

نحوه توارث برخی صفات مرتبط با عملکرد در گندم نان از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها

## Inheritance of some Traits Associated with Yield in Bread Wheat Using Generation Mean Analysis

مریم فروزانفر<sup>۱</sup>، محمدرضا بی‌همتا<sup>۲</sup>، سیدعلی پیغمبری<sup>۲</sup> و حسن زینالی<sup>۲</sup>

۱- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج.

۲- به ترتیب استاد، دانشیار و دانشیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج.

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۲/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۲/۱۷

### چکیده

فروزانفر، م.، بی‌همتا، م.ر.، پیغمبری، س.ع.، و زینالی، ح. ۱۳۸۸. نحوه توارث برخی صفات مرتبط با عملکرد در گندم نان از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها. مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۲۵: ۴۳۱-۴۱۹.

به منظور مطالعه ژنتیکی صفات مرتبط با عملکرد در گندم نان، رقم حساس گاسپارد با دو رقم مقاوم به خشکی BCW و سرداری تلاقی داده شد و نتایج  $F_1$ ،  $F_2$ ،  $BC_1$  و  $BC_2$  همرا با والدین در دو شرایط عادی و تنش رطوبتی در طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شدند. صفاتی مانند زمان گلدهی، رسیدگی، وزن بوته، تعداد سنبله بارور، طول پداتکل، وزن هزاردانه و شاخص برداشت یادداشت برداری شدند. نتایج حاصل از تجزیه واریانس وزنی نشان داد که میانگین مربعات نسل‌ها برای تمامی صفات معنی‌دار است بنابراین تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از آزمون مقیاس مشترک که همزمان تمام نسل‌ها را مورد آزمون قرار می‌دهد، برای تک تک صفات انجام شد. در توارث کلیه صفات، علاوه بر اثر افزایشی و غالبیت، اثر اپیستازی نیز نقش داشتند. متوسط توارث‌پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی بین ۰/۴۴ تا ۰/۸۹ متغیر بود و تعداد ژن برای صفات مذکور بین ۱ تا ۳ عدد برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تجزیه میانگین نسل‌ها، اثر ژن، صفات کمی.

## مقدمه

امروزه گندم غذای اصلی مردم بسیاری از کشورها است به طوری که بیش از ۲۰٪ کالری مورد نیاز جمعیت جهان را تامین می‌کند (Bushuk and Rasper, 1994)؛ (Anonymous, 2001). هرچند افزایش عملکرد دانه مهم‌ترین هدف به‌نژادگران در برنامه اصلاحی است، اما از آن‌جا که عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای بوده، اجزای کمی بسیاری را در بر می‌گیرد و دارای توارث پلی‌ژنتیک است، مطالعه آن مشکل است. با توجه به این موضوع به‌نژادگران غالباً از اجزای عملکرد برای بهبود آن استفاده می‌کنند. معمولاً این اجزاء در عمل به صورت جبرانی عمل می‌کنند و افزایش یکی کاهش دیگری را در بردارد (Vaezi et al., 2000)

صدرآبادی حقیقی و همکاران (Sadrabadi Haghghi et al., 2000)، سلطانلو (Soultanloo, 2001)، واعظی و همکاران (Vaezi et al., 2000) و هالور و میراندا (Hallauer and Miranda, 1985) مرور جامعی را روی روش‌های ارزیابی اجزای واریانس ژنتیکی ارائه داده‌اند. در تمامی این روش‌ها بر اساس شباهت بین والدین و نتاج سایر خویشاوندان امکان شناسایی اجزاء واریانس ژنتیکی بوجود می‌آید. از جمله این روش‌ها می‌توان به روش تجزیه دو والدی، رگرسون نتاج-والدین، تلاقی دی‌آلل، طرح‌های I، II و III کامستانک و رابینسون، تلاقی سه جانبه و

تجزیه لاین × تستر اشاره کرد تجزیه میانگین نسل‌ها اجازه می‌دهد که اثر افزایشی، غالبیت و اپیستازی به دست آید. در این زمینه آزمون مقیاس وزنی قوی‌ترین آزمون است (Edwards et al., 1976). گامبل و بورک (Gamble and Burke, 1984) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک، صفات زراعی از قبیل ظهور سنبله، ارتفاع بوته، شاخص برداشت، عملکرد دانه، طول دانه و تعداد دانه در سنبله را در گیاه گندم مطالعه کردند و نتیجه گرفتند که عمل اپیستازی ژن نیز در توارث این صفات دخالت دارد. همچنین مشخص شد که آزمون مقیاس مشترک بهتر از هر آزمون دیگری می‌تواند عمل اپیستازی ژن را نشان دهد (Chaudhary et al., 1996). سانگ و چو (Sung and Chiu, 1995) با استفاده از مدل شش پارامتری پی بردند که عمل اپیستازی ژن در توارث وزن دانه نقش دارد. پانهانک و شارما (Panhan and Sharma, 1983) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و مدل‌های پنج و شش پارامتری هیمن، ماهیت عمل ژن را برای عملکرد و اجزای آن در گندم مطالعه و نتیجه گرفتند عمل اپیستازی ژن در کنترل همه صفات مورد مطالعه نقش دارند. احمدی و همکاران (Ahmadi et al., 2007) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک صفات زراعی از قبیل عملکرد دانه، ارتفاع بوته، وزن بوته، طول سنبله و وزن هزار دانه را در گیاه گندم مطالعه و نتیجه گرفتند که اثر غالبیت

حاصل از تلاقی‌های BCW×گاسپارد و سرداری×گاسپارد بود. گاسپارد یک رقم گندم حساس به خشکی و لاین BCW و رقم سرداری متحمل به خشکی هستند. پس از تهیه بذرها حاصل از تلاقی‌ها، در سال زراعی ۸۶-۱۳۸۵ بذر والدین به همراه نسل‌های حاصل از آن‌ها در دو شرایط تنش رطوبتی و عادی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی کاشته شدند. این طرح شامل شش تیمار و سه تکرار برای هر تلاقی بود.

بذر والدین هر کدام روی سه خط، F1 ها روی یک خط، تلاقی‌های برگشتی و نسل F2 هر کدام روی چهار خط کاشته شدند. ژنوتیپ‌ها در داخل هر تکرار بر روی خطوط سه متری با فواصل ۵۰ سانتی‌متر و بوته‌ها بر روی خطوط به فواصل ۱۰ سانتی‌متر کاشته شدند. بعد از کاشت، هر دو آزمایش تا مرحله سنبله رفتن آبیاری شدند ولی پس از آن تیمارهای مربوط به تنش رطوبتی، تا زمان برداشت آبیاری نشدند. صفات زمان گلدهی، زمان گلدهی، زمان رسیدگی، وزن بوته، تعداد ساقه، تعداد سنبله بارور، تعداد سنبله نابارور، تعداد پنجه، ارتفاع ساقه، تعداد دانه در سنبله اصلی، ارتفاع سنبله، وزن سنبله، طول پدانکل، وزن پدانکل، وزن هزار دانه (عملکرد)، وزن دانه در هر سنبله، وزن کاه و کلش هر سنبله و شاخص برداشت در تمام بوته‌ها اندازه‌گیری شد.

شاخص برداشت از نسبت وزن دانه بر وزن

مهم‌ترین عامل در وراثت‌پذیری اکثر صفات بود. سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 1998) با تجزیه میانگین نسل‌ها از طریق مدل شش پارامتری وراثت صفاتی مثل دانه در سنبله، وزن دانه و تعداد دانه در سنبله را مورد ارزیابی قرار دادند. در بیشتر تلاقی‌ها آثار افزایشی و افزایشی×افزایشی معنی‌دار شدند. آثار غالبیت و غالبیت×غالبیت اهمیت زیادی داشتند و در ۳۳٪ از تلاقی‌ها مشاهده شدند، اما به دلیل وجود آثار ایستازی مضاعف غیر قابل بهره‌برداری بودند. در یک بررسی در مورد جو توارث‌پذیری عمومی صفات عملکرد بوته، تعداد سنبله در گیاه، تعداد دانه در سنبله بین ۰/۷۸ تا ۰/۸۸ متغیر بود (Larik *et al.*, 1987). فرشادفر (Farshadfar, 1998, 1999) معتقد است که غالبیت ژن‌ها در کنترل عملکرد و اجزاء عملکرد نقش مهم‌تری نسبت به اثر افزایشی ژن‌ها دارند. شناخت و استفاده از نحوه عمل ژن در یک برنامه به‌نژادی مهم است چرا که شناخت مکانیزم‌ها موجب افزایش دقت در گزینش و صرفه‌جویی در هزینه و زمان می‌شود. این بررسی برای افزایش دقت گزینش، برآورد تعداد ژن‌های کنترل‌کننده صفات، وراثت‌پذیری و خصوصی و درجه غالبیت در گندم نان انجام شد.

#### مواد و روش‌ها

مواد گیاهی که در این آزمایش استفاده شد شامل نسل‌های مختلف F1، F2، BC1 و BC2

استفاده از آزمون کای اسکوئر با چهار، سه، دو و یک درجه آزادی (آزمون مقیاس وزنی) مورد مقایسه قرار گرفتند (Ghannadha, 2000)؛ (Mather and Jinks, 1982). مقادیر توارث پذیری عمومی و خصوصی و درجه غالبیت و کمترین تعداد ژن‌های کنترل کننده صفات به وسیله روش‌های مختلف شامل روش کاسل، مدر-جینکز و رایت برآورد شدند (Farshadfar, 1999؛ Ghannadha, 2000)؛ (Mather and Jinks, 1982).

### نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس وزنی نشان داد که تفاوت معنی داری بین نسل‌های مورد بررسی برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱٪ وجود دارد. چنین نتیجه‌ای برای مقایسه و تفسیر صفات توسط چادهاری و همکاران (Chaudhary et al., 1996) به دست آمده و توصیه شده است برای تسهیل در تفسیر نتایج تجزیه میانگین نسل‌ها، تجزیه واریانس نسل‌ها انجام شد. برآورد اثر ژن همراه با آزمون مقیاس وزنی و کای اسکوئر در جدول ۱ آمده است. به دلیل معنی دار شدن کای اسکوئر برای مدل سه پارامتری در اکثر صفات مشخص شد که مدل افزایشی و غالبیت (m، [d] و [h]) برای صفات مورد نظر مناسب نبوده و آثار متقابل غیر اللی یا آثار اپیستازی وجود دارد. نتایج مشابهی توسط پانهانک و همکاران (Pankank et al., 1983) در مطالعاتشان روی عملکرد و اجزای عملکرد

سنبله محاسبه شد. پس از جمع‌آوری داده‌ها چون تعداد نمونه‌های مورد ارزیابی برای نسل‌های مورد نظر متفاوت بود، تجزیه واریانس وزنی برای صفات اندازه‌گیری شده انجام شد تا وجود اختلافات بین نسل‌های مختلف آزمون شود. با استفاده از عکس واریانس درون هر نسل برای تجزیه میانگین نسل‌ها استفاده شد (Mather, 1985). مدل مورد استفاده برای تجزیه میانگین نسل‌ها به قرار زیر بود:

$$Y = m + ad + \beta h + \alpha^2 i + 2\alpha\beta j + \beta^2 l$$

در این فرمول Y میانگین یک نسل، m میانگین همه نسل‌ها در یک تلاقی، [d] مجموع اثر افزایشی، [h] مجموع اثر غالبیت، [i] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی، [j] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی و غالبیت، [l] مجموع اثر متقابل بین آثار غالبیت،  $\alpha$ ،  $\beta$ ،  $\alpha^2$  و  $2\alpha\beta$  حاصل ضرب‌های پارامترهای ژنتیکی هستند. ضرایب اجزاء ژنتیکی از روش متر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) گرفته شد. روش استاندارد شامل تخمین آثار ژنی به وسیله مقایسه میانگین نسل‌های مشاهده شده با میانگین‌های مورد انتظار (که از شش پارامتر فوق برآورد شده‌اند) انجام شد (Mather and Jinks, 1982؛ Vaezi et al., 2000) برآوردهای شش پارامتری یا کمتر با استفاده از حداقل مربعات وزنی به دست آمد. در این مطالعه هر شش نسل با دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتر آزمون و بهترین مدل انتخاب شد. تمام مدل‌ها به وسیله آزمون نیکویی برازش با

بالا تری است اتفاق افتاده است و از منفی بودن این نسبت ( $-1 < h/d < 0$ ) می توان نتیجه گرفت که غالبیت نسبی به طرف والدی اتفاق افتاده که دارای میانگین کوچک تری برای صفت مورد بررسی است. بیشترین مقدار توارث پذیری عمومی در هر دو تلاقی برای صفات زمان گلدهی و رسیدگی، تعداد ساقه، تعداد سنبله نابارور، تعداد پنجه، ارتفاع ساقه، ارتفاع خوشه و طول پدانکل مشاهده شده که به ترتیب برابر با ۰/۸۴، ۰/۸۳، ۰/۶۹، ۰/۹۲، ۰/۶۷، ۰/۹۹ و ۰/۶۹ بود (جدول ۱) و برای بقیه صفات مقادیر متوسطی داشت توارث پذیری خصوصی مقادیر متفاوتی داشت که بیشترین آن برای زمان رسیدگی (برابر ۰/۸۴) به دست آمد و برای دیگر صفات مقادیر متوسط و پایینی برآورد شد (جدول ۱). که این نتایج با نتایج کلارک (Clarke et al., 1984) مطابقت داشت. با توجه به جدول ۱ برای صفت زمان گلدهی در تلاقی دوم اثر متقابل افزایشی  $\times$  غالبیت [J]، معنی دار نشد که این امر ممکن است به علت خنثی کردن آثار مثبت و منفی در مکان های ژنی متفاوت باشد. این نوع اثر اپیستازی نمی تواند به وسیله انتخاب (خصوصاً در نسل های اولیه در حال تفرق) تثبیت شود. اصولاً با توجه به آثار اپیستازی و همچنین ناکافی بودن مدل افزایشی - غالبیت می توان بیان کرد که هر چه عوامل ژنتیکی کنترل کننده صفات، افزایش می یابند آثار متقابل بین آنها نیز افزایش می یابد (Hayman, 1958; Ghannadha, 2000).

گندم نشان دادند عمل اپیستازی ژن در کنترل این صفات نقش دارد. سینگ و همکاران (Singh et al., 1998)، یاداو و همکاران (Yadava et al., 1998)، فرشادفر (Farshadfar, 1998) و متر و جینگز (Mather and Jinks, 1982) پیشنهاد کردند که برداشتن اجزاء غیر معنی دار از مدل شش پارامتری و سپس برآزش بقیه اجزاء به عنوان مدل، منجر به برآزش مناسب تری می شود. باید توجه کرد که در مدل های کاهش یافته نسبت به مدل شش پارامتری، خطای استاندارد تمام اجزاء کمتر از خطای استاندارد مدل شش پارامتری بود و در ضمن کای اسکوئر آن معنی دار نشد (جدول ۱) که این امر نشان دهنده افزایش دقت مدل است. درجه غالبیت، مقادیر وارث پذیری عمومی و خصوصی و میانگین مقادیر کمترین تعداد ژن کنترل کننده صفات مورد بررسی (Lande, 1981) نیز برآورد شد که نتایج در جدول ۲ آمده است. از جمله اشکالاتی که در توجیه نتایج تجزیه میانگین نسل ها وجود دارد این است که پارامترهایی که آثار ژن را مشخص می کنند در حقیقت آثار متعادل همه مکان های ژنی در حال تفرق هستند و اثر ژن ها در جهت های مختلف ممکن است باعث شود اثر مربوطه کمتر از مقدار حقیقی برآورد شود. با توجه به مقادیر به دست آمده درجه غالبیت، مثبت بودن درجه غالبیت ( $0 < h/d < +1$ ) بدین مفهوم است که غالبیت نسبی برای صفت مورد بررسی به طرف والدی که دارای میانگین

جدول ۱- میانگین اجزاء ژنتیکی صفات مختلف ژنوتیپ ها در دو تلاقی گندم در شرایط تنش خشکی

Table 1. Means of genetic parameters for different traits of genotypes in two crosses of wheat in drought stress condition

Traits		Cross	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]	X <sup>2</sup>
Flowering	گلدهی	1	179±0.19**	1.98±0.19**	-8.3±0.90**	-	-1.62±0.67**	1.68±1.30**	3.87
		2	175±0.48**	1.48±0.15**	2.52±0.85**	3.82±0.49**	1.35±0.59*	-	2.52
Maturity	رسیدگی	1	197±1.87**	3.91±0.25**	30.86±5.02**	11.86±1.86**	-14.91±3.71**	-	0.86
		2	235±2.46**	-0.35±0.79	-46.02±6.76**	-23.41±2.35**	-	6.60±4.48**	0.79
Plant weight	وزن بوته	1	2.99±6.10	-13.32±2.76**	56.961±1.03**	38.39±6.05**	-	-	1.94
		2	42.96±1.69**	0.54±1.67	23.69±4.09**	-	-	-	7.09
Number of stems	تعداد ساقه	1	16.76±0.62**	-0.05±0.63	-18.61±2.84**	-	-5.61±0.95**	19.4±4.02**	6.08
		2	24.14±0.59**	3.59±0.65**	-	-3.83±0.92**	-	-	10.07
Number of fertile spikes	تعداد سنبله بارور	1	6.33±1.62**	-0.01±0.59	8.29±2.82**	9.03±1.63**	-6.66±1.89**	-	2.90
		2	18.61±0.63**	3.08±0.62**	4.31±1.44*	-	-	-	9.16
Number of non-fertile spikes	تعداد سنبله نا بارور	1	2.52±0.44**	-0.21±0.08*	-4.36±1.09**	-1.42±0.42**	-	2.61±0.82**	4.98
		2	-	-	-	-	-	-	-
Number of tillers	تعداد پنجه	1	15.76±0.63**	-0.05±0.63	-18.61±2.84**	-	-5.61±1.95**	19.4±4.02**	6.08
		2	-	-	-	-	-	-	-
Plant height	ارتفاع ساقه	1	59.99±0.72**	-13.01±0.73**	38.67±3.34**	-	8.25±2.74**	29.22±4.45	1.75
		2	94.61±2.06**	12.48±0.78**	-26.70±3.33**	-27.54±2.19**	13.34±3.99**	-	0.72
Number of grains per spike	تعداد دانه سنبله	1	60.69±0.43**	-3.63±0.86**	-	-	-	-	7.78
		2	46.71±0.54**	-40.70±0.85**	-	-	-	-	8.31
Height spike	ارتفاع سنبله	1	7.09±0.48**	-1.09±0.09**	8.87±1.27**	3.89±0.47**	-	-4.22±0.94**	0.28
		2	11.76±0.09**	1.63±0.10**	-	-	-	-	11.92

Table 1. Continued

Traits		Cross	m	[ d ]	[ h ]	[ i ]	[ j ]	[ l ]	X <sup>2</sup>
Spike weight	وزن سنبله	1	1.52±0.16**	-0.38±0.05**	2.09±0.28**	1.56±0.17**	-	-	3.75
		2	2.28±0.04**	-0.20±0.04**	0.54±0.09**	-	-	-	3.57
Peduncle length	طول پدانکل	1	22.29±1.36**	-4.42±0.27**	13.01±2.42**	2.97±1.34**	-	-	8.46
		2	31.35±0.68**	4.10±0.73**	2.3±61.43*	-	13.25±2.27**	-	4.99
Peduncle weight	وزن پدانکل	1	0.29±0.03**	-0.05±0.01**	0.38±0.06**	0.26±0.04**	-	-	9.19
		2	0.51±0.01**	-0.04±0.01**	0.09±0.02**	-	-	-	9.46
1000 seed weight	وزن هزاردانه	1	16.23±1.12**	-2.25±0.31**	21.84±1.99**	0.26±0.04**	-	-	1.11
		2	18.15±2.59**	-3.39±0.48**	45.15±6.99**	16.05±2.55**	7.25±2.24**	-35.69±4.59**	-
Seed weight seed of the main tiller	وزن دانه سنبله اصلی	1	1.12±0.10**	-0.25±0.04**	1.08±0.19**	0.89±0.11**	-	-	1
		2	0.59±0.26*	-0.28±0.04**	2.69±0.74**	0.97±0.26**	-	-1.86±0.49**	2
Dry weight of the main tiller	وزن کاه و کلش سنبله اصلی	1	0.33±0.18*	-0.14±0.05**	1.13±0.32**	0.75±0.18**	-	-	1
		2	0.70±0.03**	0.09±0.03*	0.65±0.09**	-	-	-	2
Harvest index	شاخص برداشت	1	0.67±0.01**	0.002±0.02	-0.01±0.03	-	-	-	1
		2	0.69±0.01**	-0.06±0.01**	-0.14±0.02**	-	-	-	2

\* and \*\*: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

\* و \*\*: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

1: BCW×Gusspard 2: Sardari×Gusspard

تلاقی ۱: BCW X گاسپارد تلاقی ۲: سرداری X گاسپارد

**m**: میانگین همه نسل ها در یک تلاقی؛ **[d]**: مجموع اثرهای افزایشی؛ **[h]**: مجموع اثرهای غالبیت؛ **[i]**: مجموع اثر متقابل بین اثرهای افزایشی؛ **[j]**: مجموع اثر متقابل بین اثرهای افزایشی و غالبیت؛ **[l]**: مجموع اثر متقابل بین اثرهای غالبیت

جدول ۲- برآورد وراثت‌پذیری، درجه غالبیت و حداقل ژن‌های کنترل‌کننده در دو تلاقی گندم و در شرایط تنش

Table 2. Evaluation of heritability, dominance degree and least controller genes in two crosses of wheat in stress conditions

Trait	صفت	تلاقی Cross	وراثت پذیری عمومی General heritability	وراثت پذیری خصوصی Specific heritability	درجه غالبیت Dominance degree	تعداد ژن Number of genes
Flowering	گلدهی	1	0.54	0.45	3.28	2
		2	0.84	0.71	-0.92	1
Maturity	رسیدگی	1	0.48	0.15	1.08	1
		2	0.83	0.84	-2.56	1
Plant weight	وزن بوته	1	0.47	0.58	-1.03	1
		2	0.46	0.54	-47.52	1
Number of stems	تعداد ساقه	1	0.48	0.40	-1.29	1
		2	0.69	0.99	0.24	1
Number of fertile spikes	تعداد سنبله بارور	1	0.50	0.99	-2.18	1
		2	0.65	0.99	0.32	1
Number of non-fertile spikes	تعداد سنبله نا بارور	1	0.63	0.99	1.56	2
		2	0.92	0.99	2.75	1
Number of tillers	تعداد پنجه	1	0.47	0.39	-1.25	1
		2	0.69	0.99	0.24	1
Plant height	ارتفاع ساقه	1	0.44	0.66	-0.82	3
		2	0.67	0.94	-0.25	1
Number of grains per spike	تعداد دانه سنبله	1	0.49	0.23	0.99	1
		2	0.39	0.39	0.54	1
spike Height	ارتفاع سنبله	1	0.47	0.71	0.97	3
		2	0.99	0.99	-0.24	1
Spike weight	وزن سنبله	1	0.39	0.13	-1.70	1
		2	0.31	0.14	2.03	1
Peduncle length	طول پدانکل	1	0.28	0.17	-0.84	2
		2	0.69	0.73	-0.20	1
Peduncle weight	وزن پدانکل	1	0.55	0.57	0.88	1
		2	0.54	0.40	2.23	1
1000 seed weight	وزن هزاردانه	1	0.34	0.14	-3.23	2
		2	0.61	0.31	0.70	1
Seed weight of the main tiller	وزن دانه سنبله اصلی	1	0.54	0.26	-0.09	1
		2	0.36	0.06	-1.21	1
Dry weight of the main tiller	وزن کاه و کلش سنبله اصلی	1	0.49	0.41	-1.64	1
		2	0.61	0.71	4.33	1
Harvest index	شاخص برداشت	1	0.58	0.55	3.45	1
		2	0.51	0.55	3.02	1

1: BCW×Gusspard 2: Sardari×Gusspard

در مورد صفت وزن هزاردانه با استفاده از مدل شش پارامتری مشخص شد که عمل اپیستازی ژن در وراثت پذیری وزن دانه نقش دارد. این نتایج با نتایج سان و همکاران (Sun, 1972) مطابقت داشت. بزرگ تر بودن مقدار مجموع اثر افزایشی [d] در مقایسه با مجموع اثر غالبیت [h] که برای صفت طول پدانکل مشاهده می شود (جدول ۱)، همبستگی ژن ها را بیان می کند (یعنی ژن هایی که دارای آثار کاهشی هستند در یک والد جمع شده اند). به عبارت دیگر در هر تلاقی ژن های تشدید کننده صفت در یک والد جمع شده اند. برای صفات زمان رسیدگی و تعداد ساقه اجزای مجموع اثر افزایشی [d] و مجموع اثر متقابل بین اثرهای غالبیت [L] دارای علامت های مخالف بودند که این موضوع حضور اپیستازی از نوع دوگانه را نشان می دهد. این یافته ها با نتایج به دست آمده توسط سینگ و همکاران (Singh et al., 1998) مطابقت دارد آثار متقابل دوگانه عموماً واریانس خانواده ها و جمعیت های در حال تفرق را کاهش می دهد در حالی که آثار متقابل مکمل این واریانس را افزایش می دهد (Ghannadha, 2000)؛ (Mather and Jinks, 1982) یکی از راه های موفقیت در برنامه اصلاحی و تعیین روش اصلاحی داشتن اطلاعات از نحوه توارث صفت در نسل های مختلف است، بنابراین تعیین آثار ژن و اجزاء ژنتیکی شرکت کننده در تحمل ارقام از عوامل اصلی برای موفقیت در برنامه های

اصلاحی است.

اطلاعات در این زمینه کمک می کند تا تصمیم صحیح جهت اصلاح سریع صفت در برنامه اصلاحی آغاز شود. غالبیت و بعضی از اشکال اپیستازی در تولید هیبرید موثر است در حالی که آثار افزایشی در روش های استاندارد گزینش راهگشا خواهد بود (Farshadfar, 1999؛ Ahmadi et al., 2007؛ Valizadeh and Moghadam, 1999).

#### تاریخ گلدهی

درجه غالبیت برای این صفت در دو شرایط محیطی بر اساس انحرافات F1 از والدین محاسبه شد (جدول ۱). در حالت تنش در تلاقی دو والد سرداری × گاسپارد غالبیت نسبی مشاهده شد. در صورتی که تلاقی BCW × گاسپارد غالبیت را نشان داد. در هر دو حالت مقادیر مربوط به فوق غالبیت مثبت بودند که مبین وجود ژن های افزایش دهنده زمان گلدهی است. غلبه نسبی نیز به سمت افزایش زمان گلدهی بود. مقادیر وراثت پذیری گلدهی نشان داد که به طور متوسط وراثت پذیری خصوصی این صفت در شرایط تنش کمتر از شرایط بدون تنش بود. متوسط وراثت پذیری عمومی و خصوصی این صفت در شرایط تنش ۰/۶۹ و ۰/۵۸ بود. وراثت پذیری پایین یکی از دلایل پلی ژن بودن این صفت است. حداقل تعداد ژن های کنترل کننده این صفت با استفاده از فرمول های مختلف، یک واحد برآورد شد. به منظور تعیین بهترین مدل ژنتیکی برای این

صفت از روش مدر و جینکز (۱۹۸۲) استفاده شد در هر دو شرایط محیطی و در تلاقی‌ها اجزاء غیر معنی‌دار مدل شش پارامتری حذف شد تا مدل مناسب به دست آید (جداول ۲). در تمام حالات در محیط تنش مقادیر [d] معنی‌دار به دست آمد و مدل پنج پارامتری مناسب بود. اثر ایستازی معنی‌دار موجود در شرایط تنش از هر سه نوع اثر ایستازی بودند. با توجه به علامت مخالف اثر مجموع اثر متقابل بین اثرهای افزایشی [i] و مجموع اثرهای افزایشی [d] در شرایط نرمال و تنش، اهمیت متضاد اثر متقابل ژنی آشکار می‌شود. به طور کلی با توجه به نتایج حاصل که با تحقیقات فرشادفر (Farshadfar, 1999) مطابقت دارد، می‌توان استنباط کرد که چون اثر غالبیت اهمیت بیشتری داشته و اثر ایستازی نیز در چندین مود معنی‌دار شده، لذا برای اصلاح زمان گلدهی که صفتی پلی‌ژن است تلاقی و انتخاب در نسل‌های پیشرفته به خصوص در شرایط تنش نتایج خوبی به همراه خواهد داشت.

#### وزن هزار دانه

با توجه به انحرافات هیبریدها از والدین، مقادیر درجه غالبیت این صفت محاسبه شد. مقادیر بالای انحراف نشان‌دهنده اثر فوق غالبیت ژنهای موثر در وزن دانه بود که در جهت کاهش وزن دانه در تلاقی BCW×گاسپارد در هر دو محیط نرمال و تنش رطوبتی و ژنهای افزایش‌دهنده آن در تلاقی سرداری×گاسپارد در محیط تنش دارد (جدول ۲). وراثت‌پذیری

این صفت در دو شرایط محیطی نسبتاً بالا بر آورد شد. حداقل ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد ۱-۲ عدد بر آورد شد که این امر تا حدودی غیر منطقی به نظر می‌رسد ولی شاید یکی از دلایل آن اختلاف نه چندان زیاد میانگین والدین تلاقی‌ها از همدیگر باشد (جداول ۲). برآزش مدل در مورد داده‌های مربوط به این صفت منجر به انتخاب مدل چهارپارامتری و شش پارامتری برای محیط تنش شد. تاثیرگذاری در جهت مخالف اجزای مجموع اثرهای غالبیت [h] و مجموع اثر متقابل بین اثرهای افزایشی [i] در مدل‌های دارای این پارامترها نشانه وجود اثرات ایستازی مضاعف برای مکان‌های ژنی مختلف است. به طور کلی وجود اثر ایستازی معنی‌دار در هر دو شرایط رطوبتی در توافق با تعداد ژن‌های تخمین زده شده است. برای اصلاح عملکرد بوته از طریق وزن هزاردانه، انجام تلاقی و انتخاب در نسل‌های در حال تفرق برای وزن هزاردانه بیشتر توصیه می‌شود ولی انتخاب والدین برای تلاقی بایستی با دقت و آگاهی کامل انجام شود. در هر صورت وزن هزار دانه یکی از مناسب‌ترین صفاتی است که می‌توان از آن برای رسیدن به عملکرد بالاتر هم در شرایط تنش و هم در شرایط نرمال آبیاری بهره گرفت.

اطلاعات در مورد نحوه عمل ژن‌ها، استراتژی اصلاحی برای یک صفت را تعیین می‌کنند. برآورد بالای اثر غالبیت و ایستازی، توجه به تولید بذر هیبرید و برعکس برآورد زیاد

واحد می باشد. این امر نشان دهنده وجود فوق غالبیت زیاد در مورد ژن های کنترل کننده این صفات است. پنجاه درصد موارد در شرایط تنش اثر ایستازی افزایش در افزایشی ۴۴ درصد اثر ایستازی افزایشی در غالبیت و ۴۴ درصد اثر ایستازی غالبیت در غالبیت مشاهده شد.

آثار افزایشی کاربرد روش های مختلف عمل انتخاب را به عنوان استراتژی اصلی اصلاح یک صفت تداعی می کند. در مورد صفات عملکرد، وزن بوته، وزن هزاردانه، ارتفاع ساقه، تعداد دانه در سنبله تجزیه میانگین نسل ها نشان داد که در شرایط تنش در ۲۲ درصد موارد مقدار درجه غالبیت کمتر از واحد و در بقیه موارد بیشتر از

## References

- Ahmadi, J. S., Orang, F. A., Zali, A., Yazdi-Samadi, B., Ghannadha, M. R., and Taleei, A. R. 2007.** Study of yield and its components inheritance in wheat under drought and irrigated conditions. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources* 11: 201-214 (in Farsi).
- Anderson, V. L. and Kempthorns, D. 1965.** A model for the study of quantitative inheritance *Genetics*. 39: 883-898.
- Anonymous 2001.** Statistics of Agriculture. Ministry of Jihad-e-Agriculture. Tehran, Iran (in Farsi).
- Bushuk, W., and Rasper, V. F. 1994.** Wheat production, properties and quality. Blakie Academic and professional, An imprint chapman and Hall. USA.
- Chaudhary, B. D., Pannu, R. K., Singh, D. P., Singh, P. 1996.** Genetic of metric traits related with biomass partitioning in wheat under drought stress. *Annals of Applied Biology* 131: 361-367.
- Clarke, J. M., Townley-Smith, T. M., Mecaig, T. N., and Green, D. G. 1984.** Growth analysis of spring wheat cultivars of varying drought resistance. *Crop Science* 24: 537-541.
- Edwards, L., Ketata, H. and Smith, E. L. 1976.** Gene action of heading date, plant height and other characters in two winter wheat crosses. *Crop Science* 16: 275-279.
- Farshadfar, A. 1998.** Method Study of Plant Breeding. Publications of Razi University, Kermanshah, Iran 616 pp. (in Farsi).
- Farshadfar, A. 1999.** Quantitative Genetics in Plant Breeding. Vol II. Publications of Razi University, Kermanshah, Iran. 396 pp. (in Farsi).

- Gamble P. E., and Burke. J. J. 1984.** Effect of water stress on the chloroplast antioxidant system. I . Alterations in glutathione reductase activity. *Plant Physiology* 76: 615-621.
- Ghannadha, M. R. 1999.** Gene action for latent period of stripe rust in five cultivars of wheat. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 1: 53-70 (in Farsi).
- Ghannadha, M. R. 2000.** Gene functiona for resistance to yellow rust in wheat. *Iranian Journal of Crop Sciences* 3: 397-407.(in Farsi).
- Haluver, A. R., and Miranda, G. D. 1985.** *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Iowa State Press. Ames Iowa. 339 pp.
- Hayman, B. L. 1958.** The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. *Heredity* 12: 371-390.
- Lande. R. 1981.** The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. *Genetics* 99: 541-553.
- Larik, A. S. H., Hafiz, M. I., and AL – Saheal, Y. A. 1987.** Genetic analysis of some yield parameters in barley. *Journal of College of Science, King Saud University* 18 (2): 129-135.
- Mather, K., and Jinks, J. 1982.** *Biometrical Genetics. The Study of Continuous Variation* .Chapman and Hall, USA. 279 pp.
- Panhank, K. V., and Sharma, G. S. 1983.** Chombining ability for physiological traits in spring wheat. *Indian Journal of Genetics* 44: 34-41.
- Sadrabadi Haghghi, D. S., Marashi, H., and Nasiri Mahallati, M. 2000.** *Principles of Cultivar Development*. Pullications of the University of Ferdowsi, Mashhad, Iran 538 pp. (in Farsi).
- Singh, G., Nanda, G., and Shou, V. 1998.** Gene effects for grains per spike, grain weight and grains per spiklet in a set of nineteen crosses of wheat. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 58: 83-89.
- Soultanloo, R. 2001.** Genetic analysis of resistance to yellow rust in wheat. MSc. Thesis, College of Agriculture, University of Tehran (in Farsi).
- Sung, J. M., and Chui, C. C. 1995.** Lipid peroxidation and peroxide scavenging, enzymes of naturally aged soybean. *Seed Science* 110: 45-52.
- Vaezi. S. S., Abdmishani, S., Yazdi Samadi, B., and Ghannadha, M. R. 2000.** Correlation and path analysis of grain yield and its components in maize. *Iranian*

Journal of Agricultural Sciences 30 (4): 71-83 (in Farsi).

**Valizadeh, M., and Moghadam, M. 1999.** Method Quantitative Genetics. Publications of Tehran University. Tehran, Iran. 548 pp. (in Farsi).

**Yadava, B., Tyagi, C., and Singh, D. 1998.** Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. Annals of Applied Biology 133: 227-235.