

## برآورد وراثت پذیری و ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد دانه و برخی صفات مرتبط با آن در تلاقی ارقام افضل با رادیکال جو

امین باقی زاده<sup>۱\*</sup>، علیرضا طالعی<sup>۲</sup>، محمدرضا نقوی<sup>۲</sup> و معصومه حاجی رضایی<sup>۳</sup>

(تاریخ دریافت: ۱۳۸۴/۱۲/۲۷؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۶/۵/۱۶)

### چکیده

به منظور برآورد وراثت‌پذیری و تعیین تعداد ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد دانه و برخی صفات مرتبط با آن در جو، نسل‌های  $F_1$ ،  $F_2$  و  $F_3$  حاصل از تلاقی دو رقم افضل و رادیکال تهیه و همراه با والدین در شرایط مزرعه و در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کاشته شدند. صفات وزن سنبله، طول سنبله، تعداد سنبله، تعداد سنبلچه، طول ریشک، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن کاه سنبله، شاخص برداشت و عملکرد دانه در نسل‌های مختلف مورد اندازه‌گیری و یادداشت برداری قرار گرفت. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که میانگین مربعات نسل‌ها برای تمامی صفات معنی‌دار بود، لذا تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفات مورد بررسی صورت گرفت و نتایج نشان داد که صفت طول ریشک توسط آثار افزایشی و غالبیت کنترل می‌شود و در کنترل سایر صفات علاوه بر آثار مذکور، اثر ایستازی نیز موثر می‌باشد. هم‌چنین مشخص شد که واریانس غالبیت بیشترین نقش را در کنترل توارث صفات به عهده دارد، ضمناً برای صفات مورد بررسی متوسط توارث‌پذیری عمومی بین ۰/۶۹ تا ۰/۸۹ تخمین زده شد و تعداد ژن برای صفات مذکور حدوداً ۱ تا ۶ ژن برآورد گردید.

واژه‌های کلیدی: تجزیه میانگین نسل‌ها، تعداد ژن، وراثت‌پذیری عمومی، جو، صفات مرتبط با عملکرد

### مقدمه

استفاده از مدل شش پارامتری مشخص شده است که عمل ایستازی ژن در وراثت صفت وزن هزار دانه نقش دارد (نقل از ۵). چودری و همکاران (۱۰) پنج رقم جو را در قالب یک طرح دای آال مورد بررسی قرار دادند، تجزیه واریانس نسل‌ها نشان داد صفات تعداد پنجه در گیاه، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در گیاه عمدتاً به صورت فوق غالبیت کنترل می‌شوند. در کنترل توارث طول سنبله آثار غالبیت ناقص همراه با آثار افزایشی دیده شد. در ضمن برای صفات ارتفاع گیاه، طول سنبله و وزن هزار دانه آثار ایستازی نیز

برآورد تعداد ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن و تعیین نحوه توارث و میزان وراثت‌پذیری هر یک از آنها می‌تواند در انتخاب روش‌های اصلاحی مناسب برای هر یک از آنها بسیار مفید باشد. یکی از مناسب‌ترین روش‌های تجزیه ژنتیکی، روش تجزیه میانگین نسل‌ها می‌باشد که با این روش می‌توان علاوه بر آثار افزایشی و آثار غالبیت، آثار ایستازی را نیز برآورد نمود (۱، ۳، ۶، ۱۳). با ارقام گوناگون جو و روی صفات متفاوت تحقیقاتی در دنیا انجام پذیرفته است. از جمله با

۱. استادیار بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، مرکز بین‌المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان

۲. به ترتیب استاد و استادیار زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

۳. دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران

\*: مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: baghizadeh@icst.ac.ir

روش تجزیه میانگین نسل‌ها مشخص شد. هم‌چنین در این مطالعه میزان توارث پذیری عمومی برای هر صفت تخمین زده شد و با برآورد تعداد ژن کنترل‌کننده هر صفت نهایتاً بهترین روش اصلاحی برای هر صفت مشخص و پیشنهاد شده است.

### مواد و روش‌ها

به منظور برآورد وراثت پذیری و تعداد ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد و برخی صفات وابسته به آن در گیاه جو، بذور والدین ( $P_1$  و  $P_2$ ) و نسل‌های  $F_1$ ،  $F_2$  و  $F_3$  مربوط به تلاقی ارقام افضل و رادیکال در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی کرج دانشگاه تهران در سال ۱۳۸۰ کشت گردید. در هر تکرار هر یک از والدها و نسل‌های  $F_1$ ،  $F_2$  و  $F_3$  به ترتیب در ۱، ۷ و ۳۰ ردیف به طول دو متر و تعداد ۲۰ بذر در هر ردیف کشت شدند. کلیه مراقبت‌های لازم در طول مرحله داشت صورت پذیرفت و صفات وزن سنبله، طول سنبله، تعداد سنبله، تعداد سنبلچه، طول ریشک، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن کاه سنبله، شاخص برداشت و عملکرد دانه بوته مورد اندازه‌گیری و یادداشت‌برداری قرار گرفت. برای هر صفت پنج اندازه‌گیری تصادفی انجام پذیرفت و میانگین‌های محاسبه شده به عنوان داده‌های اصلی در تجزیه‌های آماری وارد شدند. در ابتدا نسل‌های موجود برای صفات مختلف مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند و با مشاهده تفاوت معنی‌دار در بین نسل‌ها، تجزیه میانگین نسل‌ها برای هر ده صفت فوق‌الذکر انجام شد. برای تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها از روش ماترو جینکز (۲۰) استفاده شد. در این روش میانگین کلی هر صفت به صورت زیر نشان داده می‌شود (۱۳۸ و ۱۴).

$$Y = m + ad + \beta h + \alpha_1^2 + 2\alpha\beta j + \beta^2 l \quad [1]$$

اجزای فرمول عبارت‌انداز  $Y$ : میانگین نسل،  $m$ : میانگین تمام نسل‌ها،  $[d]$ : مجموع آثار افزایشی،  $[h]$ : مجموع آثار غالبیت،  $[i]$ : مجموع آثار متقابل بین آثار افزایشی،  $[l]$ : مجموع آثار متقابل بین آثار غالبیت و

مشاهده شد. سینگ و همکاران (۲۳) وراثت عملکرد دانه و اجزای آن را در جو شش ردیفه با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها ارزیابی کردند و نتیجه گرفتند که آثار ژنی افزایشی و غیر افزایشی برای صفات تعداد پنجه در گیاه، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه مهم می‌باشد و برای اکثر صفات، اپیستازی از نوع مضاعف وجود دارد. در تحقیق قندی و همکاران (۷) مشخص شد که برای صفت عملکرد دانه بیشترین سهم واریانس ژنتیکی به واریانس آثار غیر افزایشی ژن‌ها اختصاص دارد و برای صفات ارتفاع بوته، تعداد پنجه، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه بیشترین سهم مربوط به آثار افزایشی می‌باشد. در تحقیق دیگری با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک، وزن سنبله و تعداد سنبلچه و شاخص برداشت مورد مطالعه قرار گرفته و مشاهده شده است که مدل افزایشی - غالبیت برای توضیح وراثت این صفات کافی نیست (نقل از ۵). هم‌چنین با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و مدل‌های ۵ و ۶ پارامتری هیمن (نقل از ۵) عمل ژن برای عملکرد و اجزای عملکرد مورد مطالعه قرار گرفت و مشخص شد عمل اپیستازی ژن در کنترل همه صفات مورد مطالعه نقش دارد، به‌علاوه مشخص شد که عمل غالبیت ژن در کنترل صفات مورد نظر دارای اهمیت بیشتری از عمل افزایشی ژن می‌باشد. کموال (۱۶) اعلام نمود صفت طول ریشک در گیاه جو با یک ژن که روی کروموزوم شماره ۲ قرار دارد کنترل می‌شود و آثار این ژن به صورت غالبیت ناقص می‌باشد. صفات عملکرد بیولوژیکی و وزن کاه بیشتر تحت تاثیر واریانس افزایشی و غالبیت می‌باشند و توارث‌پذیری عمومی آنها به ترتیب ۶۲٪ و ۵۳٪ می‌باشد (۱۵). در تحقیق لاریک و همکاران (۱۷) مشخص گردید که توارث‌پذیری عمومی صفات عملکرد بوته، تعداد سنبله در گیاه، تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله بین ۷۸٪ تا ۸۸٪ متغیر می‌باشد. لذا در این تحقیق با توجه به ضرورت افزایش عملکرد و در راستای تعیین روش‌های اصلاحی مناسب برای صفات مرتبط با عملکرد، پارامترهای ژنتیکی - اصلاحی هر یک از صفات مورد بررسی با

در انتها به منظور محاسبه تعداد فاکتور موثر کنترل‌کننده هر صفت، روش پانس (۲۱ و ۲۴) با فرمول زیر مورد استفاده قرار گرفت.

$$n = \frac{E_1 - \text{میانگین واریانس‌های فامیل‌های } F_3}{E_2 - \text{واریانس واریانس‌های فامیل‌های } F_3} \quad [9]$$

### نتایج و بحث

جدول ۱ میانگین و انحراف معیار هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در نسل‌های مختلف را نشان می‌دهد. میزان برتری نتاج نسبت به میانگین والدین می‌تواند مؤید وجود آثار غالبیت در کنترل اکثر این صفات باشد. نتایج تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفات مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. برای صفات طول سنبله، وزن صددانه و شاخص برداشت مدل پنج پارامتری مشتمل بر  $m$ ،  $[d]$ ،  $[h]$ ،  $[i]$  و  $[l]$ ، برای صفات وزن سنبله، تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله مدل چهار پارامتری مشتمل بر  $m$ ،  $[d]$ ،  $[h]$  و  $[l]$ ، برای صفات تعداد سنبله و عملکرد دانه مدل چهار پارامتری مشتمل بر  $m$ ،  $[d]$ ،  $[h]$  و  $[i]$  و برای صفت طول ریشک مدل سه پارامتری مشتمل بر  $m$ ،  $[d]$  و  $[h]$  برازش داده شد.

برای صفت طول ریشک تنها آثار افزایشی و غالبیت در مدل دیده می‌شود، لذا مدل ساده افزایشی - غالبیت برای توجیه آثار ژنتیکی کفایت می‌کند. برای سه صفت تعداد سنبله، وزن کاه سنبله و عملکرد دانه علاوه بر آثار افزایشی و آثار غالبیت، آثار متقابل (اپیستازی) از نوع افزایشی  $\times$  افزایشی نیز در کنترل این صفات نقش دارند. برای سه صفت وزن سنبله و تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله علاوه بر آثار غالبیت، آثار متقابل از نوع غالبیت  $\times$  غالبیت در کنترل توارث این صفات نقش قابل ملاحظه‌ای ایفا می‌کنند. برای سه صفت طول سنبله، وزن صد دانه و شاخص برداشت عمدتاً آثار غالبیت به همراه آثار متقابل غالبیت  $\times$  غالبیت و هم‌چنین آثار متقابل افزایشی  $\times$  افزایشی در کنترل توارث این صفات حائز اهمیت هستند. در تحقیقی که

غالبیت و  $\alpha$ ،  $\beta$ ،  $\alpha^2$ ،  $2\alpha\beta$  و  $\beta^2$  ضرایب هر یک از پارامترهای مدل می‌باشند. پارامترهای مختلف ژنتیکی با استفاده از نسل‌های  $F_1, P_1, P_2, F_2$  و  $F_3$  با استفاده از روش حداقل توان‌های دوم وزنی تخمین زده شدند. از مدل‌های دو، سه، چهار و پنج پارامتری در تبیین میانگین‌های مشاهده شده استفاده شد، که این مدل‌ها به کمک آزمون مقیاس مشترک، مورد بررسی قرار گرفته و بهترین مدل برای هر یک از صفات بر مبنای آزمون کای دو مشخص گردید (۴، ۲۰ و ۲۵). سپس مقادیر واریانس گیاهان  $F_2 (VF_2)$ ، واریانس میانگین‌های نتاج  $F_3 (V_{\bar{F}_3})$ ، کوواریانس بوته‌های  $F_2$  و میانگین نتاج  $F_3$  آنها  $(W_{F_2, \bar{F}_3})$ ، میانگین واریانس‌های نتاج  $F_3 (\bar{V}_{F_3})$ ، میانگین واریانس نسل‌های تفرق ناپذیر ( $E_1$ ) و واریانس میانگین‌های نسل‌های تفرق ناپذیر ( $E_2$ ) محاسبه گردیدند و به کمک این مقادیر و با توجه به فرمول‌های زیر:

$$V_{F_2} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E_1 \quad [2]$$

$$V_{\bar{F}_3} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{16}H + E_2 \quad [3]$$

$$W_{F_2, \bar{F}_3} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{8}H \quad [4]$$

$$\bar{V}_{F_3} = \frac{1}{4}D + \frac{1}{8}H + E_1 \quad [5]$$

اجزای واریانس ژنتیکی و هم‌چنین واریانس آثار محیطی یعنی مقادیر  $D$ ،  $H$ ،  $E_1$  و  $E_2$  با ایجاد چهار معادله نرمال، برطبق روش کمترین توان‌های دوم برای هر صفت برآورد گردیدند (۴۱). سپس برای محاسبه توارث پذیری عمومی  $h_{bs}^2$  از روش‌های محمود و کرامر (۱۸)، وارنر (۲۶) و آلارد (۹) به ترتیب برطبق فرمول‌های زیر استفاده شد.

$$h_{bs}^2 = \frac{V_{F_2} - \sqrt{V_{P_1} \times V_{P_2}}}{V_{F_2}} \quad [6]$$

$$h_{bs}^2 = \frac{V_{F_2} - \sqrt{V_{F_1} \times V_{P_1} \times V_{P_2}}}{V_{F_2}} \quad [7]$$

$$h_{bs}^2 = \frac{V_{F_2} - \frac{(V_{P_1} + V_{P_2} + V_{F_1})}{3}}{V_{F_2}} \quad [8]$$

جدول ۱. میانگین و اشتباه معیار صفات مورد بررسی در نسل‌های مختلف

| نسل            | وزن سنبله (گرم) | طول سنبله (سانتی‌متر) | تعداد سنبله | تعداد سنبلچه در سنبله | طول ریشک (سانتی‌متر) | وزن صد دانه (گرم) | تعداد دانه  | وزن کاه سنبله (گرم) | شاخص برداشت | عملکرد دانه |
|----------------|-----------------|-----------------------|-------------|-----------------------|----------------------|-------------------|-------------|---------------------|-------------|-------------|
| P <sub>1</sub> | ۸/۹۴±۳/۲۰       | ۵/۸۵±۲/۱۱             | ۱۳/۸۵±۳/۹۲  | ۱۴/۶۰±۲/۸۰            | ۱۳/۲۰±۰/۴۵           | ۲/۸۲±۰/۷۰         | ۳۴/۶۰±۱۰/۳۰ | ۱/۷۳±۰/۷۰           | ۰/۴۴±۰/۱۸   | ۲۹/۱۳±۶/۱۲  |
| P <sub>۲</sub> | ۹/۶۸±۲/۹۳       | ۷/۴۵±۲/۵۰             | ۱۸/۱۱±۴/۱۶  | ۲۱/۶۰±۱/۵۰            | ۱۱/۳۰±۰/۹۸           | ۳/۴۰±۰/۴۰         | ۴۴/۳۰±۸/۹۰  | ۲/۶۰±۰/۵۰           | ۰/۴۵±۰/۲۱   | ۲۴/۲۲±۰۶/۸۳ |
| F <sub>۱</sub> | ۷/۳۸±۳/۱۶       | ۶/۸۰±۲/۱۵             | ۱۹/۴۵±۴/۸۱  | ۱۷/۷۰±۳/۱۰            | ۱۲/۷۲±۰/۵۷           | ۴/۶۰±۰/۴۰         | ۳۸/۶۰±۹/۱۰  | ۲/۸۰±۰/۴۰           | ۰/۴۸±۰/۱۸   | ۳۴/۹۹±۶/۶۴  |
| F <sub>۲</sub> | ۱۰/۶۰±۷/۳۰      | ۷/۱۰±۴/۹۰             | ۱۶/۴۱±۱۱/۲۵ | ۲۲/۲۰±۴/۹۵            | ۱۳/۳۰±۱/۹۲           | ۴/۱۰±۱/۵۲         | ۳۳/۱۰±۱۷/۳۰ | ۲/۲۵±۱/۴۰           | ۰/۴۲±۰/۳۷   | ۲۸/۱۱±۱۵/۲۹ |
| F <sub>۳</sub> | ۱۰/۴۰±۷/۱۰      | ۵/۶۰±۳/۳۰             | ۱۳/۶۶±۷/۳۴  | ۲۱/۰۴±۳/۴۰            | ۱۳/۲۰±۱/۴۰           | ۴/۴۰±۱/۳۰         | ۳۲/۳۰±۱۵/۱۰ | ۲/۱۰±۱/۵۰           | ۰/۴۲±۰/۳۳   | ۲۰/۵۵±۹/۹۲  |

جدول ۲. برآورد اجزای ژنتیکی میانگین‌ها برای صفات مختلف مورد بررسی

| صفت                       | m            | [d]                      | [h]           | [i]          | [j] | [l]           | χ <sup>۲</sup> |
|---------------------------|--------------|--------------------------|---------------|--------------|-----|---------------|----------------|
| وزن سنبله (گرم)           | ۹/۲۳±۰/۹۶**  | ۱/۰۷±۰/۴ <sup>ns</sup>   | ۶/۹۶±۴/۷۰*    | -            | -   | -۸/۷۵±۴/۸۴*   | ۰/۰۱۹۹۷۳       |
| طول سنبله (سانتی‌متر)     | ۳/۰۱±۱/۱۹**  | -۰/۸۰±۰/۷۹ <sup>ns</sup> | ۱۲/۶۰±۵/۸۱*   | ۳/۶۵±۱/۴۰**  | -   | -۸/۸۱±۵/۲۹*   | ۰/۰۰۰۰۰۰       |
| تعداد سنبله               | ۱۱/۸۶±۰/۸۳** | -۱/۹۲±۰/۷۲*              | ۸/۱۶±۲/۶۴**   | ۴/۱۱±۱/۶۸**  | -   | -             | ۱/۷۸۷۵۴۰       |
| تعداد سنبلچه              | ۱۷/۹۴±۰/۷۱** | -۱/۶۱±۰/۷۸ <sup>ns</sup> | ۱۶/۲۱±۳/۷۰**  | -            | -   | -۱۶/۶۴±۴/۱۰** | ۰/۰۱۰۱۲۵       |
| طول ریشک (سانتی‌متر)      | ۱۳/۳۳±۰/۱۵** | ۰/۶۵±۰/۲۳ <sup>ns</sup>  | -۲/۴۳±۰/۴۱**  | -            | -   | -             | ۱/۲۶۶۰۱۱       |
| وزن صد دانه (گرم)         | ۵/۰۶±۰/۳۸**  | -۰/۲۹±۰/۲۱ <sup>ns</sup> | -۳/۴۰±۱/۷۳*   | -۱/۹۵±۰/۴۳** | -   | ۲/۹۳±۱/۴۴*    | ۰/۰۰۰۰۰۰       |
| تعداد دانه در سنبله       | ۳۷/۰۲±۲/۷۷** | -۵/۱۵±۳/۳۵ <sup>ns</sup> | -۲۴/۰۲±۱۳/۶۶* | -            | -   | ۲۷/۵۱±۱۴/۱۱** | ۱/۳۳۲۲۶۱       |
| وزن کاه سنبله (گرم)       | ۱/۸۳±۰/۱۲**  | -۰/۳۲±۰/۱۳*              | ۰/۹۴±۰/۲۱**   | ۰/۳۴±۰/۱۸*   | -   | -             | ۰/۳۶۸۵۱۴       |
| شاخص برداشت               | ۰/۴۳±۰/۰۹ ** | -۰/۰۸±۰/۰۴ <sup>ns</sup> | ۱/۲۲±۰/۱۱**   | *۰/۱۱±۰/۴۱   | -   | -۰/۹۳±۰/۱۲*   | ۰/۰۰۰۰۰۰       |
| عملکرد دانه در بوته (گرم) | ۱۵/۵۶±۰/۹۱** | -۲/۱۵±۰/۸۹ <sup>ns</sup> | ۲۰/۲۲±۲/۵۲**  | ۱۱/۱۸±۲/۴۵** | -   | -             | ۲/۰۵۶۲۳        |

ns: غیر معنی‌دار

\* و \*\*: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۰.۵٪ و ۰.۱٪

مانین (۱۹) وجود آثار اپیستازی در کنترل صفات وزن صد دانه و تعداد سنبلچه را گزارش نموده است. نکته قابل توجه دیگر این که در مورد صفات وزن سنبله، طول سنبله، تعداد سنبلچه، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت آثار غالبیت [h] و آثار متقابل غالبیت × غالبیت [I] دارای علامت‌های مخالف بودند که این می‌تواند ناشی از اپیستازی از نوع مضاعف (Duplicate type) باشد. در مطالعه‌ای که توسط شارما و همکاران (۲۲) روی تعدادی از صفات وابسته به عملکرد از جمله عملکرد دانه در سنبله، وزن هزار دانه

توسط کووال (۱۶) در مورد صفت طول ریشک صورت گرفته مشخص شده است که کنترل این صفت توسط یک ژن و به صورت غالبیت ناقص می‌باشد. هم‌چنین نتایج حاصل از تحقیق چودری و همکاران (۱۰) روی پنج گونه جو در یک طرح دای آل نشان می‌دهد که کنترل صفات تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه به صورت فوق غالبیت می‌باشد و کنترل صفات طول سنبله و تعداد سنبلچه به صورت غالبیت ناقص است. ضمن این که برای صفات طول سنبله و وزن صد دانه آثار اپیستازی نیز در کنترل این صفات دیده می‌شود.

جدول ۳. پارامترهای اندازه‌گیری شده در نسل‌های  $F_2$  و  $F_3$

| پارامتر   | صفت | وزن   | طول   | تعداد  | تعداد | طول   | وزن     | کاه      | شاخص   | عملکرد      |
|---|-----|-------|-------|--------|-------|-------|---------|----------|--------|-------------|
|   |     | سنبله | سنبله | سنبله  | سنبله | ریشک  | صد دانه | در سنبله | برداشت | دانه دربوته |
| وارینانس $(V_{F_2})F_2$                                   |     | ۵۳/۳۰ | ۲۴/۰۱ | ۱۲۶/۶۰ | ۲۴/۵۰ | ۳/۷۰  | ۲/۳۰    | ۲۹۹/۳۴   | ۰/۱۴   | ۲۳۱/۳۱      |
| وارینانس میانگین‌های<br>نتاج $(V_{\bar{F}_2})F_2$         |     | ۳۷/۲۶ | ۱۰/۱۵ | ۵۱/۲۳  | ۸/۹۰  | ۱/۱۱  | ۱/۰۵    | ۵۳/۲۸    | ۰/۰۶   | ۱۶۴/۷۲      |
| کووارینانس $F_2$ با $\bar{F}_2$<br>( $W_{F_2\bar{F}_2}$ ) |     | -۵/۸۰ | -۲/۱۷ | -۹/۱۷  | ۱/۲۳  | -۰/۶۸ | -۰/۳۱   | -۱۴/۷۵   | ۰/۰۲   | ۱۰۳/۲       |
| میانگین واریانس‌های<br>نتاج $(\bar{V}_{F_2})F_2$          |     | ۱۴/۹۳ | ۸/۲۰  | ۲۸/۴۲  | ۴/۳۱  | ۰/۸۳  | ۰/۲۴    | ۳۸/۳۲    | ۰/۰۳   | ۱۱۵/۳       |
| میانگین واریانس<br>نسل‌های تفرق‌ناپذیر<br>( $E_1$ )       |     | ۸/۴۲  | ۷/۵۲  | ۱۳/۳۳  | ۶/۳۰  | ۰/۷۰  | ۰/۳۱    | ۲۷/۵۰    | ۰/۰۳   | ۵۹/۵        |
| وارینانس میانگین<br>نسل‌های تفرق‌ناپذیر<br>( $E_2$ )      |     | ۶/۵۰  | ۵/۳۰  | ۱۰/۷۲  | ۳/۴۵  | ۰/۴۱  | ۰/۲۸    | ۱۹/۸۱    | ۰/۰۲   | ۵۰/۱        |

را نشان می‌دهد. با توجه به مقادیر محاسبه شده و رابطه هر یک از این معیارهای آماری با واریانس‌های افزایشی، غالبیت و محیطی، مقادیر  $D$ ،  $H$ ،  $E_1$  و  $E_2$  برای همه صفات مورد بررسی محاسبه شد (جدول ۴) برای کلیه صفات مورد بررسی مقادیر واریانس غالبیت ( $H$ ) به مراتب از واریانس افزایشی ( $D$ ) بزرگ‌تر می‌باشد که این نکته نیز دلالت بر استفاده از روش‌های اصلاحی مبتنی بر هیبریداسیون برای صفات مذکور دارد.

جدول ۵ برآوردهای توارث‌پذیری عمومی بر مبنای فرمول‌های متفاوت را نشان می‌دهد که تقریباً تمامی صفات توارث‌پذیری عمومی نسبتاً بالایی را نشان داده‌اند در این مورد نتایج حاصل از این تحقیق با نتایج رضایی و هوشمند (۲)، گنج مالوزینسکی (۱۲)، خلیفه (۱۵) و لاریک و همکاران (۱۷) مطابقت دارد. تعداد ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت بر طبق روش پانس (۲۱) برآورد شد که نتایج آن نیز در جدول ۵ دیده می‌شود. ذکر این نکته ضروری است که از آنجا که برآورد تعداد ژن به روش پانس نیاز به پیش‌فرض‌های خاصی از جمله عدم وجود

و شاخص برداشت در گیاه گندم صورت گرفت مشخص شد که علاوه بر آثار افزایشی و غالبیت، آثار اپیستازی نیز در کنترل این صفات نقش دارند ضمن این که در این مطالعه نیز آثار اپیستازی از نوع مضاعف گزارش شده است. نکته دیگر این که در همه صفات مورد بررسی مقدار اثر غالبیت  $[h]$  از مقدار اثر افزایشی  $[d]$  به مراتب بیشتر بود و اگر مدل برازش یافته دارای جزء  $[I]$  نیز بوده (برای شش صفت) در این موارد اثر متقابل غالبیت  $\times$  غالبیت  $[I]$  نیز از اثر افزایشی  $[d]$  بزرگ‌تر بود. ضمن این که در اکثر صفات مورد بررسی (هشت صفت)، آثار افزایشی  $[d]$  غیر معنی‌دار بودند، لذا روشن است که آثار غالبیت در توارث کلیه صفات مورد بررسی در نسل‌های مورد مطالعه نقش تعیین‌کننده‌ای دارند و طبیعتاً برای صفات مذکور گزینش تحت شرایط خودگشنی قابل تثبیت نیست و برای اصلاح این صفات توصیه می‌شود که از روش هیبریداسیون و انجام انتخاب در نسل‌های در حال تفرق بهره گرفت. جدول ۳ مقادیر واریانس‌ها و کوواریانس‌های محاسبه شده برای تمامی صفات

جدول ۴. برآورد اجزای تنوع برای صفات مختلف مورد بررسی

| صفات<br>اجزاء  | وزن    | طول    | تعداد  | تعداد | طول   | وزن صد | تعداد دانه در | وزن کاه | شاخص   | عملکرد دانه |
|----------------|--------|--------|--------|-------|-------|--------|---------------|---------|--------|-------------|
|                | سنبله  | سنبله  | سنبله  | سنبله | ریشک  | دانه   | سنبله         | سنبله   | برداشت | در بوته     |
| D              | -۷/۸۹  | -۱۴/۲۲ | -۷۶/۷۵ | -۹/۳۰ | -۲/۹۹ | -۱/۴۴  | -۲۷۸/۲        | -۱/۰۷   | -۰/۱۲  | -۱۲۱/۱۴     |
| H              | ۱۴۱/۳۱ | ۸۰/۹۳  | ۵۱۳/۳۷ | ۷۹/۵۴ | ۱۴/۷۷ | ۸/۹۲   | ۱۴۷۷/۳        | ۸/۲۲    | ۱/۳۳   | ۳۲۵/۸۱      |
| E <sub>۱</sub> | ۹/۷۵   | ۶/۷۵   | ۱۰/۹۸  | ۴/۱۱  | ۰/۶۴  | ۰/۱۹   | ۶/۰۳          | ۰/۰۸    | ۰/۰۱   | ۷۲/۶۵       |
| E <sub>۲</sub> | ۱۹/۳۸  | ۸/۷۱   | ۳۴/۱۱  | ۶/۰۲  | ۱/۰۴  | ۰/۷۳   | ۵۹/۹۰         | ۰/۳۹    | ۰/۰۷   | ۷۸/۵۹       |

جدول ۵. برآورد وراثت پذیری عمومی و تعداد ژن برای صفات مختلف مورد بررسی

| صفات<br>روش                     | وزن   | طول   | تعداد | تعداد | طول  | وزن صد | تعداد دانه در | وزن کاه | شاخص   | عملکرد دانه |
|---------------------------------|-------|-------|-------|-------|------|--------|---------------|---------|--------|-------------|
|                                 | سنبله | سنبله | سنبله | سنبله | ریشک | دانه   | در سنبله      | سنبله   | برداشت | در بوته     |
| $h_{bs}^2$ به روش محمود و کرامر | ۰/۸۲  | ۰/۷۸  | ۰/۸۷  | ۰/۸۳  | ۰/۸۸ | ۰/۸۷   | ۰/۶۹          | ۰/۸۲    | ۰/۷۷   | ۰/۸۲        |
| $h_{bs}^2$ به روش وارنر         | ۰/۸۲  | ۰/۷۹  | ۰/۸۵  | ۰/۷۷  | ۰/۸۹ | ۰/۸۹   | ۰/۷۱          | ۰/۸۶    | ۰/۷۹   | ۰/۸۱        |
| $h_{bs}^2$ به روش آلارد         | ۰/۸۱  | ۰/۷۸  | ۰/۸۵  | ۰/۷۳  | ۰/۸۶ | ۰/۸۸   | ۰/۷۰          | ۰/۸۴    | ۰/۷۸   | ۰/۸۱        |
| میانگین توارث پذیری عمومی       | ۰/۸۱  | ۰/۷۸  | ۰/۸۶  | ۰/۷۸  | ۰/۸۸ | ۰/۸۸   | ۰/۷۰          | ۰/۸۴    | ۰/۷۸   | ۰/۸۱        |
| تعداد ژن به روش پانس            | ۴/۳۰  | ۳/۷۰  | ۲/۹۰  | ۳/۱۰  | ۱/۹۰ | ۵/۳۰   | ۲/۴۰          | ۵/۲۰    | ۵/۷    | ۴/۲         |

پیوستگی، آثار اپیستازی و غیره دارد، لذا وجود احتمالی هر یک از موارد فوق، باعث برآورد تعداد کمتر از حد واقع ژن‌های در حال تفرق خواهد گردید (۸، ۱) و (۲۴). هم‌چنین قابل ذکر است که دیوید و همکاران (۱۱) براساس نتایج یک تحقیق مولکولی،

### منابع مورد استفاده

۱. احمدی، م. ۱۳۷۱. *ارزیابی صفات کمی در اصلاح نباتات* (ترجمه). انتشارات سازمان تحقیقات کشاورزی تهران، وزارت کشاورزی، تهران.
۲. رضایی، ع.، س. هوشمند. ۱۳۷۶. نحوه عمل ژن و وراثت پذیری برخی صفات زراعی در ۱۷ تلاقی سورگوم دانه‌ای. *مجله علوم کشاورزی* ۲۸ (۳): ۶۹-۷۸.
۳. زهراوی، م. ۱۳۷۹. روش‌های تعیین مکان ژن‌های کنترل کننده صفات کمی (QTL). *سمینار ژنتیک جمعیت دوره دکتری اصلاح*

نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، کرج.

۴. طالعی، ع. ۱۳۷۹. *مقدمه‌ای بر ژنتیک بیومتریکی* (ترجمه). انتشارات نشر علوم کشاورزی.
۵. فرشادفر، ع. ۱۳۷۷. *کاربرد ژنتیک کمی در اصلاح نباتات*. جلد اول، انتشارات دانشگاه رازی کرمانشاه.
۶. قنادها، م. ۱۳۷۷. مطالعه نحوه توارث طول دوره کمون در چهار رقم گندم نسبت به رنگ‌زرد. *مجله علوم کشاورزی ایران* ۱۱(۱): ۵۳-۷۱.
۷. قندی، ا.ع. زالی و پ. وجدانی. ۱۳۷۶. بررسی ترکیب پذیری عمومی و خصوصی صفات مختلف به روش دای آلل. *مجله نهال و بذر* ۱۳(۳): ۳۱-۴۰.
۸. نقوی، م. م. قنادها، ب. یزدی صمدی و م. ترابی. ۱۳۸۰. نحوه توارث مقاومت به بیماری سفیدک پودری جو در مرحله گیاه بالغ. *مجله نهال و بذر* ۱۷(۲): ۱۴۰-۱۵۰.
9. Allard, R.W. 1960. Principles of Plant Breeding. John Wily and Sons Pub., New York.
10. Chowdhry, M. A., A. Ambreen and I. Khalig. 2002. Genetic control of some polygenic traits in vulgare species. *Plant Asian. Plant Sci.* 1: 235-237.
11. David, E., V. Mathews, L. Carallo, R. Gerard and A. D. Anderson. 2002. Grain Genes, the genome database for small-grain crops. *Nucleic Acids Res.* 31:183-186.
12. Gaj. M. and M. Maluszynski. 1985. Genetic Analysis of spike characters of barley mutants. *Barley Genetics Newsletter*, Vol. 15, II. Research notes.
13. Kang, M.S. 1994. Applied Quantitative Genetics. Baton Rouge, LA 70810-6966 USA
14. Kearsy, M. J. and H.S. Pooni. 1996. The Genetically Analysis of Quantitative Traits. Chapman & Hall Pub., London.
15. Khalifa, M. A. 1982. The inheritance of harvest index in barley. *Barley Genetics Newsletter*, Vol.9.II. Reserchnotes PP.52-54.
16. Koval, V. S. 1997. Genetic analysis of absence of awns in barley. *Genet.* 33: 558-561.
17. Larik, A. S., H. M. I. Hafiz and Y. A. AL-Saheal. 1987. Genetic analysis of some yield parameters in barley. *J. Coll. Sci. King Saud Univ.* 18:129-135
18. Mahmud. I. and H. H. Keramer. 1951. Segregation for yield, height and maturity following a soybean cross. *Agron. J.* 43:605-609.
19. Manninen, O. 2000. Genetic mapping of traits important in barley breeding. Helsingin, yliopiston, Verkojulkaisut, Helsinki.
20. Mather, K. and J. L. Jinks, 1982. Biometrical Genetics. 3<sup>rd</sup> ed., Methuen, London.
21. Panse, V. G. 1940. Application of genetics to plant breeding. *Genet.* 40:283-302.
22. Sharma, S. N., R. S. Sain and R. K. Sharma. 2002. Gene system governing grain yield per spike in macaroni wheat. *Wheat Inform. Serv.* 94:14-18.
23. Singh, L., S. L. Dashora, S. N. Sharma and E. V. Sastry. 1997. Genetic architecture of yield and three important yield traits in six rowed barley. *Ann. Arid Zone* 36: 133-137.
24. Thompson, J. N. 1975. Quantitative variation and gene number. *Nature* 258:665-668.
25. Vander Veen, J. H. 1995. Tests of non-allelic interaction and linkage for quantitative characters in generation derived from two diploid pure lines. *Genet.* 30:201-232.
26. Warnner, J. N. 1952. A method for estimating heritability. *Agron. J.* 44: 427-430.