Name of Candidate: Khaled Ibrahem Mohamed Gad
Degree: Ph.D.
Title of Thesis: Genetic Studies on Earliness in Wheat.
Supervisors: Dr. Hashem Ahmed Al-Said Hussein
Dr. Ebtissam Hussein Aly Hussein
Dr. Ahmed Medhat Mohamed Al-Naggar
Dr. Sami Reda Saber Sabry
Department: Genetics **Approval:** **16 / 5 /2010**

ABSTRACT

This work was carried out at the experimental field of ARC in Giza during 2004/2005 through 2006/2007 seasons and the Molecular Genetics and Genome Mapping Laboratory (MGGM) at AGERI, ARC, Giza, Egypt. The main objectives were to determine intra- and inter-allelic gene interactions controlling the inheritance of earliness and yield traits, to assess the genetic variability among six wheat genotypes and to identify RAPD markers associated with earliness in bread wheat. Six populations (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 and BC_2) of each of four crosses between late and early maturing parents were produced and field evaluated in RCB design with 3 replicates. Significant and positive gene effects due to additive (a) and dominance (d) type of gene action occurred in 61.15 % of cases. Additive was larger than dominance effect in 38.9 % of cases and the opposite was true in 47.2 % of cases. Significant digenetic epistatic gene effects were exhibited in 78.7 % of cases for all 3 types of epistasis (aa, ad and dd), indicating that epistatic gene effects were generally important in the inheritance of the studied earliness and yield traits. Narrow- sense heritability was the highest (90.0 %) for grain filling rate, medium (52.63 %) for grain yield/plant and the lowest (17.77 %) for grain filling period. The genetic variability and relationship among six wheat genotypes that differ in earliness trait, were investigated using 11 RAPD primers. The number of polymorphic amplicons was 41 out of a total of 91 amplicons, thus revealing a level of 45.05 % polymorphism. The genetic relationships among the 6 wheat genotypes was examined using the Dice coefficient and a dendrogram was constructed according to the UPGMA analysis. Four out of the six wheat genotypes were characterized by 23 positive and/ or negative RAPD markers. Bulked segregant analysis (BSA) was used to rapidly identify markers associated to earliness. Out of 10 primers, only 2 primers revealed two positive and two negative markers associated with earliness trait. Further studies are required to confirm the linkage between these RAPD markers and earliness.

Key words: Wheat, earliness, six populations, generation mean analysis, inter-allelic interactions, RAPD, bulked segregant analysis.

اسم الطالـــــب : خالد ابراهيم محمد جاد **الدرجة:** دكتوراه الفلسفة
عنوان الرسالة: دراسات وراثية على التبكير في القمح
المشرفـــــون : **الدكتور:** هاشم احمد السيد حسين
الدكتور : ابتسام حسين على حسين
الدكتور : احمد مدحت محمد النجار
الدكتور : سامى رضا صابر صبرى
قسم: الوراثة **تاريخ منح الدرجة:** ١٦/ ٥ / ٢٠١٠

المستخلص العربي

أجريت هذه الدر اسه في حقل التجارب لقسم بحوث القمح التابع لمعهد بحوث المحاصيل الحقلية بمركز البحوث الزراعية بالجيزة في المواسم من ٢٠٠٤/٢٠٠٥ حتى ٢٠٠٦/٢٠٠٧ وفى معمل الوراثة الجزيئية والخرائط الوراثية بمعهد بحوث الهندسة الوراثية الزراعية ، مركز البحوث الزراعية بالجيزة ، مصر. كانت الأهداف الرئيسية هي تقدير تفاعلات أليلات الجين الواحد و أليلات الجينات المختلفة التي تتحكم في وراثة صفات التبكير والمحصول في قمح الخبز ودراسة التباين الوراثي بين ستة تراكيب وراثية من القمح وتحديد واسمات جزيئيه مصاحبة للتبكير في النضج باستخدام تقنية RAPD . تم تكوين ستة عشائر (الأب الأول P_1 ،الأب الثاني P_2 وهجين الـ F_1 وهجين الـ F_2 والهجين الرجعى للأب الأول BC_1 وللأب الثاني BC_2) من كل من أربعة هجن (سنفال X سدس ٤ ، سنڤال X سلاله ١٢٦ ، جميزة ٩ X سدس ٤ وجميزه ٩ X سلاله ١٢٦) ثم تقييمها بالحقل باستخدام تصميم القطاعات الكاملة العشوائية فى ثلاث مكررات. أظهرت النتائج حدوث تأثيرات جينية معنوية وموجبة يمكن ارجاعها لنوعى فعل الجين المضيف والسيادة وذلك في ٦١.١ % من الحالات، مما يدل علي التأثير المحفز لهذين النوعين من فعل الجين . كان التأثير المضيف اكبر من تأثير السيادة في ٣٨.٩% من الحالات وكان تأثير السيادة اكبر من المضيف في ٤٧.٢ % من الحالات . ظهرت تأثيرات جينات التفاعل الثنائي المعنوية في ٧٨.٧% من الحالات لكل الطرز الثلاثة من التفاعل epistasis (مضيف X مضيف ، مضيف X سيادة وسيادة X سيادة) مما يدل على أن تأثيرات الجينات التفاعلية كانت بصفه عامه هامة في وراثة صفات التبكير والمحصول في القمح . كفاءة التوريث بالمعني الخاص كانت اعلي ما يمكن (٩٠.٠ %) لمعدل امتلاء الحبوب ، ومتوسطة(٥٢.٦٣ %) لمحصول حبوب النبات واقل ما يمكن (١٧.٧٧%) لفترة امتلاء الحبوب. تم دراسة التباين الوراثي و علاقة القرابة بين ستة تراكيب وراثية من القمح متباينة بالنسبة لموعد النضج وذلك باستخدام ١١ بادئ عشوائي من نوع الـ RAPD. حيث أنتجت ٩١ شظية من الدنا منها ٤١ شظية أظهرت تباين على مستوى الدنا و كانت نسبة التباين ٤٥.٠٥%. وتم دراسة علاقات القرابة ما بين الستة تراكيب وراثية باستخدام معامل Dice ورسم الدندروجرام الذي يوضح درجات القرابة وذلك باستخدام تحليل UPGMA. كما امكن تمييز أربعة تراكيب وراثية من الستة تراكيب تحت الدراسة بواسطة ٢٣ واسم موجب و /أو سالب من نوع الـ RAPD . وتم استخدام تحليل الفئات الانعزالية المجمعة BSA (Bulked segregant analysis) كوسيلة سريعة للتعرف على واسمات جزيئية متعلقة بصفة التبكير ومن بين عشرة بادئات من نوع الـ RAPD أظهر بادئان عدد ٢ واسم موجب و عدد ٢ واسم سالب كانت لها علاقة بصفة التبكير. ولكن يلزم إجراء دراسات إضافية لتأكيد ارتباط هذه الواسمات بصفة التبكير.

الكلمات الداله: القمح ، التبكير، العشائر الستة، تحليل متوسطات الأجيال، تفاعل اليلات الجينات، تحليل

الإنعزالات المجمعة، التباين العشوائي للـ دنا.

CONTENTS

	Page
INTRODUCTION	**1**
REVIEW OF ITERATURE	**5**
1. Inheritance of earliness in wheat	**5**
2. Genetic relationships based on RAPD analysis	**15**
3. Bulked segregant analysis	**24**
MATERIALS AND METHODS	**30**
Plant materials	**30**
Methods	**30**
1. Field experiment	**30**
2. Molecular marker analyses	**38**
a. Detection of polymorphism	**40**
b. Bulked segregant analysis (BSA)	**42**
RESULTS AND DISCUSSION	**44**
1. Field experiment (Genetic analysis of earliness and yield traits)	**44**
a. Analysis of variance	**44**
b. Generation means	**47**
c. Heterosis and inbreeding depression	**51**
d. Gene effects	**55**
e. Heritability and genetic advance	**63**
2. Molecular marker analyses	**66**
a. RAPD analysis for six wheat genotypes	**66**
1. Genetic diversity among wheat genotypes	**66**
2. Genetic identification by unique RAPD markers	**71**
3. Genetic relationships among the wheat genotypes	**73**
4. Cluster analysis as revealed by RAPD	**75**
b. Bulked segregant analysis	**77**
SUMMARY	**82**
REFERENCES	**91**
ARABIC SUMMARY	