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

امین باقی زاده[۱*]، علیرضا طالعی[۲]، محمدرضا نقوی[۲] و معصومه حاجی رضایی[۳]

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

چکیده

به منظور برآورد وراثت‌پذیری وتعیین تعداد ژن‌های کنترل‌کنندهٔ 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 درسنبله، 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 اپیستازی 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 ۰/۶۹تا۰/۸۹ تخمین زده شد و تعداد ژن برای صفات مذکور حدوداً ۱ تا ۶ ژن برآورد گردید.

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

مقدمه

برآورد تعداد ژن‌های کنترل کنندهٔ 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 اپیستازی را نیز برآورد نمود (۱،۳،۶و۱۳). با ارقام گوناگون جو و روی صفات متفاوت تحقیقاتی در دنیا انجام پذیرفته است. از جمله با استفاده از مدل شش پارامتری مشخص شده است که عمل اپیستازی ژن در وراثت صفت وزن هزار دانه نقش دارد (نقل از۵). چودری و همکاران(۱۰) پنج رقم جو را در قالب یک طرح دای آلل 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 اپیستازی نیز

۱. استادیار بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، مرکز بین المللی 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

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

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 ـ غالبیت برای توضیح وراثت این صفات کافی نیست (نقل از۵). هم‌چنین با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و مدل‌های ۵ و۶ 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 شدکه عمل غالبیت ژن در کنترل صفات مورد نظر دارای اهمیت بیشتری از عمل افزایشی ژن می باشد. کووال (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٪ می باشد (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 ۰/۷۸ تا ۰/۸۸ 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 ـ اصلاحی هر یک از صفات مورد بررسی با 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 کنترل کنندهٔ 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 کنترل کننده عملکرد و برخی صفات وابسته به آن در گیاه جو، بذور والدین (P_1 وP_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 درسال ۱۳۸۰ کشت گردید. در هر تکرار هر یک از والدها و نسل‌های F_1، F_2 و F_3 به ترتیب در۲، ۱، ۷و ۳۰ ردیف به طول دو متر و تعداد۲۰ بذر در هر ردیف کشت شدند. کلیهٔ مراقبت‌های لازم در طول مرحلهٔ 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 ومیانگین‌های 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 مشاهدهٔ تفاوت معنی‌دار در بین نسل‌ها، تجزیه میانگین نسل‌ها برای هر ده صفت فوق الذکر انجام شد. برای تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها از روش ماتروجینکز (۲۰) استفاده شد. در این روش میانگین کلی هر صفت به صورت زیر نشان داده می‌شود (۸،۱۳و۱۴).

$$Y = m + \alpha d + \beta h + \alpha_i^2 + 2\alpha\beta j + \beta^2 l \qquad [1]$$

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 [j] : مجموع آثار متقابل بین آثار افزایشی و

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

غالبیت و α ، β ، α^2، $2\alpha\beta$ و β^2 ضرایب هر یک از پارامترهای مدل می‌باشند. پارامترهای مختلف ژنتیکی با استفاده از نسل‌های P_1،P_2،F_1، F_2 و F_3 و 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،۲۰و۲۵). سپس مقادیر واریانس گیاهان F_2 (VF_2)، واریانس میانگین‌های نتاج F_3 ($V_{\overline{F_3}}$)، کوواریانس بوته‌های F_2 و میانگین نتاج F_3 آنها ($W_{F_2\overline{F_3}}$)، میانگین واریانس‌های نتاج F_3 ($\overline{V}_{F3}$)، 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:

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

$$V_{\overline{F_3}} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{16}H + E_2 \qquad [3]$$

$$W_{F_2.\overline{F_3}} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{8}H \qquad [4]$$

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

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 (۱و۴). سپس برای محاسبه توارث پذیری عمومی h^2_{bs} از روش‌های محمود و کرامر (۱۸)، وارنر (۲۶) و آلارد (۹) به ترتیب برطبق فرمول‌های زیر استفاده شد.

$$h^2_{bs} = \frac{V_{f_2} - \sqrt{V_{p_1} \times V_{p_2}}}{V_{f_2}} \qquad [6]$$

$$h^2_{bs} = \frac{V_{f_2} - \sqrt[3]{V_{f_1} \times V_{p_1} \times V_{p_2}}}{V_{f_2}} \qquad [7]$$

$$h^2_{bs} = \frac{V_{f_2} - \frac{(V_{p_1} + V_{P_2} + V_{f_1})}{3}}{V_{f_2}} \qquad [8]$$

در انتها به منظور محاسبه تعداد فاکتور موثر کنترل کننده هر صفت، روش پانس(۲۱و۲۴) با فرمول زیر مورد استفاده قرار گرفت.

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

نتایج و بحث

جدول ۱ میانگین و انحراف معیار هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در نسل‌های مختلف را نشان می دهد. میزان برتری نتاج نسبت به میانگین والدین می تواند 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 وشاخص برداشت مدل پنج پارامتری مشتمل بر m، [d] ، [h]، [i]و [l] ، برای صفات وزن سنبله ، تعداد سنبلچه و تعداد دانه درسنبله مدل چهار پارامتری مشتمل بر m، [d] ، [h] و [l] ، برای صفات تعداد سنبله، وزن کاه 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 ـ 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 × 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×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×غالبیت و هم‌چنین آثار متقابل افزایشی × افزایشی در کنترل توارث این صفات حائز اهمیت هستند. در تحقیقی که

[Downloaded from jstmar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

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	طول‌ریشک (سانتی‌متر)	وزن‌صد دانه (گرم)	تعداد دانه در سنبله	وزن‌کاه سنبله(گرم)	شاخص برداشت	عملکرد دانه دربوته(گرم)
P_1	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_2	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_1	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_2	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_3	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^2
وزن سنبله (گرم)	۹/۲۳±۰/۹۶**	۱/۰۷±۰/۴ ns	۶/۹۶±۴/۷۰*	-	-	-۸/۷۵±۴/۸۴*	۰/۰۱۹۹۷۳
طول‌سنبله (سانتی‌متر)	۳/۰۱±۱/۱۹**	-۰/۸۰±۰/۷۹ns	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±۰/۷۸ns	۱۶/۲۱±۳/۷۰**	-	-	-۱۶/۶۴±۴/۱۰**	۰/۰۱۰۱۲۵
طول‌ریشک (سانتی‌متر)	۱۳/۳۳±۰/۱۵**	۰/۶۵±۰/۲۳ns	-۲/۴۳±۰/۴۱**	-	-	-	۱/۲۶۶۰۱۱
وزن صد دانه (گرم)	۵/۰۶±۰/۳۸**	-۰/۲۹±۰/۲۱ns	-۳/۴۰±۱/۷۳*	-۱/۹۵±۰/۴۳**	-	۲/۹۳±۱/۴۴*	۰/۰۰۰۰۰۰
تعداد دانه در سنبله	۳۷/۰۲±۲/۷۷**	-۵/۱۵±۳/۳۵ns	-۲۴/۰۲±۱۳/۶۶*	-	-	۲۷/۵۱±۱۴/۱۱**	۱/۳۳۲۲۶۱
وزن‌کاه سنبله(گرم)	۱/۸۳±۰/۱۲**	-۰/۳۲±۰/۱۳*	۰/۹۴±۰/۲۱**	۰/۳۴±۰/۱۸*	-	-	۰/۳۶۸۵۱۴
شاخص برداشت	۰/۴۳±/۰۹ **	-۰/۰۸±۰/۰۴ns	۱/۲۴±۰/۱۱**	*۰/۱۱±۰/۴۱	-	-۰/۹۳±۰/۱۲*	۰/۰۰۰۰۰۰
عملکرد دانه در بوته(گرم)	۱۵/۵۶±۰/۹۱**	-۲/۱۵±۰/۸۹ns	۲۰/۲۲±۲/۵۲**	۱۱/۱۸±۲/۴۵**	-	-	۲/۰۵۶۲۳

ns :غیر معنی‌دار

*و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵٪ و ۱٪

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 آلل 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 می شود. مانینن(۱۹) وجود آثار اپیستازی در کنترل صفات وزن صددانه و تعداد سنبلچه را گزارش نموده است. نکته قابل توجه دیگر این که در مورد صفات وزن سنبله، طول سنبله، تعداد سنبلچه، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت آثار غالبیت [h] و آثار متقابل غالبیت × غالبیت [l] 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

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

جدول ۳. پارامترهای اندازه‌گیری شده در نسل‌های F_2 و F_3

صفت / پارامتر	وزن سنبله	طول سنبله	تعداد سنبله	تعداد سنبلچه	طول ریشک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن کاه سنبله	شاخص برداشت	عملکرد دانه دربوته
واریانس F_2 (V_{F_2})	۵۳/۳۰	۲۴/۰۱	۱۲۶/۶۰	۲۴/۵۰	۳/۷۰	۲/۳۰	۲۹۹/۳۴	۱/۹۶	۰/۱۴	۲۳۱/۳۱
واریانس میانگین های نتاج F_3 $(V_{\overline{F_2}})$	۳۷/۲۶	۱۰/۱۵	۵۱/۲۳	۸/۹۰	۱/۱۱	۱/۰۵	۵۳/۲۸	۰/۵۸	۰/۰۶	۱۶۴/۷۲
کوواریانس F_2 با $\overline{F}_3$ $(W_{F_2\overline{F}_2})$	-۵/۸۰	-۲/۱۷	-۹/۱۷	۱/۲۳	-۰/۶۸	-۰/۳۱	-۱۴/۷۵	۰/۱۶	۰/۰۲	۱۰۳/۲
میانگین واریانس‌های نتاج F_3 $(\overline{V}_{F_2})$	۱۴/۹۳	۸/۲۰	۲۸/۴۲	۴/۳۱	۰/۸۳	۰/۲۴	۳۸/۳۲	۰/۲۲	۰/۰۳	۱۱۵/۳
میانگین واریانس نسل‌های تفرق‌ناپذیر (E_1)	۸/۴۲	۷/۵۲	۱۳/۳۳	۶/۳۰	۰/۷۰	۰/۳۱	۲۷/.۵۰	۰/۲۰	۰/۰۳	۵۹/۵
واریانس میانگین نسل‌های تفرق‌ناپذیر (E_2)	۶/۵۰	۵/۳۰	۱۰/۷۲	۳/۴۵	۰/۴۱	۰/۲۸	۱۹/۸۱	۰/۱۸	۰/۰۲	۵۰/۱

وشاخص 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 [l] نیز بوده (برای شش صفت) در این موارد اثر متقابل غالبیت × غالبیت [l] 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 تعیین کننده‌ای 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 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(جدول۴) 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 می دهد که تقریباً تمامی صفات توارث‌پذیری عمومی نسبتاً بالایی را نشان داده‌اند دراین مورد نتایج حاصل از این تحقیق با نتایج رضایی و هوشمند (۲)، گج مالوزینسکی(۱۲)،خلیفه(۱۵) ولاریک و همکاران (۱۷)مطابقت دارد. تعداد ژن‌های کنترل کننده هر صفت برطبق روش پانس(۲۱) بر آورد 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 پیش فرض‌های خاصی از جمله عدم وجود

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

جدول۴. برآورد اجزای تنوع برای صفات مختلف مورد بررسی

صفات / اجزاء	وزن سنبله	طول سنبله	تعداد سنبله	تعداد سنبلچه	طول ریشک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن کاه سنبله	شاخص برداشت	عملکرد دانه 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_1	۹/۷۵	۶/۷۵	۱۰/۹۸	۴/۱۱	۰/۶۴	۰/۱۹	۶/۰۳	۰/۰۸	۰/۰۱	۷۲/۶۵
E_2	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 / روش	وزن سنبله	طول سنبله	تعداد سنبله	تعداد سنبلچه	طول ریشک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن کاه سنبله	شاخص برداشت	عملکرد دانه در بوته
h^2_{bs} 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^2_{bs} به روش وارنر	۰/۸۲	۰/۷۹	۰/۸۵	۰/۷۷	۰/۸۹	۰/۸۹	۰/۷۱	۰/۸۶	۰/۷۹	۰/۸۱
h^2_{bs} 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، تعداد مکان‌های ژنی کنترل کننده اجزای عملکرد در غلات دانه ریز را ۴ تا ۶ عدد گزارش کرده‌اند.

منابع مورد استفاده

۱. احمدی، م.۱۳۷۱. *ارزیابی صفات کمّی در اصلاح نباتات* (ترجمه). انتشارات سازمان تحقیقات کشاورزی تهران، وزارت کشاورزی، تهران.

۲. رضایی، ع.، س. هوشمند. ۱۳۷۶. نحوه عمل ژن ووراثت پذیری برخی صفات زراعی در ۱۷ تلاقی سورگوم دانه‌ای. مجله علوم کشاورزی ۲۸ (۳): ۷۸-۶۹.

۳. زهراوی، م. ۱۳۷۹. روش‌های تعیین مکان ژن‌های کنترل کننده صفات کمی (QTL). سمینار ژنتیک جمعیت دورهٔ دکتری اصلاح

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]

نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، کرج.

۴. طالعی، ع. ۱۳۷۹. *مقدمه‌ای بر ژنتیک بیومتریک* (ترجمه). انتشارات نشر علوم کشاورزی.

۵. فرشادفر، ع. ۱۳۷۷. *کاربرد ژنتیک کمّی 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 ۱(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) : ۴۰-۳۱.

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 بذر۱۷(۲): ۱۵۰-۱۴۰.

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. Kearsey, 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. 3rd 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.

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1387.12.43.6.9]