مشاكل تربية القمح

أ.د. أحمد الفرحان
قسم المحاصيل الحقلية
كلية الزراعة – جامعة الفرات
دير الزور– سوريا

الملخص:

تظهر في برامج تربية القمح بدءًا من الأجيال الانعزالية الأولى وحتى السلالات المبشرة أشكال مظهرية بعيدة عن الأشكال الأبوية ، ما يستدعي استبعادها وبالتالي اختلاف نسب الانعزالات الوراثية و يؤدي ظهورها في السلالات المبشرة الى ضعف النقاوة الصنفية لذلك يجب البحث عن طريقة للكشف عن هذه الأشكال وبخاصة الشبيه بقمح سبلتا Spelta ولهذا تم اختبار طريقة Flow Cytometry وتبين أنها ذات كفاءة عالية وأعطت قيما متطابقة مع طريقة عد الصبغيات بواسطة المجهر الضوئي. ولمعرفة درجة الخلط في السلالات المختبرة تم اختيار خمسة أشكال للسنبلة وزرعت البذور الناتجة عنها في اصص في البيت الزجاجي فتبين ان الشكل الطبيعي للسنبلة أعطى أشكال سنبلة مغايرة بنسب 1.7% وعند دراسة درجة تقصف السنبلة وجد أن الشكل الطبيعي أعطى نسبة تقصف سنابل وصل الى 5% فيمكن أذا الاعتماد على هذه الصفة في تنقية السلالات وكذلك لا يمكن الاعتماد على درجة تراص السنبلة لأنها أعطت قيما مشابهه لقيم شكل السنبلة كما يمكن ملاحظة تأثير النمط السبلتي على تطاول النبات وبشكل أقل على طول السنبلة .

كلمات مفتاحية: القمح – قمح سبلتا – عد الصبغيات – النقاوة الصنفية

مقدمه:

يعد ظهور أشكال مظهرية غير مرغوبة احدى المشاكل الواسعة الانتشار في تربية صنف جديد من القمح أو الشعير وأهم الاشكال المظهرية ذات التركيب الوراثي المختلف التي تظهر بدءا من الاجيال الانعزالية الاولى حتى مرحلة اعتماد الصنف الجديد هي النمط Speltoid أي الشبيه بقمح سبلتا Triticum aestivum ssp. spelta وهو من الاقماح القديمة الاقرب الى الانواع البرية وهذا النمط ذو سنبلة متطاولة العصافات وملتصقة بشدة بالبذور ومحور السنبلة هش سهل التكسر ويرتبط احصائيا بهذه الصفة ضعف الحبوب وتطاولها ويمكن ان تظهر أشكال وسطية بين النمط الطبيعي الممثل للتركيب الوراثي المحدد والنمط Speltoid (Paterson et al. 1995) يؤدي ظهور هذه الانماط الى اختلاف نسب الانعزالات الوراثية في الاجيال الاولية لأنه يتم عادة استبعاد هذه الانماط عند ظهورها ولكنها تستمر في الظهور حتى في مرحلة الصنف المبشر مما يؤدي الى ضعف النقاوة الصنفية وخروج الصنف من مرحلة الاعتماد.

يؤكد كلاً من (Sears 1954, Islam et al.1981, Joppa 1993, Jiang et al. 1994, Endo & Gill,1996, Riera-Lizarazu et al. 1996)
أن أسباب ظهور هذه الانماط يعود الى المورث Q الموجود على الذراع الطويل للصبغي A5 ويمكن ان يتواجد في اشكال مختلفة كما في الجدول التالي: (عن (Muramatsu, 1963

Status of chromosome 5A	2n	Genotype	Dosage of q (Q = 2.5 q)	Phenotype
Nullisomic	40	* —	0	speltoid
Monosomic	41	Q —	2.5	speltoid
Disomic	42	Q q	3.5	speltoid
Disomic	42	Q Q	5	squarehead
Trisomic	43	Q Q Q	7.5	subcompactoid
Tetrasomic	44	Q Q Q Q	10	compactoid
Mono-*spelta*-5A	41	q —	1	speltoid
spelta-5A	42	q q	2	speltoid
Tri-*spelta*-5A	43	q q q	3	speltoid
Tetra-*spelta*-5A	44	q q q q	4	speltoid
Tri-5A(*spelta*) plus iso-5A(*spelta*)	45	q q q q q	5	squarehead
Tetra-5A(*spelta*) plus iso-5A(*spelta*)	45	q q q q q q	6	transitional type, squarehead-subcompactoid

* — indicates absence of one whole chromosome 5A.

ويعد المورث Q المسؤل عن تحول القمح من النمط البري الى النمط المستزرع Domestication بسبب مسؤوليته عن سهولة فصل الحبوب عن العصافات وبالتالي سهولة الدراس وصلابة محور السنبلة وشكل السنبلة وطول النبات وطول السنبلة (MacKey 1954 ; Singh et al. 1957 ; Muramatsu 1963 , 1986 ; Kato et al. 1999, 2002 ; Jantasuriyarat et al. 2004)

العلاقة الوراثية بين الأليلين Qq هي السيادة غير التامة حيث ان النمط Qq يظهر وسطيا بين النمطين بانحياز نحو النمط السلتي وفي التحليل الوراثي تبين اختلاف الأليلين بقواعد أمينية مفردة (Faris and Gill, 2002 ; Faris et al. 2003 ; Simons et al. 2006)

تعتبر عملية الكشف عن التغير في جرعة المورث Q في الانماط المتضاعفة لاتكراريا وفي الانماط الطبيعية المظهر بطريقة سريعة ومؤكدة من الامور الهامة والملحة لمربي النبات ولذلك تم تطوير بعض الطرق السريعة والتي يمكن التحكم فيها آليا ومنها طريقة Flow Cytometry لتصنيف وفصل الصبغيات من الخلايا الجسمية وقد تم استخدامها في البازلاء (Dolezel et al. 1994), وفي الفاصولياء (Dolezel et al. 1998; Neumann et al. 1998) وفي الشعير (Lysak et al. 1999) وفي القمح الطري (Vrana et al. 2000) وفي القمح القاسي (Kubalakova et al. 2005)

يهدف هذا البحث الى دراسة فعالية طريقة Flow Cytometry في الكشف عن الانحرافات الصبغية في الانماط الشبيه بقمح سبلتا وفي الانماط الطبيعية المظهر بالإضافة الى دراسة نسب الخلط في الصفات المرتبطة بهذه الصفة لدى السلالات المبشرة من القمح

تم تنفيذ هذا البحث في مخابر جامعة مارتن-لوثر في مدينة هالة في اطار مهمة بحث علمي الى ألمانيا

مواد وطرائق البحث:

تتكون مادة البحث من ثلاث سلالات مبشرة من القمح الطري(95125 – 89462 – 82739) من انتاج مركز تربية القمح التابع لمدينة هالة في المانيا خرجت من الاختبار الوطني لاعتماد الاصناف الجديدة بسبب ضعف النقاوة الصنفية فيها وظهور الانماط Speltoid بنسب أعلى من الحد المسموح فيه في القانون الالماني وهو (10/2000) ولذلك توجب البحث عن طريقة سريعة لاكتشاف هذه الانماط واستبعادها من الاجيال الانعزالية ومنع ظهورها لاحقا في السلالات المبشرة او في الاصناف المعتمدة

طرائق البحث:

- **حساب عدد الصبغيات بواسطة المجهر الضوئي:**

تم تنبيت بذور السلالات بمعدل 10 بذور من كل شكل مظهري على ورق ترشيح ضمن جهاز انبات البذور المخبري وبدرجة حرارة 20 م° لمدة 4 أيام حتى أصبحت الجذور بطول 5 سم تقريبا ثم تقطع بداءة الجذر من جذرين بطول 5 ملم لتوضع في محلول التثبيت (3/1 ايتانول ــ حمض الخل) ضمن انابيب اختبار بسدادة بطول 4سم على الثلج في البراد لمدة 24 ساعة ثم قطعت بداءةُ الجذر بطول 1ملم على شريحة فوقها سائرة مع نقطة من محلول التلوين ثم سحقت بشدة ليتم عد الصبغيات في الخلايا المتمايزة

- **عد الصبغيات بواسطة جهاز Flow Cytometry :**

تم تحضير بداءات الجذور كما في الطريقة السابقة ولكنه تم تثبيتها في محلول فورم ألدهيد ويحتاج الى 30 بداءة جذر بطول 1 ملم من كل سنبلة من الاشكال التي تم اختيارها ولكل شكل سنبلة (30×10) من السلالات الثلاث وضعت ضمن الجهاز ليتم معاملتها بطريقة آلية لزيادة التجانس في الحصول على الصبغيات حيث يحتاج الى

$10^5 \times 5$ صبغي من كل معاملة لتظهر على شكل منحنى بياني مؤلف من 4 قمم ترمز الى الصبغيات التالية:

القمة / الصبغيات	1	2	3	4
Genome A	-	6-3- 1	7 -5 -4 -2	-
Genome B	-	-	7-6-5-4-2-1	3
Genome D	6-4-1	7-5-3-2	-	-

يستطيع الجهاز ملاحظة فروق في حجم الصبغيات أكثر من 1.3 % بينما الفرق بين التركيب 41 صبغي (5A Monosome) و42 صبغي الطبيعي في القمح يصل الى 2.5 % (Dolezel et al. 2007)

- **الزراعة في البيت الزجاجي:**

تم اختيار خمسة اشكال مظهرية مختلفة (20 سنبلة) من كل سلالة من السلالات الثلاث على الشكل التالي:

	شكل السنبلة	عدد السنابل
1	طبيعية المظهر	60
2	متوسطة أقرب للطبيعية	60
3	متوسطة أقرب للسبلتا	60
4	سبلتا مخلخلة	60
5	سبلتا متراصة(غير مخلخلة)	60

زرعت البذور الناتجة عن كل سنبلة في (6) أصص بحجم (2 كغ) تورب بمعدل (7) بذور وابقي على (5) بادرات في كل أصيص بعد الانبات أي (30) نبات من كل سنبلة مجموع الاصص كان 1800(6×300) أصيص تم تنبيتها على درجة حرارة 22-25 م وتم الري وإضافة الاسمدة حسب حاجة النبات وبشكل متساو لجميع الاصص مع وجود العزل لكل شكل من أشكال السنبلة المختارة وتم التركيز على القراءات التالية:

- طول النبات (سم)
- طول السنبلة (سم)
- شكل السنبلة (طبيعية – متوسطة – سبلتا)
- درجة تراص السنبلة (طبيعية غير مخلخلة – متوسطة التخلخل – مخلخلة)
- تقصف محور السنبلة (بقاء عدد من السنيبلات غير مدروسة بعد الدراس)

تم تحليل النتائج احصائيا باستخدام برنامج SPSS لحساب قيمة LSD

النتائج ومناقشتها:

1. نتائج حساب عدد الصبغيات بواسطة المجهر الضوئي:

جدول رقم (1) يبين أعداد النباتات التي ينقصها صبغي واحد (Monosome) في الاشكال المظهرية المختبرة بواسطة المجهر الضوئي

شكل السنبلة	السلالة 95125	السلالة 89462	السلالة 82739	المتوسط
طبيعية المظهر	0	0	0	0
متوسطة أقرب للطبيعية	1	1	1	1
متوسطة أقرب للسبلتا	1	1	1	1
سبلتا مخلخلة	5	6	6	5.7
سبلتا متراصة	4	4	3 *	3.7

LSD5%= 1.74

يتبين من الجدول (1) أنه لا توجد فروق واضحة بين السلالات في عدد الجذور الناقصة العدد الصبغي أي أنه لا تأثير للتركيب الوراثي للسلالة في ظهور الانحرافات الصبغية وبالتالي فانه يمكن ان تظهر الانحرافات في العدد الصبغي في جميع الاصناف أو السلالات بغض النظر عن تركيبها الوراثي أو أصولها الوراثية وكذلك يمكن ملاحظة ان جذور النباتات الطبيعية المظهر لم يتواجد فيها أي خلية ذات عدد صبغي ناقص.

بينما ظهر في النباتات المتوسطة المظهر نسبة من الانحرافات الصبغية تقدر بـــ 10% سواء كانت أقرب للطبيعية أم كانت أقرب الى النمط السبلتي وهذا يؤكد أن السبب في ظهور هذه الاشكال المظهرية لا يعود الى المورث Q فقط وإنما الى الانحرافات في العدد الصبغي ايضا وكذلك الحال عندما تم عد الصبغيات في الشكل المظهري ذو السنبلة المخلخلة الشبيهه بالنمط السبلتي فان نسبة الانحرافات في العدد الصبغي وصلت الى 57% أي يمكن القول أنه في الـــ 43% الباقية كان هناك تغير في المورث Q من السائد الى المتنحي q وبشكل متماثل اللواقح أو مختلف اللواقح أما في الشكل المظهري السبلتي وبسنبلة متراصة فقد كانت نسبة ظهور الانحرافات في العدد الصبغي أقل وكانت 40% فقط

وهنا يظهر السؤال عن سبب اختلاف نسب ظهور الانحرافات في العدد الصبغي بين الشكل المظهري السبلتي مع سنبلة مخلخة والشكل السبلتي مع سنبلة متراصة وبالتالي يمكن ترجيح فرضية أن صفة درجة تراص السنبلة يتحكم في ظهورها زوج من العوامل الوراثية مختلف عن المورث المعروف Q المسؤل عن شكل السنبلة السبلتي وهذا ما أكده عدد من الباحثين منهم

(Jantasuriyarat et al. 2004; Faris et al.2003; Unrau et al. 1950)

2. نتائج عد الصبغيات بواسطة جهاز Flow Cytometry :

الجدول رقم (2) يبين أعداد النباتات التي ينقصها صبغي واحد (Monosome) في الاشكال المظهرية المختبرة بواسطة جهاز Flow Cytometry

شكل السنبلة	السلالة 95125	السلالة 89462	السلالة 82739	المتوسط
طبيعية المظهر	0	0	0	0
متوسطة أقرب للطبيعية	1	2	0	1
متوسطة أقرب للسبلتا	1	0	2	1
سبلتا مخلخلة	6	6	7	6.3
سبلتا متراصة	4	5	4	4.3

LSD5%=1.79

يتبين من الجدول (2) عدم وجود فروق واضحة بين السلالات في نسب ظهور الانحرافات في العدد الصبغي وكذلك عدم ظهور انحرافات في الاعداد الصبغية في جذور البادرات الناتجة عن سنابل طبيعية المظهر

بينما في الاشكال المظهرية المتوسطة القريبة للطبيعية أم القريبة للنمط السبلتي فقد ظهرت نسب انحرافات في العدد الصبغي بنسبة 10% وكذلك في الاشكال المظهرية المشابه للنمط السبلتي ذات السنبلة المخلخلة أم ذات السنبلة المتراصة وصلت نسب الانحرافات في العدد الصبغي الى 63% و43% على التوالي

تتوافق هذه النسب المستحصل عليها من عد الصبغيات بواسطة جهاز Flow Cytometry تماما مع النسب المستحصل عليها من عد الصبغيات بواسطة المجهر الضوئي مما يدل على كفاءة طريقة Flow Cytometry في الحصول على نتائج مؤكدة يمكن اعتمادها على نبات القمح وهذا ما أكده بعض الباحثين ومنهم
(Dolezel et al. 2004, 2005, 2007; Gill et al. 1999 ; Lee et al. 1997)
(Kubalakova et al. 2000, 2002, 20005

3. نتائج الزراعة في البيت الزجاجي:

- **طول النبات**

يبين الجدول رقم (3) طول النبات(سم) في تجربة البيت الزجاجي

شكل السنبلة	السلالة 95125	السلالة 89462	السلالة 82739	المتوسط
طبيعية المظهر	106	113	122	113.7
متوسطة أقرب للطبيعية	107	115	122	114.7
متوسطة أقرب للسبلتا	110	120	124	118.0
سبلتا مخلخلة	112	121	128	120.3
سبلتا متراصة	111	119	126	118.7

LSD5%= 2.24

يتبين من الجدول رقم (3) وجود فروق معنوية في أطوال نباتات السلالات الثلاث وهذا عائد الى التركيب الوراثي للسلالات لوجود اختلافات وراثية بينها ويظهر أيضا

ان النباتات ذات شكل السنبلة الأقرب الى الشكل الطبيعي ذات أطوال نباتات مشابهه للنباتات الطبيعية المظهر وبدون فروق معنوية أي أن التركيب الوراثي Qq لم يعط أي تأثير معنوي على طول النبات ولكنه عندما يظهر الشكل الشبيه بالقمح السبلتي فإن أطوال النباتات تزداد وبفروق معنوية في جميع السلالات وتصل الى اعلى مستوى لدى النباتات الشبيه بالقمح السبلتي والسنبلة المخلخلة ولا تختلف معنويا عن أطوال النباتات ذات الشكل الشبيه بالقمح السبلتي والسنبلة المتراصة وهذا يعود بالتأكيد الى تعدد تأثير المورث q (Pleiotropic effect) على طول النبات كما ذكره كل من (Muramatsu 1963; Kato et al. 1999, 2002)

- **طول السنبلة:**

يتبين من الجدول رقم (4) أن اطوال السنابل لم تختلف معنويا في الشكل المتوسط القريب للشكل الطبيعي بينما اختلفت وبشكل معنوي في الشكل المتوسط القريب للشكل السبلتي وكذلك في الشكل السبلتي ذو السنبلة المخلخلة يعزى ذلك الى تعدد تأثير المورث q وهذا ما يؤكده (Muramatsu 1963; Kato et al. 1999) ولكن أطوال النباتات عادت الى الطول القريب من الطبيعي في الشكل السبلتي ذو السنبلة المتراصة وقد يكون هذا عائدا الى تأثير التركيب الوراثي المسؤل عن درجة تراص السنبلة مما عدل تأثير مورث النمط السبلتي

جدول رقم (4) يبين أطوال السنابل (سم) في تجربة البيت الزجاجي

شكل السنبلة	السلالة 95125	السلالة 89462	السلالة 82739	المتوسط
طبيعية المظهر	9	9	10	9.3
متوسطة أقرب للطبيعية	10	9	10	9.7
متوسطة أقرب للسبلتا	10	11	12	11
سبلتا مخلخلة	11	11	12	11.3
سبلتا متراصة	10	11	11	10.7

LSD5%= 1.78

- **تقصف محور السنبلة**

يتضح من الجدول (5) عدم وجود فروق معنوية بين السلالات في نسبة تقصف محور السنبلة ولكنه ظهر أيضا نسبة وصلت الى حوالي 5% في نسل السنابل الطبيعية المظهر اذا انطلقنا من ان التركيب الوراثي للسنابل الطبيعية المظهر هوQQ

جدول رقم (5) يبين عدد السنيبلات الباقية غير مدروسة بعد عملية الدراس

شكل السنبلة	السلالة 95125	السلالة 89462	السلالة 82739	المتوسط
طبيعية المظهر	5.5	4.5	4.25	4.75
متوسطة أقرب للطبيعية	28	31	31	30
متوسطة أقرب للسبلتا	37	35	36	36
سبلتا مخلخلة	46	49	49	48
سبلتا متراصة	59	60	63	61

LSD5%= 4.43

فوجود هذه النسبة يدل على وجود نسبة من النباتات ذات تركيب وراثي Qq يصل الى حوالي 5% في النباتات الناتجة عنها ويعتقد أن سبب ظهور هذه الصفة هو وجود المورث q في الخلفية الوراثية وعدم قدرته على إظهار تأثيره

وظهر أيضا في الاشكال المتوسطة الاقرب الى الطبيعية المظهر نسب مرتفعة من تقصف محور السنبلة وصل الى 30% وفي الاقرب الى ألسبلتا 36% أما الاشكال السبلتية فوصلت نسبة تقصف السنبلة فيها الى 48 و 61 % حسب درجة تراص السنبلة.

يعتقد Kato et al. 2002 ان المورث Q مسؤول بشكل مباشر عن تقصف السنبلة بينما شكل السنبلة يمكن أن يتأثر بمورثات أخرى في الخلفية الوراثية بالإضافة الى المورث Q.

- **شكل السنبلة**

يظهر الجدول رقم (6) عدم وجود فروق معنوية بين السلالات في ظهور نسب من اشكال السنبلة مغايرة للشكل الناتجة عنه بينما ظهر وجود نسبة من الاشكال المغايرة للشكل الطبيعي في نسل السنابل الطبيعية المظهر وصل الى 1.7% منها 0.06% من الشكل السبلتي وهذه النسبة هي السبب في تدهور هذه السلالات وخروجها من مرحلة الاعتماد أما اسباب ظهور هذه الاشكال المغايرة للشكل الطبيعي الناتجة عنه

جدول رقم (6) يبين نسب (%) أشكال السنبلة في تجربة البيت الزجاجي

شكل السنبلة	السلالة 95125			السلالة 89462			السلالة 82739			المتوسط		
	طبيعية	متوسطة	سبلتا	طبيعية	متوسطة	سبلتا	طبيعية	متوسطة	سبلتا	طبيعية	متوسطة	سبلتا
طبيعية المظهر	98.6	1.46	0.06	98.1	1.89	0.06	98.2	1.57	0.06	98.3	1.64	0.06
متوسطة القرب للطبيعية	57.63	20.93	21.56	59.47	23.22	17.48	59.37	21.57	16.94	58.49	22.64	18.87
متوسطة القرب للسبلتا	21.47	59.76	19.87	24.76	59.43	17.63	24.12	57.48	18.83	23.34	58.52	18.14
سبلتا مخالفة	1.97	35.67	62.36	1.94	37.58	60.48	1.98	37.89	60.23	1.96	36.96	61.08
سبلتا متراصة	9.86	56.88	33.68	10.68	56.85	33.21	10.41	58.43	31.74	10.20	57.14	32.84

LSD5%=5.83

فيعتقد بوجود المورث q في الخلفية الوراثية وبوجود نسخ من المورث Q لا يظهر تأثيره إلا في بعض حالات الانعزال الوراثي بالاضافة الى المورثات المسؤولة بشكل غير مباشر عن شكل السنبلة ولذلك يجب الاعتماد على درجة تقصف محور السنبلة كأساس في عملية تنقية السلالات لأنه ظهر فيها نسبة الخلط في الشكل الطبيعي (5%) أكثر من نسب الاشكال المغايرة للشكل الاساسي (1.7%) وبالتالي تكون فرص التخلص من الخلط أكبر.

وتباينت نسب الاشكال المغايرة في الاشكال المتوسطة فأعطت الاقرب الى الطبيعية 49.58% طبيعية المظهر و18.87% سبلتا بينما أعطت الاقرب الى الشكل السبلتي 23.34% طبيعية المظهر و18.14% سبلتا وكذلك فالشكل السبلتي أعطى نباتات

طبيعية المظهر بنسبة 1.96% في السنبلة المخلخلة و10.2% في السنبلة المتراصة مما يدل على استمرار وجود الخلط الوراثي في كل شكل من أشكال السنبلة المختبرة

- **درجة تراص السنبلة:**

يتبين من الجدول رقم (7) ان نسب ظهور درجات مختلفة من تراص السنبلة في الاشكال المختارة من السنابل ظهرت بقيم مشابه جدا لقيم شكل السنبلة في الجدول رقم (6) وبنفس المنحى تماما مما يدل على ارتباط العوامل الوراثية المسؤلة عن هاتين الصفتين واستمرار وجود الخلط الوراثي لهذه الصفة أيضا وكذلك عدم صلاحيتها كأساس لعملية تنقية السلالات.

جدول رقم (7) يبين نسب (%) السنابل ذات درجة التراص المختلفة (طبيعية غير مخلخلة – متوسطة التخلخل – مخلخلة) في تجربة البيت الزجاجي

شكل السنبلة	السلالة 95125			السلالة 89462			السلالة 82739			المتوسط		
	طبيعية	متوسطة	مخلخلة	طبيعية	متوسطة	مخلخلة	طبيعية	متوسطة	مخلخلة	طبيعية	متوسطة	مخلخلة
طبيعية المظهر	98.34	1.46	0.06	97.89	1.89	0.06	98.01	1.57	0.06	98.12	1.61	0.06
متوسطة قرب الطبيعية	58.74	22.26	19.12	59.47	25.46	15.38	60.49	23.83	14.94	59.35	24.26	16.38
متوسطة قرب المخلخلة	22.74	59.76	18.78	24.76	58.43	17.63	23.12	57.78	16.84	23.78	58.83	17.68
سنبلة مخلخلة	3.83	35.82	61.26	3.12	36.42	60.72	3.04	37.48	59.44	3.31	36.24	60.46
سنبلة متراصة	10.89	56.74	33.42	12.62	56.85	31.28	10.97	59.43	31.58	11.28	57.48	31.68

LSD5%= 5.28

مما سبق يمكن الاستنتاج :

أن طريقة عد الصبغيات بواسطة جهاز Flow Cytomtry ذات فعالية كبيرة وسريعة وأعطت قيما مطابقة لقيم عد الصبغيات بواسطة المجهر الضوئي التي تحتاج الى جهد كبير ووقت طويل جدا.

يعتمد مربوا النبات في تنقية السلالات على استبعاد أشكال السنبلة المغايرة للشكل الاساسي ولكنها تستمر في الظهور لاحقا لأن نسب ظهورها منخفضة ولكنه اذا تم الاعتماد على صفات متأثرة مباشرة بالمورث المسؤول وهنا درجة تقصف السنبلة فانه يمكن الحصول على النقاوة الصنفية بشكل أسرع .

References:

DOLEZEL, J., LUCRETTI, S., SCHUBERT, I. 1994- **Plant chromosome analysis and sorting by flow cytometry.** Crit. Rev. Plant Sci. **(13)** : 275-309.

DOLEZEL, J., GREILHUBER, J., LUCRETTI, S. 1998- **Plant genome size estimation by flow cytometry: Inter-laboratory comparison.** Ann. Bot.**(82)** (Suppl. A): 17-26.

DOLEZEL, J., KUBALAKOVA, M., BARTOS, J., MACAS, J. 2004- **Flow cytogenetics and plant genome mapping.** Chromosome Res **(12): 77-91.**

DOLEZEL, J., KUBALAKOVA, M., SUCHANKOVA, P. 2005- **Flow cytogenetic analysis of the wheat genome.** Wheat Information Service. **(100)** : 3-15.

DOLEZEL, J., KUBALAKOVA, M., PAUX, E., BARTOS, J., FEUILLET, C. 2007- **Chromosome-based genomics in the cereals.** Chromosome Research **(15)**: 51–66

ENDO, T., GILL, B. 1996- **The deletion stocks of common wheat.** J. Hered. **(87)**: 295-307.

FARIS, J., GILL, B. 2002- **Genomic targeting and high resolution mapping of the domestication gene *Q* in wheat.** Genome **(45):** 706–718.

FARIS, J., FELLERS, J., BROOKS, S., GILL, B. 2003- **A bacterial artificial chromosome contig spanning the major domestication locus Q in wheat and identification of a candidate gene.** Genetics **(164)**: 311–321.

GILL, K., ARUMUGANATHAN, K., LE, J. 1999- **Isolating individual wheat (Triticum aestivum) chromosome arm by flow cytometric analysis of ditelosomic lines.** Theor. Appl. Genet. **(98):** 1248-1252

ISLAM, A., SHEPHERD, K., SPARROW, D. 1981- **Isolation and characterization of euplasmic wheat-barley chromosome addition lines.** Heredity **(46)** : 161-174.

JANTASURIYARAT, C., VALES, M., WATSON, C., RIERA-LIZARAZU, O. 2004- **Identification and mapping of genetic loci affecting the free threshing habit and spike compactness in wheat (Triticum aestivum L.).** Theor. Appl. Genet. **(108):** 261–273.

JIANG, J., FRIEBE, B., GILL, B. 1994- **Recent advances in alien gene transfer in wheat.** Euphytica **(73)** : 199-212.
JOPPA, L. 1993- **Chromosome engineering in tetraploid wheat.** Crop Sci. **(33)** : 908-913
KATO, K., MIURA, H., SAWADA, S. 1999- **QTL mapping of genes controlling ear emergence time and plant height on chromosome 5A of wheat.** Theor. Appl. Genet. **(98)** : 472–477.
KATO, K., MIURA, H., SAWADA, S. 2002- **Characterization of Eet.ocs-5A.1, a quantitative trait locus for ear emergence time on wheat chromosome 5AL.** Plant Breeding **(121)** : 389—393.
KUBALAKOVA, M., VRANA, J., CHALKOVA, J., SIMKOVA, H., DOLEZEL, J. 2002 - **Flow karyotyping and chromosome sorting in bread wheat (Triticum aestivum L.).**
Theor. Appl. Genet. **(104)** : 1362-1372.
KUBALAKOVA, M., KOVAROVA, P., SUCHANKOVA, P. 2005 - **Chromosome sorting in tetraploid wheat and its potential for genome analysis.** Genetics **(170)** : 823-829.
LEE, J., ARUMUGANATHAN, K., YEN, Y., KAEPPLER, S., KAEPPLER, H.,BAENZIGER, P. 1997 - **Root tip cell cycle synchronization and metaphase-chromosome isolation suitable for flow sorting in common wheat (Triticum aestivum L.).**
Genome **(40)** : 633- 638.
LYSAK, M., CHALKOVA, J. , KUBALAKOVA, M. , SIMKOVA, H. , KUNZEL, G. 1999- **Flow karyotyping and sorting of mitotic chromosomes of barley (*Hordeum vulgare* L.).**
Chrom. Res. **(7)** : 431–444.
MACKEY, J. 1954- **Neutron and X-ray experiments in wheat and a revision of the speltoid problem.** Hereditas **(40)** : 65–180.
MURAMATSU, M. 1963- **Dosage effect of the spelta gene q of hexaploid wheat.** Genetics **(48)** : 469–482.
MURAMATSU, M. 1986- **The *vulgare* super gene, *Q*: its universality in *durum* wheat and its phenotypic effects in tetraploid and hexaploid wheats.** Can. J. Genet. Cytol. **(28)** : 30–41.
NEUMANN, P., LYSAK, M., DOLEZEL, J., MACAS, J. 1998 - **Isolation of chromosomes from *Pisum sativum* L. hairy root cultures and their analysis by flow cytometry.** Plant Sci. **(137)** : 205–215.

PATERSON, A. , LIN, Y., LI, Z., SCHERTZ, K., DOEBLEY, J. 1995- **Convergent domestication of cereal crops by independent mutations at corresponding genetic loci.** Science **(269) :** 1714–1715

RIERA-LIZARAZU, O., RINES, H., PHILLIPS, R. 1996 - **Cytological and molecular characterization of oat - maize partial hybrids.** Theor. Appl. Genet. **(93)** : 123-135.

SEARS, E. , 1954 - **The aneuploids of common wheat.** Missouri Agr. Exp.Sta. Res. Bull. **(572)** : 1–59.

SIMONS, K., FELLERS, J., TRICK, H., ZHANG, Z., TAI, Y., GILL, B., FARIS, J., 2006- **Molecular Characterization of the Major Wheat Domestication Gene Q.** Genetics **(172)** : 547–555

SINGH, H., ANDERSON, E., PAL, B. 1957- **Sudies in the genetics of *Triticum vavilovii* Jackub.** Agron. J. **(49)** : 4–11.

VRANA, J., KUBALAKOVA, M., SIMKOVA, H., CHALKOVA, J., LYSAK, M.,DOLEZEL, J. 2000 - **Flow-sorting of mitotic chromosomes in common wheat (Triticum aestivum L.).** Genetics **(156)** : 2033-2041.

UNRAU, J., SMITH, W., MCGINNIS, R. 1950 - **Spike density, speltoidy and compactoidy in hexaploid wheat.** Can. J. Res. C. **(28)** : 273–276.

Problems in Wheat Breeding

Dr. Ahmad Alfarhan

Department of Agronomy

Faculty of Agriculture – Alfurat University

Deir Ezzor - Syria

Summary:

Starting from the first generations in the wheat breeding programs till to the promising released lines appears some spike phenotypes differ from the normal type of pattern and that needs to take it off which cause differentiation in the progeny ratio. In the promising released lines cause its appearance to a weak of cultivar purity. Therefore it must find a method to detect this type especially speltoid type. So Flow Cytomtry method was tested and found it a highly efficient and gave values identical with the method of counting chromosomes by light microscopy .

To find out the degree of mixing in the tested lines, five types of spike were selected . The seeds resulting from it were planted in pots in the greenhouse. Results showed that the normal type of spike gave different spike type in rate of ۲.7%. By studying the trait degree the threshability of spike found that the normal type gave the rate arrived at the 5%. So it could be relying on this trait by purification of lines and not on the trait spike density, because it gave values similar to the values of spike type. Also it can be note the effect of speltoid type on culm elongation and less on spike length.

Key words: Triticum, speltoid, Flow Cytometry, spike type