دور التقنيات الحياتية الجديدة في تربية وتحسين القمح

الدكتور ضياء بطرس يوسف

مركز وراثة وتربية النبات، دائرة البحوث الزراعية وتكنولوجيا الغذاء، وزارة العلوم والتكنولوجيا، بغداد– جمهورية العراق.

تمثل التقنيات الحياتية ثمرة التطور في علم الوراثة، فيمكن بزراعة الانسجة والوراثة الجزيئية زيادة كفاءة برامج التربية والتحسين الوراثي للقمح مثلا، وبرؤيا جديدة تعطي القدرة على التحكم الوراثي، اي التحوير الوراثي في مفاتيح الصفات والمؤشرات الوراثية. وكيف لا، وانها تمثل ادخال طرائق غير مألوفة لمصادر التغاير الوراثي. يضاف الى ذلك قدرتها السريعة في اتمام الاهداف، اي تسريع دورة التحسين الوراثي. نستعرض في هذه الدراسة ما هو متوفر وفي حيز التطبيق من تقنيات مفيدة ومؤثرة او يمكن ان تؤثر في برامج التحسين الوراثي للقمح في خلال السنوات القليلة القادمة. احدثت القدرة على التحليل الوراثي ثورة بعد ان تم وضع اول خريطة وراثية على اساس المعلمات الجزيئية Molecular markers. فعرفت، على سبيل المثال، المواقع الجينية التي تتحكم بصفات النمو والصفات الزراعية واهم الجينات الرئيسة او ما يعرف بالمواقع الكمية للصفة Quantitative trait loci (QTL) من حيث التأثير. فضلا عن ذلك، فقد تم الولوج بعمق في معرفة الحامض النووي الدنا (DNA) وامكن بالتالي اجراء التهجينات بين الانواع المتقاربة او اقارب القمح، بما يمكّن مربي النبات ومختصي الوراثة من استغلال ومعرفة خرائط المقارنة بشكل دقيق، والتي يتم من خلالها فهم وربط وراثة كل محاصيل الحبوب المهمة. توضحت قدرة هذه الطرائق بالاستكشافات الحديثة في مجال التطبع الوراثي في القمح، حيث عرفت اغلب الجينات التي تتحكم بموعد التزهير، وان تأثيراتها الاولية او اليلاتها المتعددة قد وصفت من حيث تأثيرها في حاصل الحبوب. على العموم، سهلت مثل هذه الطرائق تصميم مظهر جديد للنباتPhenotype ، اي محصول القمح وباتقان لم نألفه من قبل. وعليه، ستعطي انظمة مضاعفة النباتات الاحادية المجموعة الكروموسومية (الاحاديات Haploids) في نهاية المطاف مساهمة مباشرة في تحسين القمح من خلال تطوير نظام التلقيح في الذرة الصفراء. عموما، جعلت معاملات التحوير التي تتم بعد التلقيح وتقنيات تحسين زراعة الاجنة مثل هذا النظام موثوقا به، ولمدى واسع من التراكيب الوراثية. وبالمقابل، افرزت التطورات التي شهدتها تقنية زراعة الانسجة امكانية الحصول على قمح محول وراثيا يمكن ان يعول عليه في المستقبل. وتتواصل المساعي بفعالية عالية، وخصوصا فيما يتعلق بمقاومة الافات والامراض ونوعية الاستخدام النهائي، على الرغم من المشاكل التي تكتنف استقرار الجينات، والتي ستبقى قيد الدرس والتحليل ومثلها ما يتعلق بتقبل كل من المنتج (المزارع) والمستهلك.

المقدمة:

يعتمد استمرار التقدم الوراثي في برامج تربية القمح على تشخيص وانتخاب العوائل النباتية الحاوية على جينات التطبع المعقدة الجديدة، والتي يتم الحصول عليها من نتاج توليف المجتمع الذي تم تخليقه وتوليفه من المجين (الاطقم الكروموسومية genome) الابوية. اي بمعنى اعتماد ذلك على مصادرالتغاير الوراثي لتخليق اتحادات ضمنية غير مألوفة، ثم اجراء الانتخاب. ان طريقة الانتخاب للنسب Pedigree selection والتي تنفذ في تربية القمح لا تزال تمارس على مستوى الشكل المظهري، فمثل هذه الخيارات المعقدة للمعالجة المباشرة لحالة التغاير الوراثي تتم بانتخاب الاتحادات الجينية المرغوبة، فقط على اساس الصدفة. وكما تحتاج الى وقت طويل، من المؤكد عدة سنوات، للوصول

agri-palm.com

الى استنباط صنف جديد. وعليه، ربما لا يتم الحصول على تقدم وراثي كبير، بل ان مثل هذا التقدم يكون بطيئا. من هنا يفهم بان ربط عملية زيادة اجيال التربية بالمعالجة الوراثية التي تقدمها هذه التقنيات ربما تؤدي الى حصول تقدم نوعي، حيث تشترك الوراثة الجزيئية وزراعة الانسجة في هذه العمليات فتقدمان الاساس التطبيقي لأدخال صفات لم تكن مألوفة من قبل عبر تقنيات الهندسة الوراثية.

امكانية مساهمة التحليل الوراثي في تحقيق القدرة الانتاجية

يؤدي التحليل الوراثي دورا بالغ الاهمية في اعطاء مربي النبات معلومات قيّمة حول الصفات والجينات التي يرغب بتغييرها لأنتاج الاصناف ذات القدرة الانتاجية العالية مقرونة بافضل تطبع للظروف البيئية، سواء كانت لمقاومة الامراض او الافات الاخرى او لتحمل ظروف الشد البيئي غير الحياتي او للنوعية الجيدة. وعلى الرغم من ان التقديرات الحالية لعدد الجينات في القمح حوالي 25– 30 الف جين، الا ان جزءا بسيطا منها قد تم توصيفه في الخرائط الجينية، ووفقا لذلك يمكن دراسة وفهم وتغيير التأثيرات الفردية والمتعددة لهذه الجينات. وعليه، فان هناك حاجة ملحة لأستخدام التحليل الوراثي ومعرفة وتوصيف مواقع قطعة الجينات والجينات المرغوبة من الناحية الزراعية. مثل هذه التحليلات ستسمح بتوفير التغاير الذي يمكن استخدامه وتحويره بالاتجاهات الاكثر والاسرع قبولا عما هو عليه الان، وبالتالي امكانية الحصول على اعلى قدرة انتاجية في البيئة المطلوبة. وهناك من الادلة في المملكة المتحدة، على سبيل المثال حول الزيادة الكبيرة في حاصل الاصناف خلال الثلاثين سنة الاخيرة، والتي حصلت على الاقل من ادخال تأثيرات اساسية قليلة نتيجة استخدام جينات التقزم *Rht1* و *Rht2* ونقل قطع الكرومسومين 1B/ 1Rs. اذن، فمعرفة التأثيرات الجديدة الاخرى وتجميعها في اسس background ربما يساعد في الحصول على اعلى حاصل حبوب وباستقرار انتاجي اكبر.

على العموم، تم تطوير الخرائط الوراثية لجينومات (الاطقم الكروموسومية) القمح من خلال استخدام انظمة المؤشرات الجزيئية (Devos and Gale, 1993)، بما يسمح اجراء تحليلات وراثية تفصيلية لجميع الصفات من خلال التغايرات الاليلية في المواقع الجينية المعلمة، وخصوصا تغاير الصفات المظهرية المرغوبة. وبالنسبة لمحصول القمح، يمكن اجراء مثل هذه التغييرات اولا: على مستوى الاطقم الكروموسومية، عندما تتم تغطية ومسح وانجاز ذلك في الجينوم كليا او جزئيا (Hyne *et al.* 1994)، ومثلما يتم ذلك في الانواع النباتيةالاخرى، مثل الشعير (Kleinhofs *et al.* 1993و Lourie *et al.*1995). ثانيا: وبالتحديد في محصول القمح، على مستوى الكروموسوم الواحد، من خلال امكانية توليف الكروموسومات المطورة سابقا على اساس التحليلات الخلوية (Law *et al.* 1987 و 1981)، باستخدام الخرائط الوراثية الجديدة. ينطبق ذلك على الانواع النباتية الاخرى (Snape *et al.* 1994). من الناحية النظرية، فانه يمكن تحليل التغاير المظهري الكلي الى مكوناته وتفسيره لكل جين فردي مسؤول عن ذلك. اما من الناحية التطبيقية، فمن غير المهم تحديد المواقع الجينية وذلك لأحتمال اختلاف تأثيرات الجينات الفردية بالمستوى الذي يمكنها اجتياز الحد الحرج بدرجة اكبر من الخطأ التجريبي الذي يمكن قياسه. ومع ذلك، فانه يمكن توليف جزء من التغاير الوراثي لأي صفة، وخصوصا عندما يكون عدد المواقع الجينية التي تسيطر عليه قليل نسبيا ولكن بتأثير كبير. في الحقيقة، وجد ان توارث مثل هذه التغايرات في العديد من الصفات التي يرغبها مربي النبات مثل موعد التزهير وارتفاع النبات والحاصل ومكوناته والاستجابة للشد والصفات النوعية (الجدول، 1). وعليه، فان كفاءة ستراتيجية التقطيع واللحام تتم بهدف تحديد مواقع الجينات الرئيسة القليلة العدد او الجينات ذات التأثيرات الكبيرة في الصفة مع اهمال المواقع الجينية الصغيرة التأثير.

agri-palm.com

تتوفر الادلة العلمية حول تأثير العديد من الجينات الرئيسة، مثل جينات التقزم وجينات الحساسية للفترة الضوئية وجينات الخصوبة وغيرها، وتبين ان تحديد المواقع الكمية للصفةQTL له تأثيرات اليلية متعددة على نفس الموقع الجيني لصفات الحاصل ومكوناته، وان مثل هذه التأثيرات يمكن ان تتداخل مع البيئة (الجدول، 1).

مقارنة الخرائط والتحليل الوراثي للقمح

تعتمد كفاءة وسط التعليم markering في التحليل الوراثي على كثافة الخريطة الوراثية المتوفرة. وبالنسبة لمحصول القمح، هناك العديد من المشاكل التي من شأنها ان تعيق توصيف الخريطة الوراثية بشئ من التفصيل. وعليه، فان القدرة على التحليل، بالنسبة لطبيعة الخريطة المتوفرة في محاصيل الحبوب الاخرى مثل الذرة الشامي تكاد تكون اقل انتشارا وادراكا، واقل منها بالنسبة للشعير. فمستوى تعدد اشكال كلونات الدنا في القمح ادنى مما هو عليه في الانواع الاخرى. وتظهر اهمية وفائدة المؤشرات الجزيئية وتفوقها على المؤشرات التقليدية الاخرى من خلال مجسات الدنا التي تهجن بالتضريب ضمن نفس النوع النباتي، وغالبا خلال الاطقم الكروموسومية المستقلة، من حيث المسافة التصنيفية Taxonomical distance للانواع القريبة.

الجدول (1): المعلومات المتوفرة حاليا حول التحكم الوراثي بصفات النمو في القمح.

الصفة	الجينات الرئيسة	تعدد الاصل الوراثي
الكتلة الحيوية Biomass	– ، – – ، –	اقصى معدل للتمثيل الضوئي، كفاءة الكوانتام، معدل التنفس، ومعدل التنفس الضوئي.
القدرة الانتاجية Yield potential	– ، – – ، – ارتفاع النبات	الحاصل ومكوناته، الاشطاء المثمرة في المتر المربع، عدد حبوب السنبلة، حجم الحبة وارتفاع النبات
التطبع Adaptation	الاستجابة للارتباع الاستجابة للفترة الضوئية –	– – التبكير في التزهير
محددات الحاصل Yield limiting	مقاومة الامراض مقاومة الافات تحمل مبيدات الاعشاب – تحمل البرودة تحمل التأثير الكيميائي (الملوحة والعناصر الاخرى)	المقاومة في عمر متقدم للنبات – – تحمل الجفاف تحمل البرودة –
النوعية Quality	نوعية البروتين كمية البروتين صلابة الحبة مقاومة التزرع	– كمية البروتين – مقاومة التزرع

agri-palm.com

ومن الفوائد الاخرى للتحليل الوراثي انه يعطي مربي النبات رؤيا جديدة لفعل الجين ومدخلا واسعا لتفاصيل جينات القمح (Snape *et al.* 1995 و1996)، ومثلها لمحاصيل الذرة والرز والسورجم والدخن والحشائش العلفية (Moore *et al.* 1995)، مما يمكّن الباحثين من اجراء التضريب بين جميع هذه الانواع من خلال مقارنة مواقع الجينات الكمية، وبالتالي استكشاف بعض الجينات الرئيسة كما حصل في الشعير من حيث استغلال وتوصيف موقع الجين الرئيسي Pbd-H1 وما يقابله في القمح (Laurie *et al.* 1994)، وكذلك جين الارتباع (تحمل البرودة) Vrn1 في القمح والذي يماثل الجين Sh2 في الشعير و Sp1 في الشيلم (Galibo *et al.* 1995 و Laurie *et al.* 1995). على العموم، فالعديد ان لم تكن جميع الصفات قد اظهرت صورا اوخرائط كما هو متوقع لها في اطقم كروموسومات القمح، وعلى سبيل المثال، الجينات التي تتحكم بارتفاع النبات والبروتينات المخزونة في الحبوب وكميتها وموعد التزهير (Worland *et al.* 1984).

استغلال التغاير الوراثي في تطبيع القمح

تتوضح مساهمة التحاليل الوراثية بشكل مباشر في تربية وتحسين القمح من خلال الدراسات المتعلقة بتطبيع القمح في بيئات لها خصوصية جغرافية وبيئية، حيث التحكم بموعد التزهير. وفي الحقيقة، يكون دور التحليل الوراثي هنا فعالا واساسيا لرفع استقرار الحاصل، حيث يساعد في فهم التداخلات الدقيقة لجينات محددة مسؤولة عن موعد التزهير وفي بيئات محددة ايضا. فالتحكم الوراثي بموعد التزهير معقدا، حيث اوضحت تحاليل خطوط التعويض الكروموسومي استخدام كروموسومات المجاميع المتماثلة (الجدول، 2 عن Law *et al.* 1991). فوجود تغاير اليلي واسع بين هذه الجينات هو الذي جعل القمح الطري *Triticum aestivum* المحصول الاكثر تطبعا بين محاصيل الحبوب في العالم.

ان الاهتمام في الوقت الحاضر ينصب في استخدام ثلاثة اطقم منفصلة من الجينات في التحكم الوراثي بتزهير القمح، وهذه الاطقم هي:

1. طقم الجينات المسؤول عن الحساسية للارتباع vernalization وهو الذي يحدد فيما اذا كان القمح ربيعي او شتوي، فتسمى جينات Vrn، وقد عرف في هذا الخصوص خمسة مواقع جينية تمثل الفرق بين الحنطة الربيعية والشتوية، والتي تتحكم بحالة الارتباع. اما المواقع الكروموسومية لأربعة منها فهي Vrn1 (5A) و Vrn3 (5D) و Vrn4(5B) و Vrn7 (7B) (Worland *et al.* 1984 وSnape *et al.* 1995). لذا فان اصناف القمح في اوروبا وبعض مناطق النمو الرئيسة في العالم تمتلك اليلات الموقع الجيني Vrn1 والذي يعطي السيادة في تقليل متطلبات الارتباع، اي بمعنى امكانية نقل اليل عدم الحساسية للارتباع من القمح الربيعي الى الموقع الجيني Vrn1 في القمح الشتوي المزروع في بريطانيا مثلا، وبالتالي تحويل زراعة هذا البلد الى القمح الربيعي دون حدوث مساوئ تذكر على الصفات الاخرى (Snape *et al.* 1995).

2. مجموعة اطقم الجينات الرئيسة التي تتحكم بالاستجابة للفترة الضوئية والتي تقع ضمن مجموعة الكروموسومات المتماثلة الثانية وهي Pbd1 و Pbd2 و Pbd3 على الكروموسومات 2D و 2B و 2A وعلى التوالي (Welsh *et al.* 1973 و Law *et al.* 1978 و Scarth and Law, 1983). وتلعب هذه الجينات دورا مهما ومحددا في عملية تسريع او تأخير موعد التزهير في الربيع بالنسبة للقمح المزروع في الخريف، وبعد حدوث الارتباع في الشتاء. وربما تحمل اغلب الاصناف الاوربية في الوقت الحاضر، والتي تمثل اصنافا غير حساسة لطول النهار؛ الاليلPbd2 والذي تم الحصول عليه من الصنف الياباني Akakomugi (Worland and Sayers, 1996). ويبدو ان هناك اليل بديل لهذا الموقع في صنف القمح Ciano 67 زالمستنبط في المركز العالمي لتحسين

agri-palm.com

الذرة والقمح CIMMYT. ان اليلات Pbd2 غير الحساسة للفترة الضوئية كتلك الموجودة في الصنف Chinese spring تبدو انها اقل تأثيرا (اي غير حساسة للفترة الضوئية) من سابقتها اي اليلات Pbd1 (Worland and Sayers, 1996).

3. المجموعة الثالثة من المواقع الجينية المسخرة لموعد التزهير، هي تلك التي يصطلح عليها جينات التبكير نفسها earliness *per se* او ما يماثل جينات نسبة او كمية التطور Developmental rate genes. فلا تستجيب هذه الجينات بشكل ملموس لأختلاف فترة التعرض للبرد او الفترة الضوئية، ويبدو ان مشاركتها تتم من خلال المجين. وتجدر الاشارة الى ان مثل هذه المجموعات ليست موجودة في القمح فحسب، بل في الشعير. (Laurie *et al.* 1995). ان التحليل الوراثي باستخدام حصر الاشكال المتعددة لطول شظايا الكروموسوم Restricted Fragment Length Polymorphisms (RFLP) يسلط الضوء على مثل هذه المواقع، والجدول (3) يوضح حالة الدقة المتناهية لتحديد مواقع الجينات المسؤولة عن موعد التزهير في القمح والشعير.

الجدول (2): التحليل الوراثي لموعد التزهير في القمح، على اساس تأثيرات الكروموسوم الرئيسة.

المجموعات المتماثلة	مواقع الجينات
المجموعةالاولى	جينات الحساسية للارتباع
المجموعة الثانية	جينات الحساسية للفترة الضوئية والتبكير
المجموعة الثالثة	جينات التبكير
المجموعة الرابعة	–
المجموعة الخامسة	جينات الحساسية للارتباع
المجموعة السادسة	جينات الحساسية للارتباع
المجموعة السابعة	جينات الحساسية للارتباع

اوضحت الدراسات الحديثة بأن لجينات الانظمة الثلاثة المشار اليها تأثيرات المواقع الاليلية على نفس الموقع الجيني Pliotropic لصفات النمو والتطور الاخرى في النبات. مثل هذه المواصفات يهتم بها كثيرا مربي النبات الذين يرومون استنباط اصناف ذات تطبع محدد ودقيق لبيئات محددة. ومن الامثلة، تأثير هذه الجينات في القدرة الانتاجية (يوسف والجنابي، 2001)، ومختلف الاصناف الاوربية التي قدم عنها (Worland and Sayers, 1994) توضيحا مفصلا ولمدى واسع من البيئات الممثلة لمناطق زراعة القمح الرئيسة في اوروبا، وكما يأتي:-

1. ان جين Ppd1 اعطى نباتات اقصر، وبالتالي سلكت سلوك جين تقصير ارتفاع النبات (التقزم).
2. اعطت سنيبلات بعدد اقل في السنبلة، ولكنها زادت من خصوبة السنيبلة.
3. والاكثر من ذلك، ان انخفاض عدد السنيبلات قد حصل في بعض البيئات وليس جميعها.

agri-palm.com

الجدول (3): مواقع الجينات التي تتحكم بموعد التزهير وتحمل الانجماد في القمح والشعير.

المجموعة	الجينوم A	الجينوم B	الجينوم D	الجينوم H
الاولى	–	–	–	Ppd-H2
الثانية	Ppd3	Ppd2	Ppd1	Ppd-H1
		Eps-2BS	Eps-2DS	Eps-2HS
الثالثة	–	–	–	Denso
	–	–	–	Eps-3HL
الرابعة	–	–	–	Sh
	–	–	–	Eps-4HL
الخامسة	Vrn1	–	–	Sh2
	–	–	–	Eps-5HL
	Fr1	–	Fr2 ?	Fr-H1
السادسة	–	–	–	Eps-6HL1
	–	–	–	Eps-7HL2
السابعة	–	Vrn5	–	Eps-7HS
	–	–	–	Eps-7HL

4. في ظروف الصيف الحار الجاف الذي يحدث عادة في جنوب شرق اوروبا، تبّكر التراكيب الوراثية غير الحساسة للفترة الضوئية اكثر قليلا في تزهيرها، وبالتالي يكون وزن الحبة وحجمها اكبر من التراكيب الوراثية الحساسة، وينعكس ذلك ايجابيا على الحاصل.
5. يحصل العكس في البيئات الباردة الرطبة والممثلة لشمال اوروبا، مثل بريطانيا، حيث الحاصل العالي في التراكيب الوراثية التي تحمل اليلات الحساسية للفترة الضوئية والارتباع، حيث تطول فترة النمو الخضري.

يوضح الجدول (4) النسبة المئوية للتغيرات النموذجية في الحاصل بوجود الفرق بينPpd1 و Ppd2، فيتبين زيادة تأثيرات الاليلات الفردية على حالة التطبع الدقيق لأداء الحاصل في مختلف البلدان ولعدة سنوات مختلفة. فعلى سبيل المثال، في بيئة مثل المملكة المتحدة وفي صيف 1992 الدافئ الجاف، كانت الاصناف الحاملة لأليل عدم الحساسية للفترة الضوئية Ppd1 أفضل في حاصلها من تلك التي تحتوي اليلات الحساسية للفترة الضوئية. ان التحدي الكبير الان يتمثل في كيفية ترجمة هذه المعلومات الوراثية الى تطوير اسلوب الانتخاب وادواته، بما يمكّن مربي النبات من الاجتهاد بكفاءة أكبر وكلفة ووقت اقل للوصول الى الاصناف المتفوقة الانتاجية اوالتي تمتلك جينات المقاومة للمسببات المرضية التي يمكن ان تمثل التحدي الحقيقي لأقتصاديات الدول المنتجة.

agri-palm.com

الجدول (4): النسبة المئوية لتغير حاصل القمح بحسب اختلاف التأثيرات الأليلية لجينات الحساسية للفترة الضوئية Ppd1 /Ppd1 في سنوات مختلفة ولمناطق نمو مختلفة.

السنة	مورلي (المملكة المتحدة)	صربيا (نوفي ساد)	المانيا (جيت سليبن)
1986	6.1−	10.1+	−
1987	2.7−	31.7+	−
1988	4.8−	59.6+	−
1989	6.4+	30.4+	25.1+
1990	4.9+	−	7.2−
1991	1.2+	−	12.4+
1992	9.0+	−	28.5+

مساهمة انظمة مضاعفة الاحاديات في تربية القمح

على الرغم من كل الامكانات والتقنيات التي سهلت وطورت وسائل الانتخاب بضوء ما افرزته نتائج التحليل الوراثي وغيرها، الا ان انتاج او استنباط صنف جديد لا زال يتطلب العديد من اجيال التلقيح الذاتي والانتخاب للوصول الى المستوى المطلوب من التماثل الوراثي، وبالتالي الاستقرار الوراثي قبل إطلاق الصنف تجاريا.

ان احدى مساهمات تقنية زراعة الانسجة في مجال تربية القمح هي تطوير انظمة مضاعفة النباتات احادية المجموعة الكروموسومية haploid، بهدف اختصار الوقت والجهد والكلفة فضلا عن زيادة كفاءة الانتخاب. وقد يتسائل البعض عن كيفية زيادة الانتخاب من خلال مجتمعات الاحاديات المضاعفة، والاجابة تنحصر بزيادة نسبة التغاير الوراثي الاضافي عند انتخاب الصفات الكمية وغياب التأثيرات السيادية للجينات الرئيسة، مما يسمح باجراء المقارنة والتمييز بين التراكيب الوراثية ضمن التضريبات وبينها، والحصول بالتالي على أكبر استجابة للانتخاب عبر اجيال التربية (Snape, 1982).

وعليه، لا بد من الاشارة الى ان هذه التقنية الواسعة الانتشار قد تأخرت او اعيقت بسبب فشل تنفيذ التقنية في الحصول على كل المعايير المتوقعة للنجاح، ومنها:

1. وجوب الحصول على انتاجية ثابتة وراسخة للنباتات المضاعفة ولكل التراكيب الوراثية في برنامج التربية.
2. يجب ان تكون النباتات المضاعفة طبيعية وراثيا ومستقرة مظهريا.
3. لابد ان يحتوي توليف مجتمعات النباتات المضاعفة من الاحاديات على كمية كافية من التغاير الوراثي في الاباء (الخفاجي ويوسف، 2000).

تجدر الاشارة الى ان اوسع استخدام لهذه التقنية قد تم من خلال زراعة المتوك، وعلى الرغم من ارتفاع التكاليف وقلة الانتاج ومحدودية التطبيق. وفي الاونة الاخيرة، استخدمت تقنية التهجينات المتباعدة بين الاجناس بضوء ما قدمه Laurie and Bennett (1988) من استخدام لحبوب لقاح الذرة الصفراء في تهجين القمح، بعد ان أصبح بالامكان تحوير تقنيات التلقيح والسماح لأكبر قدر ممكن من عمليات ازالة المتوك (الاخصاء) emasculation وزيادة تكرار الاخصاب.

agri-palm.com

كما يوصى بوجوب الاهتمام بالمصادر الوراثية النباتية التي حفظتها الطبيعة لنا حتى اليوم، بل وتسخيرها الان وفي المستقبل وبتوافر التقانات الحديثة لخدمة البشرية، وان ما يستحيل او يصعب تحقيقه اليوم لابد ان يجد العقل الانساني النير الطريق الرحب في الوصول الى الحلول التي منشأنها ان تخدم الانسان والطبيعة معاً.

المصادر:

1. الخفاجي، حميد چلوب وضياء بطرس. 2000. اتجاهات جديدة في تربية النبات. مركز عبادي للدراسات والنشر، صنعاء/ اليمن 553 صفحة.
2. يوسف، ضياء بطرس وخزعل خضير عباس. 2001. الاختلاف الوراثي وتبادل المواد الوراثية ودورهما في تحسين محاصيل الحبوب وكسر محددات الطاقة الانتاجية. الزراعة والتنمية في الوطن العربي 20(2)16- 30.
3. Divos, K.M.; and M.D. Gale. 1993. The genetic maps of wheat and their potential in plant breeding. Outlook in Agriculture 22: 93-99.
4. Galiba, G.; S.A. Quarrie; J. Sutka; A. Morgounov; and J.W. Snape. 1995. RFLP mapping of the vernalization (Vrn1) and frost resistance (Fr1) genes on chromosome 5A of wheat. Theor. Appl. Genet. 90:1174-1179.
5. Hyne, V; M.J. Kearsey; O. Martinez; W. Gang; and J.W. Snape. 1994. A partial genome assay for quantitative trait loci in wheat (*Triticum aestivum*) using different analytical techniques. Theor. Appl. Genet. 89:735-741.
6. Klienhofs, A.; A. Kilian; M.A. Saghai Maroof; R.M. Biyashev; P. Hayes; F.Q. Chen; N. Lapitan; A. Fenwick; T.K. Blake; V. Kanazin; E. Ananicv; L. Dahleen; D. Kudrna; J. Bollinger; S.J. Knapp; B. Liu; M. Sorrells; M. Heun; J.D. Franckowiak; D. Hoffman; R. Skadsen; and B.J. Steffenson. 1993. A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordium vulgare*) genome. Theor. Appl. Genet. 86:705-712.
7. Laurie, D.A.; and M.D. Bennett. 1988. the production of haploid wheat plants from wheat maize crosses. Theor. Appl. Genet. 70:100-105.
8. Laurie, D.A.; N. Pratchett; J.H. Bezant; and J.W. Snape. 1994. Genetic analysis of a photoperiod response gene on the short arm of chromosome 2(2H) of *Hordium vulgare* (Barley). Heredity 72:619-627.
9. Laurie, D.A.; N. Pratchett; J.H. Bezant; and J.W. Snape. 1995. RFLP mapping of 13 genes controlling flowering time in a winter x spring barley (*Hordium vulgare*) cross. Genome 38:575-585.
10. Law, C.N.; J. Sutka; and A.J. Worland. 1978. A genetic study of day-length response in wheat. Heredity 41:185-191.
11. Law, C.N.; J.W. Snape; and A.J. Worland. 1987. An euploidy in wheat and its use in genetic analysis. In F.G.H. Lupton (ed.), wheat breeding: Its scientific basis. Chapman and Hall, London, PP. 71-108.
12. Law, C.N.; J.W. Snape; and A.J. Worland. 1981. Intraspecific chromosome manipulation. Phil. Trans R. Soc. London, B. 292:509-518.
13. Law, C.N.; C. Dean; and G. Coupland. 1991. Genes controlling flowering and strategies for their isolation and characterization. In The Molecular Biology of Flowering. Ed. Brian Jordan Pub., CAB International.
14. Moore, G.; K.M. Devos; Z. Wang; and M.D. Gale. 1995. Grasses, line up and form a circle. Current Biology 5:737-739.
15. Scarth, R.; and C.N. Law. 1983. The location of the photoperiodic gene, Ppd2, and an additional factor for ear-emergence time on chromosome 2B of wheat. Heredity 51:607-619.

agri-pedia.com

16. Snape, J.W.1982.The use of doubled haploids in plant breeding. In Induced variability in plant breeding. Int. Symp. Of the Section Mutation and Polyploidy of Eucarpia, Wageningen, 1981. Center for Agric. Publ. and Documentation.
17. Snape, J.W.; C.N. Law; B.B. Parker; and A. J. Worland. 1985. Genetic analysis of chromosome 5A of wheat and its influence on important agronomic characters. Theor. Appl. Genet. 71:518-526.
18. Snape, J.W. 1989. Doubled haploid breeding: Theoretical basis and practical applications. In: Review of advances in Plant Biotechnology 1985-1988: 2nd Int. Symp. on Genetic Manipulation in crops, Eds. A. Mujeeb-Kazi, and L.A. Sitch. CIMMYT, Mexico, and IRRI, Manila, Philippine, P 19-30.
19. Snape, J.W.; B.B. Parker; W. Friedt; and B. Foroughi-Wehr. 1986. Criteria for the section and use of doubled haploid systems in cereal breeding programmes. In: Genetic manipulation in plant breeding, Eds. Horn, Jensen, Odenbach, Schieder. Walter de Grutyer and W, Berlin, New York, PP. 217-229.
20. Snape, J.W.; V. Hyne; and K. Aitken. 1994. Targeting genes in wheat using marker mediated-approaches. In: Z.S. Li and Z.Y. Xin (eds). Proc. 8th Int. Wheat Genet. Symp., Beijing, China, 1993. China Agric. Scientch Press, PP 749-759.
21. Snape, J.W.; S.A. Quarrie; and D.A. Laurie. 1995. Comparative QTL mapping and its application in cereal breeding. In: Eds Proc. FAO/IAEA Int. Symp. on the use of induced mutation and molecular techniques for crop improvement. IAEA, Vienna, PP 39-49.
22. Snape, J.W.; S.A. Quarrie; and D.A. Laurie. 1996. Comparative mapping and its use for the genetic analysis of agronomic characters in wheat. Euphytica 89:
23. Welsh, J.R.; D.L. Keim; B. Pirasteh; and R.D. Richards. 1973. Genetic control of photoperiod response in wheat. In: E. Sears and L. sears (eds). Proc. 4th Int. wheat Genet. Symp., Univ. of Missouri, Columbia, Missouri, PP 879-884.
24. Worland, A.J.; C.N. Law; and M.D. Gale. 1984. Wheat Genetics. In: Wheat breeding: Its scientific basis. F.G.H. Lupton (ed). Chapman and Hall, London, PP 129-172.
25. Worland, A.J.; and E. Sayers. 1996. The influence of flowering time genes on environmental adaptability in European wheats. Euphytica 89:49-57.

agri-palm.com