر ارزشمند ایالات‌متحده آمریکا، هندوستان، روسیه، چین، کنیا و کره‌جنوبی یافت می‌شود. مجموعه‌هایی، از آمریکای جنوبی بدست آمده که شبیه توده‌های موجود در هندوستان، اتیوپی و اریتره بوده و بسیار مشابه گونه‌هایی است که در شرق آفریقا وجود دارد که معمولاً دارای شاخه بندی مناسب بوده و به صورت تک گل می‌باشد. کولتیوارهای محلی هندی را می‌توان به گروه‌های زودرس، با شاخه بندی اندک، رشد محدود و انواع دیررس، پر شاخه و چند گل تقسیم نمود. طی تمایز، جوانه‌های گل، کاسبرگ‌ها ابتدا بلند شده و به دنبال آن گلبرگ‌ها و پرچم‌ها رشد می‌کنند. بعد از آن برچه‌هاتشکیل شده و باعث ایجاد گل‌ها در محور برگ‌ها در ساقه و شاخه‌های فوقانی می‌شود.

اگر چه کنجد در شرایط روزبلند به خوبی رشد می‌کند ولی به‌طور معمول گیاهی روزکوتاه محسوب می‌شود. این گیاه بعد از ۴۵ روز در روزهایی با کمتر از ۱۰ ساعت روشنایی گل می‌دهد. انتخاب‌های طولانی مدت در مناطقی با طول روز و شدت نور متفاوت منجر به تولید ژنوتیپ‌هایی گردیده است که نیازهای فتوپریودی متفاوتی دارند. بعضی از کولتیوارها روزخنثی هستند مانند کولتیوار Venezuela 51.

بسته به نوع کولتیوار، این گیاه طی ۷۵ تا ۱۵۰ روز بعد از کشت قابل برداشت است. دانه کنجد دارای ۵۰-۶۰٪ روغن و ۱۹ تا ۲۵٪ پروتئین با آنتی‌اکسیدان‌هایی نظیر سزامولین و سزامین می‌باشد که از ترشیدگی روغن جلوگیری کرده و باعث طول عمر بالای روغن می‌گردد. لیگنین دارای اثرات فیزیولوژیک مفید در انسان و حیوان می‌باشد. اولئیک و لینولئیک اصلی‌ترین اسیدهای چرب غیراشباع می‌باشند که هر کدام سهمی حدود ۴۰٪ در این عرصه دارند و حدود ۱۴٪ از اسیدهای چرب اشباع این دانه را تشکیل می‌دهند.

دانه‌های کنجد از نظر آهن، منیزیوم، مس، منگنز و کلسیم بسیار غنی است و حاوی ویتامین B1 (تیامین) و ویتامین E (توکوفرول) می‌باشد در بین شش روغن گیاهی، روغن کنجد دارای حداکثر میزان آنتی‌اکسیدان است. دانه کنجد همچنین دارای فیتواسترول‌ها است که سبب کاهش میزان کلسترول خون می‌شود. مواد مغذی دانه کنجد اگر قبل از مصرف آسیاب و یا خرد شود بهتر جذب می‌شود.

ادامه دارد

منابع

Bedigian, D. (2004) History and lore of sesame in south west Asia.Economy Botany. 58 (3): 329-353

Langham, D.R (2008) phenology of sesame In: Janick, Jand Whipley, A.eds: Issues in new crops and new Uses, ASHS Press Alexandria, va. 144-182

جوامع نقشه‌یابی (قسمت ششم)

Mapping Populations (part six)

مصطفی حق‌پناه

Haghpanah.m@arc-ordc.ir

کارشناس ارشد اصلاح نباتات، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

جمعیت F_2 جاودان (Immortalized F_2 Population)

برای اولین بار اصطلاح "جمعیت F_2 جاودان" توسط Gardiner و همکاران در سال ۱۹۹۳ برای تهیه جامعه نقشه‌یابی گیاه ذرت مطرح شد، روش ساخت جمعیت F_2 جاویدان به‌قرار زیر است: نتاج F_3 حاصل از F_2 در دو گروه درون آمیزی (intermate) می‌گردند و حداقل از ۲۰ بوته به روش بالک، بذر برداشت می‌شود. برای هریک از بوته‌های F_2 این روش انجام می‌شود و جامعه حاصله با عنوان جمعیت F_2 جاودان (IF2) شناخته می‌شود (شکل ۱). در سال ۲۰۰۳ Hua و همکاران با تلاقی بین مجموعه‌ای از RIL ها جمعیت IF_2 را توسعه دادند و از آن، جهت تشخیص مکان‌ژنتیکی صفات هتروزیس در برنج بهره بردند. جمعیت RIL توسعه یافته حاصل تلاقی بین دو والد مناسب، به دو گروه با تعداد مساوی و تصادفی از RIL ها تقسیم شد.

از RIL گروه اول برای تلاقی با یکی از RIL های گروه دوم که به‌صورت تصادفی انتخاب شده بود استفاده گردید. از هر RIL فقط یک‌بار در تلاقی استفاده شد. تعداد تلاقی ممکنه از یک جمعیت RIL در این برنامه تلاقی برابر با n/2 بود.

در بررسی Hua و همکاران (۲۰۰۳) سه دوره تلاقی بین ۲۴۰ RIL نسل F9 انجام گردید که از ۳۶۰ تک تلاقی (single cross) با هم برای ساخت جمعیت IF_2 استفاده شد. توسعه جمعیت IF_2 با استفاده از انتخاب تصادفی والدین و انجام تمام ترکیبات تلاقی ممکنه (به‌استثنای تلاقی‌های دوطرفه) از جمعیت RIL های حاصل از یک تلاقی امکان‌پذیر است. در این روش تک تلاقی‌ها و والدین RIL آن‌ها با هم جمعیت F2 جاویدان را تشکیل می‌دهند. با این حال این روش برای جوامع کوچک مناسب است اما وقتی‌که تعداد افراد جامعه زیاد باشد مدیریت تلاقی‌ها امکان‌پذیر نبوده و استفاده از آن کاربردی نیست.

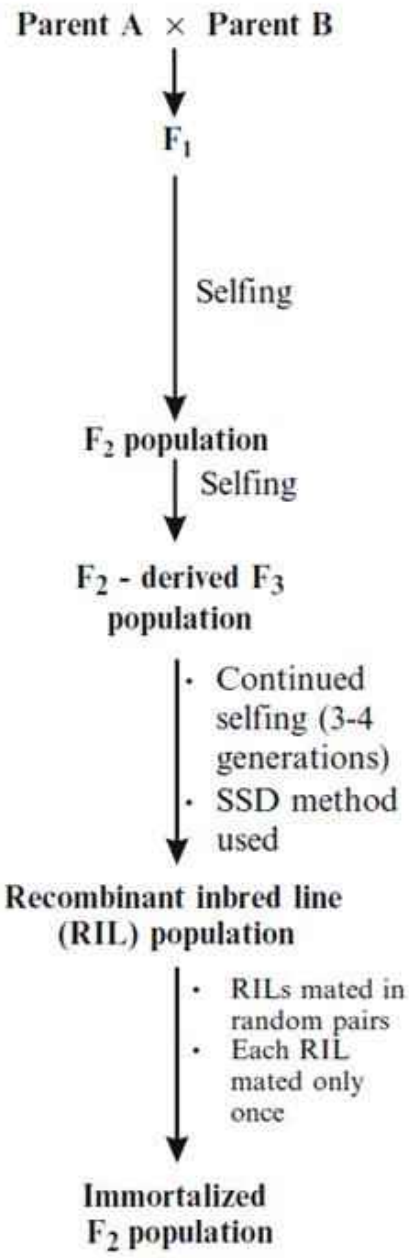
یک جمعیت IF_2 شامل تمامی ژنوتیپ‌های مورد انتظار از جمله هتروزیگوت‌ها است که در جمعیت F_2 حاصل تلاقی بین RIL ها بدست می‌آیند. برای روشن‌تر شدن این موضوع یک لوکوس با دو الل A و a تصور کنید. نرخ فراوانی هر یک از الل‌ها و ژنوتیپ‌های AA و aa در یک جمعیت RIL برابر با ۰/۵ خواهد بود (۰/۵= q = p). یک تلاقی تصادفی بین چنین RIL هایی سه ژنوتیپ در نسل F_1 با فراوانی P_2 (۰/۲۵) برای AA، q2 (۰/۲۵) برای aa و 2pq (۰/۵) Aa در بر خواهد داشت. این فراوانی‌ها مشابه با فراوانی‌های مورد انتظار در نسل F_2 می‌باشد.

از نشانگرهای ژنوتیپی RIL ها که برای ساخت یک جمعیت IF_2 به‌کار می‌رود می‌توان جهت استنباط نتاج گوناگون F_1 حاصل از جمعیت IF_2 استفاده نمود. بنابراین، تنها RIL هایی که به‌عنوان والد انتخاب می‌شوند نیاز به مطالعه ژنوتیپی با نشانگرهای متفاوت و

متنوع دارند و نیازی نیست که جمعیت IF_2 از لحاظ ژنوتیپی بررسی شود.

جمعیت IF_2 به خودی خود دائمی نبوده و مانند نسل F_2 تفرق می‌یابد. اما جمعیت IF_2 را می‌توان از والدین RIL که ثابت (تفرق ندارند) می‌باشند باز سازی کرد. این قابلیت سبب گردیده که به جمعیت IF_2 اصطلاحا جمعیت جاودان نامیده شود. از آنجائیکه برای تولید IF_2 تنها به F_1 حاصل از تلاقی RIL ها نیاز است، می‌توان بذر تازه (با قوه‌نامیه مطلوب) به هر مقدار تولید کرد.

همچنین از جمعیت IF_2 می‌شود در مطالعات تکرار دار در تشخیص و نقشه‌یابی QTL های مرتبط با نسل F_2 نظیر QTL های هتروزیس، برآورد اثرات مختلف اپیستازی استفاده کرد. نکته مهم در بررسی هتروزیس در جمعیت IF_2، استفاده از گیاهان هیبرید حاصل از تلاقی است در حالی که در جمعیت $F_{2:3}$ هیبریدها حاصل از خویش‌آمیزی می‌باشند. مهم‌ترین محدودیت جمعیت IF_2 نیاز داشتن به تعداد زیاد تلاقی است و این در برخی گیاهان خودگشن مانند سویا که انجام تلاقی آن بسیار مشکل می‌باشد و با محدودیت مواجه است.



شکل ۱. نحوه ساخت جامعه IF_2

منبع:

Singh, B. D. & Singh, A. K. (2015). Marker-assisted plant breeding: principles and practices. New Delhi, India: Springer.

.

Monthly Bulletin of Oilseeds Research

No. 79 **June2018**

Preface ……..……..…… 1
Kambiz Foroozan

Some statistical methods of Multi Environment Trial (Review) …….…… 2
Sajad Talaee

A short report from the NGS training course ……..... 15
Ali Zaman Mirabadi

Endophytes ……..…… 18
Aydin Hassanzadeh

Male Sterility in Flowering Plants ……..…..…….…... 21
Mahtab Samadi

Peanut weed management ……...…..…… 23
Rezapoor Mehdi Alamdarlou

An introduction on sesame ……...……. 25
Kambiz Foroozan

Mapping Populations ……..……..……... 27
Mostafa Haghpanah