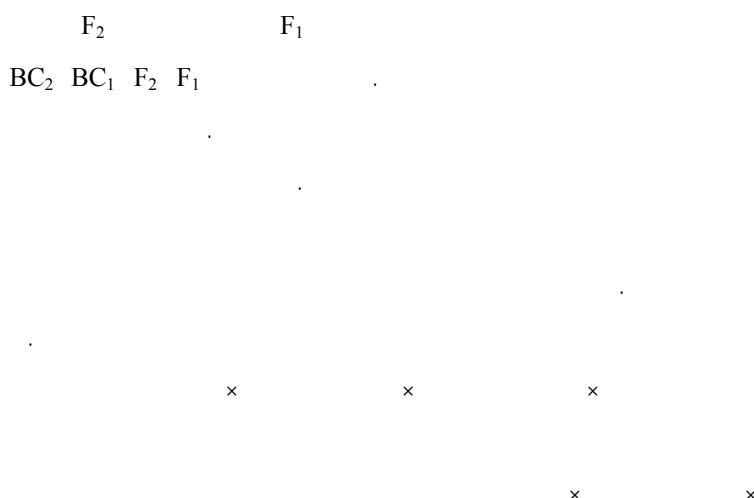


## Gene action for some quantitative traits in bread wheat: Sardari \* Line No. 14 Cross

خداداد مصطفوی<sup>۱</sup>، عبدالهادی حسین زاده<sup>۲</sup>، حسن زینالی خانقاہ<sup>۳</sup>



به طوری که بیش از ۲۰٪ کالری مورد نیاز جمعیت جهان را تأمین می کند (Bushuk and Rasper, 1994). در ایران نیز گندم به عنوان منبع عمده تأمین کالری و پروتئین مورد نیاز جمعیت کشور بوده به طوری که

امروزه گندم غذای اصلی مردم بسیاری از کشورها می باشد. به طور متوسط سالیانه ۱۵٪ تا ۱۶٪ زمین های زیر کشت جهان به این محصول اختصاص داده می شود.

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۳/۶/۲۶

تاریخ دریافت: ۱۳۸۲/۴/۲۴

۱، ۲ و ۳: به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، استادیار و دانشیار دانشگاه تهران.

انجام دادند از طریق تجزیه‌های ژنتیکی نشان دادند که اثر افزایشی و غیرافزایشی برای صفات تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد بوته معنی دار می‌باشد. هم‌چنین این پژوهشگران از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها نشان دادند که مدل افزایشی و غالیت برای توجیه تمام صفات در کلیه تلاقي‌ها کافی نمی‌باشد.

هم‌چنین ادواردز و همکاران (Edwards et al., 1976) با استفاده از تجزیه ژنتیکی در دو تلاقي گندم نان عمل ژن را در تعدادی از صفات مانند زمان ظهور سنبله، ارتفاع بوته، تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه مورد بررسی قرار دادند و نتیجه گرفتند که اثر افزایشی ژن برای ارتفاع بوته، تعداد پنجه در بوته و وزن دانه معنی دار می‌باشد که نشان دهنده امکان اصلاح این صفات به واسطه گزینش در نسل‌های اولیه می‌باشد. هم‌چنین این پژوهشگران بیان داشتند که زمان ظهور سنبله و تعداد دانه در سنبله به وسیله اثر افزایشی و غالیت و نیز اثر اپیستازی کنترل می‌شود که این امر نشان دهنده این واقعیت است که گزینش برای این صفات در نسل‌های بعدی مؤثرتر خواهد بود.

مدل‌های مختلف برای تجزیه میانگین نسل‌ها ارائه شده است (Mather, 1949). این نوع تجزیه ژنتیکی با وجود مزایایی که دارد دارای محدودیت‌هایی نیز می‌باشد. تجزیه میانگین نسل‌ها را می‌توان با تعداد متفاوتی نسل اجرا کرد (Anderson and Kempthorns, 1971).

هدف از این بررسی شناسایی آثار ژن‌ها بر نحوه توارث صفات کمی از طریق روش تجزیه میانگین نسل‌ها می‌باشد.

رقم سرداری و لاین ۱۴ (یک accession نگهداری شده در بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر) با خصوصیات مختلف در سال زراعی ۱۳۷۹-۸۰ کاشته و در بهار در موقع مناسب تلاقي بین آن‌ها انجام شد. از جمله خصوصیاتی که مورد بررسی و

۷۵٪ پروتئین و ۶۵٪ کالری دریافتی روزانه هر فرد از نان تأمین می‌شود (بی‌نام، ۱۳۸۰؛ عبد میشانی و بوشهری، ۱۳۷۶).

بهزادگران می‌توانند با استفاده از طرح‌های مختلف آمیزشی اجزای ژنتیکی کنترل کننده صفات را در جمعیت گیاهان مورد مطالعه برآورد کنند. این طرح‌های تلاقي از حیث مواد ژنتیکی برای برآورد پارامترها، متفاوت هستند. نوع مواد ژنتیکی قدرت برآورد اجزای افزایشی، غالیت و اپیستاتیک را تعیین می‌کند (فهر، ۱۳۷۵). مرور جامعی را هالور و میراندا (Hallauer and Miranda, 1985) از روش‌های ارزیابی اجزای واریانس ژنتیکی ارائه داده‌اند. در تمامی این روش‌ها بر اساس شباهت بین والدین و نتاج و سایر خویشاوندان امکان شناسایی اجزاء واریانس ژنتیکی به وجود می‌آید. از جمله این روش‌ها می‌توان به روش تجزیه دای آلل، رگرسیون نتاج-والدین، تلاقي دی آلل، طرح‌های I, II, III راینسون و کامستاک (Robinson and Comstock, 1955)، تلاقي سه جانبه و تجزیه لاین × تست اشاره نمود. در اغلب روش‌های یاد شده ارزیابی تغییرات ژنتیکی بر مبنای بررسی یک نسل صورت می‌گیرد. ولی در تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها برای محاسبه اثرات ژنتیکی از میانگین نسل‌های متفاوت استفاده می‌گردد (Hallauer and Miranda, 1985) واعظی و همکاران، ۱۳۷۸).

سینگ و همکاران (Singh et al., 1998) با تجزیه میانگین نسل‌ها از طریق مدل شش پارامتری وراثت صفاتی مثل تعداد دانه در سنبله، وزن دانه، و طول سنبله را مورد بررسی قرار داده، این محققین به این نتیجه رسیدند که در بیشتر تلاقي‌ها اثر افزایشی و افزایشی-افزایشی معنی دار می‌باشد و اثر غالیت و غالیت- غالیت ژن هم اهمیت زیادی دارند به طوری که در ۳۳٪ از تلاقي‌ها این نوع اپیستازی مشاهده شدند، اما به دلیل وجود اثر اپیستازی مضاعف غیر قابل بهره‌برداری می‌باشند. یادوا و همکاران (Yadava et al., 1998) با مطالعه‌ای که روی شش رقم گندم و نتاج حاصل از تلاقي این ارقام

شدن. صفاتی که به صورت کمی قابل ندازه گیری نبودند بر اساس دستورالعمل (Descriptor) موجود در بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به صورت زیر ارزیابی و رتبه دهی شدند: وضعیت ریشک (بدون ریشک =۰، ریشک کوتاه =۳، ریشک ریشکدار =۵)، پوشیدگی دانه توسط گلوم و گلومل (گلومل باز =۱، گلومل نیمه پوشیده =۲، گلومل پوشیده =۳)، تراکم سنبلاچه یا تعداد سنبلاچه در واحد طول سنبله (خیلی تنک =۱، تنک =۳، متوسط =۵، فشرده =۷، خیلی فشرده =۹)، رنگ دانه (سفید =۱، زرد =۲، قرمز =۳)، رنگ گلوم (سفید =۱، قرمز مایل به قهوه ای =۲ و ارغوانی تا سیاه =۳). چون تعداد نمونه های مورد ارزیابی برای نسل های مورد نظر متفاوت بود یک تجزیه وزنی با استفاده از عکس واریانس درون هر نسل برای تجزیه میانگین نسل ها استفاده گردید. مدل مورد استفاده برای تجزیه میانگین نسل ها به قرار زیر بود.

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

در این فرمول «Y» میانگین یک نسل، «m» میانگین همه نسل ها در یک تلاقی، [d] مجموع اثرات افزایشی، [h] مجموع اثرات غالیت، [i] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی، [j] مجموع اثر متقابل بین آثار غالیت،  $\alpha$ ،  $\beta$ ،  $\alpha^2$ ،  $\beta^2$  حاصل ضرب های پارامتر های ژنتیکی می باشند. ضرایب اجزاء ژنتیکی از ماتر و جینکز استاندارد شامل تخمین آثار ژنی از میانگین انواع میانگین های قابل دسترس است که به وسیله مقایسه میانگین نسل های مشاهده شده با میانگین های مورد انتظار (که از شش پارامتر یاد شده برآورد شده اند) انجام می گیرد.

برآوردهای شش پارامتری یا کمتر با استفاده از حداقل مربعات وزنی (Weighted least square) به دست آمد. در این مطالعه هر شش نسل با دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتر امتحان شدند تا مشاهده شود که کدام مدل به عنوان بهترین مدل می تواند میانگین ها را توجیه نماید.

توجه بودند این که در رقم سرداری گلوم بدون کرک، دانه توسط گلوم کاملاً پوشیده، تراکم سنبلاچه (تعداد سنبلاچه در واحد طول سنبله) به صورت تنک، رنگ دانه تیره و رنگ گلوم قرمز مایل به قهوه ای است ولی در لاین ۱۴، گلوم کرکدار، پوشیدگی دانه توسط گلوم به صورت نیمه پوشیده، تراکم سنبلاچه فشرده، رنگ دانه زرد و رنگ گلوم نیز روشن تر از رقم سرداری می باشد. از نظر وزن هزار دانه، وزن دانه در سنبله، ارتفاع بوته و وزن سنبله رقم سرداری مقادیر بزرگتری را نسبت به لاین ۱۴ از خود نشان می دهد. سنبله های والدی و بذور F1 هر تلاقی به طور جداگانه برداشت گردید و تجزیه های آماری انجام گرفت. بر اساس نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین، این دو ژنتیپ برای ادامه آزمایش ها انتخاب شدند. در سال بعد بذور F1 برای تلاقی برگشتی با هر والد و نیز تولید F2 کاشته شدند. گیاهان F1 به عنوان والد گرده دهنده یا والد پدری با والدین اخته شده به عنوان مادر تلاقی داده شدند تا نسل های تلاقی برگشتی ایجاد شود. سنبله های تلاقی داده شده در تمامی موارد با پاکت در زمان گلدهی پوشیده شدند تا از دگرگشتنی جلوگیری به عمل آید. دو والد به همراه نتاج F1، F2، BC1 و BC2 در قالب طرح بلوک های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران در سال زراعی ۱۳۸۰-۸۱ کشت گردیدند. نحوه کشت برای نتاج مختلف، متفاوت بود، هر کدام از والدین و F1 به خاطر همگن بودن (عدم تفرق در نتاج) در یک ردیف با فاصله بذور پنج سانتیمتر روی ردیف کشت شدند. نتاج F2، BC1 و BC2 به خاطر دارا بودن هتروزیگوتوی با فاصله ده سانتیمتر کشت شدند. نتاج بک کراس هر کدام در دو خط و نتاج F2 هر کدام در شش خط کشت گردیدند. برای تمام تیمارها طول خط ۱/۵ متر، فاصله خطوط ۲۵ سانتیمتر و عمق کاشت چهار سانتیمتر بود. تعداد بوته های ارزیابی شده برای نسل های مختلف بدین ترتیب بود که برای هر والد و نسل F1 پنج بوته، برای هر توده F2، ۳۰ بوته و برای هر توده بک کراس ۱۵ بوته ارزیابی

در مدل سه پارامتری کاسکوئر معنی دار نگردد بدین مفهوم است که مدل افزایشی- غالیت  $m$ ،  $[d]$  و  $[h]$  برای صفت موردنظر مناسب بوده و هیچ اثر متقابلی وجود ندارد. برای تمامی صفات مورد بررسی مدل سه پارامتری معنی دار بود که بیانگر این امر است که این مدل مناسب نبوده و حتی انواع تبدیل ها نتوانست به این امر کمک کند ولذا ممکن است اثر متقابل غیر آللی (Non-allelic interaction) وجود داشته باشد (قنادها، ۱۳۷۷). سپس تمام مدل های ممکنه برای میانگین های مشاهده شده برآذش داده شدند تا بهترین مدل پیدا شود. ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) پیشنهاد می کنند که برداشت اجزاء غیر معنی دار از مدل شش پارامتری و سپس برآذش بقیه اجزاء به عنوان مدل، منجر به برآذش مناسب تری می گردد. باید توجه کرد که در مدل های کاهش یافته نسبت به مدل شش پارامتری، خطای معیار تمام اجزاء کمتر از خطای معیار مدل شش پارامتری بوده و در ضمن کاسکوئر آن معنی دار نگردیده است که این امر نشان می دهد که دقیق مدل افزایش یافته است. درجه غالیت نیز بر طبق انحراف  $F_1$  از میانگین والدین برای تمام صفات در جدول ۳ آمده است. مثبت بودن درجه غالیت ( $h/d < 0$ ) بدین مفهوم است که غالیت نسبی برای صفت مورد بررسی به طرف والدی که دارای میانگین بالاتری است اتفاق افتاده است و در صورت منفی بودن این نسبت ( $h/d > 0$ ) مفهوم آن این است که غالیت نسبی به طرف والدی اتفاق افتاده که دارای میانگین کوچک تری برای صفت مورد بررسی می باشد.

وراثت پذیری عمومی و خصوصی در جدول ۴ آمده است. وراثت پذیری خصوصی (VA/VP) درجه شباهت بین خویشاوندان را معین می کند و در نتیجه در برنامه های اصلاحی بیشترین اهمیت را دارا می باشد. در حالی که وراثت پذیری عمومی (VG/VP) بیشتر از لحاظ نظری غالب توجه است تا از لحاظ عملی. در نتیجه واریانس افزایشی تعیین کننده اصلی ویژگی های ژنتیکی

برآذش تمام مدل ها به وسیله آزمون نیکویی برآذش بر مبنای توزیع کاسکوئر (Chi-square) با چهار، سه، دو و یک درجه آزادی ارزیابی شد که به آنها آزمون مقیاس وزنی گویند (Mather, 1949). عکس و ضرب کردن MINITAB های مربوطه به وسیله نرم افزار آماری ANGAM گرفت. اجزای تنوع (Variation) از شش نسل به قرار زیر محاسبه می شود (Mather and Jinks, 1982)

$$E_W = \frac{1}{4} (Vp_1 + Vp_2 + 2V_{f1})$$

$$D = 4V_{F2} - 2(V_{BC1} + V_{BC2} - E_W)$$

$$H = 4(V_{BC1} + V_{BC2} - V_{F2} - E_W)$$

$$F = V_{BC1} - V_{BC2}$$

در فرمول های بالا  $E_W$  جزء غیر ژنتیکی تنوع،  $(D)$  جزء افزایشی،  $(H)$  جزء غالیت تنوع،  $(F)$  سهم غیر مستقل  $(d)$  و  $(h)$  روی تمام مکان های ژنی می باشند. مقادیر  $\frac{1}{2} (D \times H)$  و  $\frac{1}{2} (H/D)$  به ترتیب متوسط غالیت و انحرافات غالیت در هر مکان ژنی را نشان می دهند. هم چنین وراثت پذیری عمومی و خصوصی و کمترین تعداد ژن های کنترل کننده صفات مورد بررسی به وسیله فرمول های مختلف برآورد شدند (Mather and jinks, 1982 ؛ فرشادفر، ۱۳۷۷).

نتایج تجزیه واریانس وزنی (جدول ۱) نشان می دهد که تفاوت معنی داری بین نسل های مورد بررسی برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱٪ وجود دارد و لذا تجزیه میانگین نسل ها بلامانع می باشد. میانگین صفات اندازه گیری شده در شش نسل در جدول ۲ نشان داده شده است. همان طور که قابل انتظار می باشد و از این جدول هم بر می آید با توجه به خطای معیار نسل های مختلف تنوع موجود در  $F_2$  و نسل های  $I_1$  و  $BC_2$  بیشتر از والدین و  $F_1$  می باشد. این جدول هم چنین نشان می دهد که تفکیک متجاوز در نسل  $F_2$  بسوی دو والد اتفاق افتاده است که در برنامه های اصلاحی حائز اهمیت بالایی می باشد. برآوردهای اثر ژن همراه با آزمون مقیاس وزنی و کاسکوئر در جدول ۳ آمده است. اگر

برای صفات وزن هزاردانه، طول ریشک و رنگ گلوم اثر متقابل افزایشی  $\times$  غالیت [j]، معنی دار نگردید (جدول ۳)، که این امر ممکن است به علت خنثی کردن اثر مثبت و منفی در مکان‌های ژنی متفاوت باشد. این نوع اپیستازی نمی‌تواند به وسیله انتخاب (خصوصاً در نسل‌های اولیه در حال تفرق) تثیت گردد. برای تمامی صفات به جز وزن هزار دانه، وضعیت ریشک و رنگ گلوم، اثر افزایشی معنی دار گردید، این مشاهدات با نتایج ادواردز و همکاران (Edwards et al., 1976) مطابقت خوبی دارد.

اصولاً با توجه به اثر اپیستازی و هم‌چنین کفایت نداشتن مدل افزایشی- غالیت می‌توان بیان کرد که هر چه عوامل ژنتیکی کنترل کننده صفات افزایش می‌یابند تعداد اثر متقابل بین آن‌ها نیز افزایش می‌یابد (قناوهای، ۱۳۷۸). معنی دار شدن مقدار کاسکوئر برای ارتفاع بوته (جدول ۳) نشان می‌دهد که مدل‌های مورد بررسی برای توجیه نحوه توارث این صفت کافی نمی‌باشد و اثر متقابل دیگری نظیر اثر متقابل سه ژنی و چهار ژنی بین ژن‌های کنترل کننده این صفت وجود دارد. نتایج حاصل از این آزمایش با نتایج چایوده‌هاری و همکاران (Chaudhary et al., 1996) نیز مطابقت دارد. این محققین با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها در سه تلاقی گندم ژنتیک تعدادی از صفات کمی از جمله عملکرد و اجزاء آن را مورد بررسی قرار دادند که هم آزمون وزنی و هم آزمون مقیاس مشترک، حضور عمل اپیستازی را در کنترل اکثر صفات و در هر سه تلاقی آشکار ساخت.

کولاکو (Collaku, 1994) در آزمایشی که به منظور گزینش برای عملکرد و اجزاء آن در یک جمعیت گندم زمستانه انجام داد نتیجه گرفت که عمل اپیستازی ژن در وراثت وزن دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله نقش دارد.

قابل مشاهده در جمعیت و نیز پاسخ این جمعیت در مقابل گزینش است. به علاوه واریانس افزایشی تنها جزئی است که می‌توان به سادگی آن را از طریق مشاهده‌های روی جمعیت برآورد کرد (Mather, 1949).

اجزاء تنوع بر اساس شش نسل یعنی  $Vp_1$ ،  $Vp_2$ ،  $VBC_1$ ،  $VBC_2$ ،  $Vf_1$  و  $Vf_2$  در جدول ۵ آمده است. جزء افزایشی (D) در هفت صفت بیشتر از جزء غالیت (H) بوده و متوسط غالیت ژنی  $\frac{1}{2}$  (H/D) در همان صفات کمتر از یک می‌باشد که بیانگر اهمیت جزء افزایشی می‌باشد. در این آزمایش مقادیر انحراف غالیت  $\frac{1}{2}$  (H×D) دامنه‌ای بین ۰/۲۷-۰/۴-۰/۸۶ تا برای تمام صفات داشته است. هم‌چنین کمترین تعداد ژن کنترل کننده صفات مورد بررسی نیز که با استفاده از فرمول‌های مختلف برآورد گردید در جدول ۶ آمده است.

در یک برنامه اصلاحی اطلاعات در باره نحوه عمل ژن مهم می‌باشد. چون اطلاعات کمی در این باره در منابع وجود داشت این تحقیق انجام گرفت. تجزیه میانگین نسل‌ها به ما اجازه می‌دهد که اثر افزایشی، غالیت و حضور اپیستازی را تعیین نمائیم. و در این زمینه آزمون مقیاس وزنی قوی‌ترین آزمون می‌باشد.

به منظور ساده کردن روش‌های آماری، تمام مدل‌های ژنتیکی دارای فرضیاتی می‌باشند که بر اساس ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) فرضیات تجزیه میانگین نسل‌ها عبارتند از: الف- والدین باید هموزیگوت باشند. ب- اثر متقابل ژنوتیپ در محیط وجود نداشته باشد. ج- ژن‌های مقاومت در یک والد وجود داشته باشد. د- تعادل لینکاژی برای مدل‌های اپیستازی وجود داشته باشد. اصولاً اگر مدل افزایشی- غالیت کفایت نکند معنی آن این است که حداقل یک فرضیه معتبر نمی‌باشد (Mather, 1949).

جدول ۱ - تجزیه واریانس وزنی صفات مورد نظر در نسل‌های مختلف برای تلاقی سرداری × لاین شماره ۱۴ در گندم نان

Table 1. Weighted analysis of variance for measured traits in different generations of cross of Sardari × line No. 14 in bread wheat

		میانگین مرباعات (MS)													
(S.O.V)	منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن سنبله	ارتفاع بوته	تعداد دانه	وزن دانه در سنبله	وزن ۱۰۰۰ دانه	وزن ریشک	طول سنبله	طول ریشک	وضعیت ریشک	تراکم سنبله	رنگ دانه	تعداد پنجه	
		df	Spike weight	Plant height (cm)	Kernel	dr. spike	Kernel wt./spike (g)	Awn	Spike length (cm)	length (cm)	state	Awn state	Spikelet density	Kernel color	No. of tiller
Replication	بلوک	2	86.16 <sup>ns</sup>	0.13 <sup>ns</sup>	0.09 <sup>ns</sup>	185.11*	0.1	4.02 <sup>ns</sup>	0.14 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>	11.95 <sup>ns</sup>	348.87 <sup>ns</sup>	9.84 <sup>ns</sup>		
Generations	نسل‌ها	5	350.21**	18.01**	10.32**	813.41**	112.0	448.41**	345.01**	463.30**	251.52**	828.02**	600.89**		
Error	خطا	10	35.51	0.23	0.13	33.95	0.2	11.67	17.41	16.93	31.40	283.63	10.56		
C.V%			17.12	8.55	14.37	8.68	9.9	17.79	6.65	20.56	32.16	16.83	6.65		

ns, \* and \*\* : Non significant, significant at the 5 and 1% probability levels, respectively.

\* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی دار، معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

"عمل ژن برای بعضی صفات کمی در ..."

## جدول ۲ - میانگین و خطای معیار صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی سرداری × لاین شماره ۱۴ گندم نان

Table 2. Mean along with standard error of measured traits in cross of Sardari \* line No. 14 in bread wheat

نسل Generation	وزن سنبله Spike weight (g)	ارتفاع بوته Plant height (cm)	وزن دانه در سنبله Kernel no./spike	وزن ۱۰۰۰ دانه 1000 KW wt./spike (g)	طول ریشک Awn length (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	وضعیت ریشک Awn state	تراکم سنبله Spikelet density	رنگ دانه Kernel color	تعداد پنجه No. of tiller	
P <sub>1</sub>	2.84±0.79	57.06±9.70	49.80±7.08	1.77±0.39	32.37±5.99	4.18±1.68	9.68±1.33	3.80±1.79	3.00±1.41	1.80±0.45	14.80±1.30
P <sub>2</sub>	4.22±0.86	74.20±9.93	68.60±6.79	2.96±0.44	38.60±5.89	7.04±1.66	10.38±1.22	4.20±1.79	6.60±1.67	2.80±0.45	19.20±1.48
F <sub>1</sub>	2.68±0.86	78.48±7.61	47.00±5.87	2.05±0.40	39.71±6.19	5.54±1.48	11.04±1.27	3.20±1.79	4.20±1.10	2.20±0.45	15.60±1.14
F <sub>2</sub>	3.18±1.38	66.21±14.16	71.37±9.76	3.09±0.98	36.55±7.42	7.34±2.32	11.21±1.88	5.00±2.03	3.93±1.87	2.00±0.59	17.17±2.67
BC <sub>1</sub>	3.50±1.36	59.97±12.82	74.13±8.14	3.41±0.97	35.50±6.55	4.61±2.09	11.58±1.37	4.13±1.83	4.33±1.80	2.40±0.51	14.80±2.54
BC <sub>2</sub>	3.42±1.34	58.00±13.21	69.27±7.71	2.77±0.91	40.99±7.06	5.01±1.71	10.83±1.35	4.93±1.81	3.93±1.83	2.13±0.52	17.00±2.54

P<sub>1</sub> = لاین ۱۴، P<sub>2</sub> = رقم سرداری، F<sub>1</sub> = ۱۴ × سرداری، F<sub>2</sub> = نسل حاصل از خودگذشتی F<sub>1</sub>، BC<sub>1</sub> = سرداری (۱۴ × سرداری)، BC<sub>2</sub> = ۱۴ (۱۴ × سرداری).

P<sub>1</sub> = 14, P<sub>2</sub> = Sardari, F<sub>1</sub> = 14 × Sardari, F<sub>2</sub> = Selfing generation of F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> = Sardari (14 × Sardari), BC<sub>2</sub> = 14 (14 × Sardari).

### جدول ۳- برآورد میانگین و اجزاء ژنتیکی برای صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی سرداری × لاین شماره ۱۴ گندم نان

Table 3. Estimation of mean and genetical components for measured traits in cross of Sardari × line No. 14 in bread wheat

Trait	میانگین (Mean)	اثر افزایشی Additive m	اثر غالیت Dominant effect [h]	اثر افزایشی × افزایشی Additive × Additive [i]	اثر افزایشی × غالیت Additive × Dominant [j]	اثر غالیت × غالیت Dominant × Dominant [L]	کاسکوثر $\chi^2$	درجه غالیت Dominant degree [h/d]
Spike weight (g)	وزن سنبله	3.61±0.15**	-0.72±0.25*	-0.49±0.86 ns	-	1.59±0.04**	-0.33±0.07**	0.79 ns
Spike length (cm)	طول سنبله	10.36±0.21**	-1.44±0.32**	3.02±0.96*	-	4.86±0.32**	-2.28±0.27**	0.28 ns
Kernel no./spike	تعداد دانه در سنبله	56.21±2.67**	-15.49±4.41*	73.56±12.92**	-	37.62±2.31**	-84.83±1.38**	0.07 ns
Kernel wt./ spike (g)	وزن دانه در سنبله	2.37±0.08**	-0.59±0.13**	3.21±0.51*	-	2.47±0.06*	-3.52±0.06**	0.00 ns
1000 kw (g)	وزن ۱۰۰۰ دانه	33.35±3.87**	-3.11±1.88 ns	7.20±6.04 ns	2.52±4.26 ns	-4.55±6.23 ns	-	0.51 ns
Awn length (cm)	طول ریشک	10.36±0.21*	-1.44±0.32**	3.02±0.95*	-	4.86±0.32 ns	-2.28±0.27 ns	0.28 ns
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	63.71±1.89**	-8.53±3.10*	-13.11±8.47 ns	-	20.14±1.27**	25.57±1.05**	5.47 *
No. of tiller	تعداد پنجه	22.07±1.38**	-2.30±0.19**	-13.13±1.81**	5.07±2.86 ns	-	3.67±31.03 ns	0.00 ns
Awn state	وضعیت ریشک	3.70±1.09*	-0.95±0.43 ns	3.23±1.72 ns	1.64±1.21 ns	-	-	4.71 ns
Spikelet density	تراکم سنبله	3.64±0.83**	-1.80±0.49*	0.53±1.19 ns	1.13±0.97 ns	4.39±1.65*	-	0.04 ns
Glume color	رنگ گلوم	1.19±0.27**	-0.30±0.14 ns	0.65±0.43 ns	0.33±0.30 ns	0.74±0.46 ns	-	0.34 ns
Kernel color	رنگ دانه	1.81±0.29**	-0.50±0.14**	0.48±0.45 ns	0.53±0.33 ns	1.54±0.47*	-	1.31 ns
Kernel coverage	پوشیدگی دانه	1.85±0.10**	-0.69±0.19**	0.13±0.49 ns	-	1.48±0.14**	1.00±0.15**	1.70 ns

ns, \* and \*\*: Non significant, significant at the 5 and 1% probability levels, respectively.

ns ، \* و \*\* به ترتیب غیرمعنی دار، معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

Dash (-): These effects did not enter to the model.

خط تیره (-) : نشان می دهد که اثر مربوط وارد مدل نشده است.

جدول ۴- برآورد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفات مورد نظر  
در تلاقی سرداری × ۱۴ گندم نان

Table 4. Estimation of broadsense and narrowsense heritabilities of measured traits for cross of Sardari × 14 in bread wheat.

Trait	صفت	وراثت‌پذیری خصوصی ( $h^2n$ )	وراثت‌پذیری عمومی ( $h^2b$ )
Spike weight (g)	وزن سنبله	0.10	0.64
Spike length (cm)	طول سنبله	0.75	0.78
Kernel no./ spike	تعداد دانه در سنبله	0.41	0.54
Kernel wt./ spike (g)	وزن دانه در سنبله	0.17	0.83
1000 KW (g)	وزن ۱۰۰۰ دانه	0.31	0.33
Awn length (cm)	طول ریشک	0.25	0.81
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	0.31	0.62
No. of tiller	تعداد پنجه	0.19	0.77
Kernel coverage	پوشیدگی دانه	0.58	0.70
Awn state	وضعیت ریشک	0.23	0.40
Spikelet density	تراکم سنبله	0.12	0.49
Glume color	رنگ گلوم	0.48	0.72
Kernel color	رنگ دانه	0.42	0.48

در یک والد وزن‌های کاهش دهنده در والد دیگر جمع شده‌اند. ماهیت متضاد نیز در این آزمایش برای صفات وزن هزار دانه، تعداد پنجه، وضعیت ریشک، تراکم سنبله، رنگ گلوم و رنگ دانه

بزرگتر بودن مقادیر [d] در مقایسه با [h] که برای صفات ارتفاع بوته و تعداد پنجه مشاهده می‌شود (جدول ۳) همبستگی ژن‌ها (Gene association) را بیان می‌کند. به عبارت دیگر ژن‌های افزایش دهنده صفت

جدول ۵- اجزای تنوع برای صفات مختلف در تلاقی سرداری × ۱۴ گندم نان

Table 5. Variation components for measured traits for cross of Sardari × 14 in bread wheat

Trait	صفت	واریانس محیطی (EV)	واریانس افزایشی و غالیت (F)	اثر متقابل اجزای افزایشی و غالیت	واریانس غالیت (H)	واریانس افزایشی (D)	انحراف غالیت $F/(D \times H)^{1/2}$	متوسط غالیت $(H/D)^{1/2}$
Spike weight (g)	وزن سنبله	0.69	-0.03	1.03	0.19	-0.06	2.32	
Spike length (cm)	طول سنبله	0.76	0.37	0.13	2.64	0.63	0.22	
Kernel no./ spike	تعداد دانه در سنبله	181.55	-19.24	47.76	161.13	-0.21	0.54	
Kernel wt./ spike (g)	وزن دانه در سنبله	0.17	-0.005	0.63	0.17	-0.15	1.92	
1000 KW (g)	وزن ۱۰۰۰ دانه	36.78	3.47	0.93	17.28	0.86	0.23	
Awn length (cm)	طول ریشک	1.01	0.25	2.97	1.31	0.12	1.50	
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	77.10	5.04	61.00	62.54	0.08	0.98	
No. of tiller	تعداد پنجه	-1.63	-0.01	4.15	1.33	-4.27	1.76	
Kernel coverage	پوشیدگی دانه	0.23	0.03	0.08	0.43	0.16	0.43	
Awn state	وضعیت ریشک	3.20	-0.04	-0.72	1.66	-	0.00	
Spikelet density	تراکم سنبله	1.80	0.06	1.28	0.43	0.08	1.72	
Glume color	رنگ گلوم	0.20	0.01	0.04	0.02	0.50	1.41	
Kernel color	رنگ دانه	0.20	0.00	-0.02	0.17	-	0.00	

مهم‌ترین خصوصیات یک صفت کمی است، مهم‌ترین نقش وراثت‌پذیری در مطالعه ژنتیکی صفات کمی نقش پیش‌بینی کننده آن است که حد اطمینان ارزش فتوتیپی افراد را به عنوان راهنمایی برای ارزش زادآوری آن‌ها نشان می‌دهد. برآوردهای وراثت‌پذیری از این جهت مهم است که اطلاعات لازم برای انتقال صفات از والدین به نتاج را فراهم کرده و بنابر این ارزیابی اثرات ژنتیکی و محیطی در تنوع فتوتیپی را تسهیل و به گزینش کمک می‌کند. (فالکونر، ۱۳۷۷).

دیده می‌شود چرا که علامت [d] و [i] متضاد می‌باشند (جدول ۳). وراثت‌پذیری عمومی متوسطی برای کلیه صفات مورد بررسی به دست آمد، حداقل این مقدار برابر با ۳۳ درصد برای وزن هزار دانه و حداً کثر ۸۳ درصد برای وزن دانه در سنبله می‌باشد (جدول ۴).

مقادیر وراثت‌پذیری خصوصی متفاوتی برای صفات مورد بررسی به دست آمد که حداقل آن ۱۰ درصد برای وزن سنبله و حداً کثر ۷۵ درصد برای طول سنبله می‌باشد (جدول ۴). وراثت‌پذیری یکی از

#### جدول ۶- برآورد تعداد ژن (فاكتورهای) مؤثر برای صفات مورد نظر در تلاقی سرداری $\times$ ۱۴ گندم نان

Table 6. Estimation of gene number (effective factors) for measured traits in cross of Sardari  $\times$  14 in bread wheat

Trait	صفت	فرمول <sup>۱</sup> (Formula <sup>۱</sup> )					
		1	2	3	4	5	6
Spike weight (g)	وزن سنبله	1	1	2	1	1	1
Spike length (cm)	طول سنبله	1	1	1	1	2	1
Kernel no./ spike	تعداد دانه در سنبله	1	1	1	1	1	2
Kernel wt./ spike (g)	وزن دانه در سنبله	1	1	2	1	1	1
1000 KW (g)	وزن ۱۰۰۰ دانه	1	1	2	1	3	1
Awn length (cm)	طول ریشک	1	1	1	1	1	1
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	1	1	2	1	2	1
No. of tiller	تعداد پنجه	1	1	1	1	1	1
Kernel coverage	پوشیدگی دانه	1	1	1	1	2	1
Awn state	وضعیت ریشک	1	1	4	4	4	1
Spikelet density	تراکم سنبله	1	1	1	1	1	2
Glume color	رنگ گلوم	1	1	3	1	3	1
Kernel color	رنگ دانه	1	1	1	1	1	2

$$1-1: n = (\mu_{P2} - \mu_{P1})^2 / [8(\delta_{F2}^2 - \delta_{F1}^2)]$$

$$2: n = (\mu_{P2} - \mu_{P1})^2 / \{8[\delta_{F2}^2 - (0.5\delta_{F1}^2 + 0.25\delta_{P2}^2)]\}$$

$$3: n = (\mu_{P2} - \mu_{P1})^2 / \{8[(\delta_{BC1}^2 + \delta_{BC2}^2)]\}$$

$$4: = (\mu_{P2} - \mu_{P1})^2 / \{8[(\delta_{BC1}^2 + \delta_{BC2}^2) - (\delta_{F1}^2 + 0.5\delta_{P1}^2 + 0.5\delta_{P2}^2)]\}$$

$$5: n = (\mu_{F1} - \mu_{P1})^2 / \{4[(\delta_{BC1}^2 - 0.5(\delta_{F1}^2 + \delta_{P1}^2)]\}$$

$$6: n = (\mu_{P2} - \mu_{F1})^2 / \{[4(\delta_{BC2}^2 - 0.5(\delta_{F1}^2 + \delta_{P2}^2)]\}$$

محقق نشان دهد (Mulitz and Baker, 1985). تعداد عوامل ژنتیکی در حال تفرق که به وسیله ژنتیک کمی شناسایی می‌گردد بسیار مهم می‌باشد و در اینجا تعداد

دانستن این که یک صفت با تعداد کمی ژن اصلی و یا تعداد زیادی ژن فرعی کنترل می‌شود، بسیار با اهمیت می‌باشد، چون این امر استراتژی انتخاب را می‌تواند به

را به محقق می‌دهد (Multiz et al., 1985). به این دلیل است که مقادیر عددی مربوط به تعداد ژن توسط فرمول‌های مختلف، متفاوت می‌باشد. یکی از راه‌های موفقیت در برنامه اصلاحی و تعیین روش اصلاحی داشتن اطلاعات از نحوه توارث صفت در نسل‌های مختلف می‌باشد. لذا تعیین اثر ژن و اجزاء ژنتیکی شرکت کننده در کنترل صفات از عوامل اصلی برای موفقیت در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (Yadava et al., 1995).

با تشکر از حوزه معاونت پژوهش دانشگاه تهران مرکز پژوهش‌های علمی ریاست محترم جمهوری که بودجه لازم را برای اجرای این تحقیق که قسمتی از طرح ملی به شماره ۹۸۵ می‌باشد را فراهم نمودند.

واحدها (عوامل مؤثر) که در حال تفرق هستند برآورد می‌شوند که الزاماً مشابه با تعداد متفاوت مکان‌های ژنی نمی‌باشد که به همین دلیل تعداد عوامل مؤثر به جای تعداد ژن بایستی به کار برده شود (Lande, 1981). در برآورد تعداد ژن فرضیاتی باید مد نظر باشد همچون: ۱) هیچ رابطه سیستماتیک بین میانگین و واریانس وجود نداشته باشد. ۲) عدم وجود اپیستازی. ۳) عدم پیوستگی ژن‌ها. ۴) ژن‌های مورد نظر اثر مساوی داشته باشند. ۵) یک والد فقط دارای آلل‌های مثبت ژن‌هایی که دو والد از لحاظ آن‌ها متفاوت هستند باشد در حالی که والد دیگر آلل‌های منفی را دارا باشد. ۶) درجه مساوی برای همه آلل‌های مثبت وجود داشته باشد. چون در عمل محتمل نیست که همه فرض‌های یاد شده صادق باشند لذا برآورد تعداد فاکتور مؤثر در حال تفرق برآورد صحیحی را ارائه نمی‌دهد هر چند الگوئی نه چندان دقیق

## References

- بی‌نام. ۱۳۸۰. آمارنامه وزارت جهاد کشاورزی. ۳۶۵ صفحه.
- عبد میشانی، س. و ع. بوشهری. ۱۳۷۶. اصلاح نباتات تکمیلی (جلد اول)، انتشارات دانشگاه تهران. ۳۲۲ صفحه.
- فالکونر، د، اس. ۱۳۷۷. آشنایی با ژنتیک کمی. ترجمه: ولی زاده، م. و م. مقدم. انتشارات دانشگاهی تهران. ۵۴۸ صفحه.
- فهر، و، آر. ۱۳۷۵ صول اصلاح گیاهان زراعی. ترجمه: صدرآبادی حقیقی، د.، س، ح، مرعشی و م. نصیری محلاتی. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد. ۵۳۸ صفحه.
- قنادها، م. ۱۳۷۷. مطالعه نحوه توارث طول دوره کمون در چهار رقم گندم نسبت به زنگ زرد. مجله علوم زراعی ایران. جلد ۱، شماره ۱: صفحات ۷۱-۵۳.
- قنادها، م. ۱۳۷۸. عمل ژن برای مقاومت در مرحله بلوغ نسبت به زنگ زرد در گندم. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۲، شماره ۲: صفحات ۴۰۷-۳۹۷.
- واعظی، ش. س، عبد میشانی. ب، یزدی صمدی. و. م. ر. قنادها. ۱۳۷۸. تجزیه ژنتیکی بعضی از خصوصیات کمی ذرت. ۱- تجزیه میانگین عملکرد و صفات وابسته به آن. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۰، شماره ۴: صفحات ۸۵۰-۸۳۹.

Anderson. V. L and D. Kempthorns. 1971. A model for the study of quantitative inheritance. Genetics 39: 883-898.

- Bushuk, W. and V. F. Rasper. 1994. Wheat production, properties and quality. Blakie Academic and Professional - An important Chapman and Hall. 295 pp.
- Chaudhary, B. D., R. K. Pannu, D. P. Singh, and P. Jingh. 1996. Genetic of metric traits related with biomass partitioniny in wheat under drought stress. Annats of Biology. **12:** 361-367.
- Collaku, A. 1994. Selection for yield and its components in a winter wheat population under different environmental condition in Albania. Plant Breeding. **112:** 1, 401-406.
- Edwards, L., H. Ketata and E. L. Smith. 1976. Gene action of heading date , plant height and other characters in two winter wheat crosses. Crop Sci .**16:** 275-279.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda. 1985. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. Ames Iowa. 275 pp.
- Lande R. 1981. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. Genetics **90:** 541-553.
- Mather, K. 1949 . Biometrical Genetics. Methuen, London , 162PP.
- Mather, K. and J. L. Jinks. 1982. Biometrical genetics- the study of continuous variation. Chapman and Hall. London. 390 pp.
- Mulitze, D. K. and R. J. Baker. 1985. Evaluation of biometrical methods for estimation the number of genes 1- effect of sample size. Theor. Appl. Genet. **69:** 553-558.
- Robinson, H. S. and R. E. Comstock. 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. Genetics **40:** 45-60.
- Singh, G., G. S. Manda and V. Sohu. 1998. Genetics effects for grains per spike, grain weight and grains per spikelet in a set of nineteen crosses of wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding **58 (1):** 83-89.
- Yadava, B., C. Tyagi and D. Singh. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. Annals of Applied Biology **133 (2):** 227-235.
- Yadava, R., N. Maherchandani, M. Singh. And R. Singh. 1995. Comparison of the observed and predicted frequencies of transgressive segregates for yield and related traits in two bread wheat populations. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding **55(3):** 266-272.

## Gene action for some quantitative traits in bread wheat: Sardari \* Line No.14 Cross

K. Mostafavi<sup>1</sup>, A. Hosseinzadeh<sup>2</sup>, H. Zeinali Khanghah<sup>3</sup>

### ABSTRACT

Increasing of yield is the most important objective of plant breeders in breeding programs. However, yield is a complex trait and includes several quantitative components. Its inheritance is polygenic, hence studying and improving the associated components to yield would promote yield. The objective of this study was to study the inheritance of quantitative traits in bread wheat using generations mean analysis (GMA). Sardari cultivar and inbred line 14, with different characteristics were crossed to develop the F1 generation. The F1 plants were selfed and backcrossed to both parents to produce F2 and backcross generations, respectively. All generations (F1, F2, BC1 and BC2) along with relevant parents were planted in field experimental station, Faculty of agricultural Tehran University, using a randomized complete block design (RCBD) with three replications. Generation mean analysis was performed using scaling test which assesses all generations simultaneously. The generations mean squares of the following traits: spike weight, plant height, number of kernel per spike, kernel weight per spike, 1000-kernel weight, awn length, spike length, awn status, spikelet compactness, kernel color, and number of tillers, were significant. The minimum number of genes controlling these traits, were 2, 2, 2, 2, 5, 1, 2, 4, 2, 2, 2 and 1, respectively. The average of broadsense and narrow-sense heritabilities were 62% and 33%, respectively. Gene effects including mean, additive, dominance, epistasis effects as well as additive × additive, additive × dominance and dominance × dominance were observed for all traits. For awn length and number of tillers, additive and dominance effects and for other traits except awn status and glume color, the epistasis effects (specially additive × dominance and dominance × dominance) were determined as the most important effects in controlling the heritability of these traits. For spike weight, spike length, kernel weight per spike, awn length, plant height, spikelet compactness, and kernel color additive effect was more important than dominant effect. However, for number of kernel per spike dominant effect was more important than additive effect.

**Key words:** Generations mean analysis, Bread wheat, Gene effects, Number of gene, Heritability.

---

1, 2 and 3: Former MSc. student, Assistant Professor and Associate Professor, University of Tehran, Karaj, Respectively