"مجله علوم زراعي ايران"
جلد ششم، شماره ۲، تابستان ۱۳۸۳

عمل ژن براي بعضي صفات كمي در تلاقي گندم سرداري با لاين ١٤
Gene action for some quantitative traits in bread wheat: Sardari * Line No. 14 Cross

خداداد مصطفوی[۱]، عبدالهادی حسین زاده[۲]، حسن زینالی خانقاه[۳]

چكيده

افزايش عملكرد مهم‌ترين هدف بهنژادگران در برنامه‌هاي اصلاحي مي‌باشد. از آن جا كه عملكرد صفت پيچيده‌اي است كه اجزاي كمي بسياري را در بر مي‌گيرد و داراي وراثت پلي‌ژنيك است مطالعه و بهبود اجزاي مرتبط با عملكرد نيز باعث ارتقاي مقدار محصول خواهد شد. هدف از اين بررسي مطالعه نحوه توارث صفات كمي در گندم نان با استفاده از تجزيه ميانگين نسل‌ها بود. رقم سرداری و لاين ١٤ با ويژگي‌هاي متفاوت با يكديگر تلاقي داده شدند و نتاج F_1 جهت توليد نسل F_2 خودبارور شدند و هم‌چنين به منظور توليد نتاج بك كراس با هر يك از والدين تلاقي داده شدند. تمام نسل‌ها شامل F_1 ، F_2 ، BC_1 ، BC_2 و والدين در يك طرح آزمايشي در كرج در قالب طرح بلوك هاي كامل تصادفي با سه تكرار كشت گرديدند. تجزيه ميانگين نسل‌ها با استفاده از آزمون مقياس مشترك كه همزمان تمام نسل‌ها را مورد آزمون قرار مي‌دهد انجام شد. ميانگين مربعات نسل‌ها براي تمامي صفات شامل وزن سنبله، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه، طول ريشك، طول سنبله، وضعيت ريشك، تراكم سنبلچه، رنگ دانه و تعداد پنجه معني‌دار بود. حداقل تعداد ژن كنترل كننده اين صفات به ترتيب ٢، ٢،٢ ، ٢، ٥، ١، ٢، ٤، ٢، ٢، ٢ و ١، برآورد گرديد. متوسط وراثت پذيري عمومي و خصوصي براي تمامي صفات به ترتيب ٦٢ و ٣٣ درصد بود. ميانگين و تمام اثر ژن‌ها شامل افزايشي، غالبيت، اثر اپيستازي افزايشي× افزايشي، افزايشي × غالبيت و غالبيت × غالبيت براي صفات مورد بررسي مشاهده شد. براي صفات طول ريشك وتعداد پنجه اثر افزايشي و غالبيت و براي ديگر صفات به استثناي وضعيت ريشك و رنگ گلوم انواع اپيستازي مخصوصا اثر افزايشي × غالبيت و غالبيت × غالبيت مهم‌ترين عوامل كنترل توارث شناخته شد. براي صفات وزن سنبله، طول سنبله، وزن دانه در سنبله، طول ريشك، ارتفاع بوته، تراكم سنبلچه، رنگ دانه و پوشيدگي دانه اثر افزايشي مهم‌تر از اثر غالبيت و براي صفت تعداد دانه در سنبله اثر غالبيت مهم‌تر از اثر افزايشي شناخته شد.

واژه‌هاي كليدي: تجزيه ميانگين نسل‌ها، گندم نان، اثر ژن، تعداد ژن، وراثت پذيري.

مقدمه

امروزه گندم غذای اصلی مردم بسیاری از کشورها می‌باشد. به طور متوسط سالیانه ۱۵٪ تا ۱۶٪ زمین‌های زیر کشت جهان به این محصول اختصاص داده می‌شود. به طوری که بیش از ۲۰٪ کالری مورد نیاز جمعیت جهان را تأمین می‌کند (Bushuk and Rasper, 1994). در ایران نیز گندم به عنوان منبع عمده تأمین کالری و پروتئین مورد نیاز جمعیت کشور بوده به طوری که

تاریخ دریافت: ۱۳۸۲/٤/۲٤ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۳/٦/۲٦

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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

۷۵٪ پروتئین و ٦٥٪ کالری دریافتی روزانه هر فرد از نان تأمین می‌شود (بی‌نام، ۱۳۸۰؛ عبد میشانی و بوشهری، ۱۳۷٦).

بهنژادگران می‌توانند با استفاده از طرح‌های مختلف آمیزشی اجزای ژنتیکی کنترل کننده صفات را در جمعیت گیاهان مورد مطالعه برآورد کنند. این طرح‌های تلاقی از حیث مواد ژنتیکی برای برآورد پارامترها، متفاوت هستند. نوع مواد ژنتیکی قدرت برآورد اجزای افزایشی، غالبیت 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، تلاقی دی آلل، طرح‌های I ,II ,III رابینسون و کامستاک (Robinson and Comstock, 1955)، تلاقی سه جانبه و تجزیه لاین × تستر 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 سنبله‌را مورد بررسی قرار داده، این محققین به این نتیجه رسیدند که در بیشتر تلاقی‌ها اثر افزایشی و افزایشی ـ افزایشی معنی‌دار می‌باشد و اثر غالبیت و غالبیت ـ غالبیت ژن هم اهمیت زیادی دارند به طوری که در ۳۳٪ از تلاقی‌ها این نوع اپیستازی مشاهده شدند، اما به دلیل وجود اثر اپیستازی مضاعف غیر قابل بهره‌برداری می‌باشند.

یاداوا و همکاران (Yadava et al., 1998) با مطالعه‌ای که روی شش رقم گندم ونتاج حاصل از تلاقی این ارقام 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 معنی‌دار می‌باشد. هم‌چنین این پژوهشگران از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها نشان دادند که مدل افزایشی و غالبیت برای توجیه تمام صفات در کلیه تلاقی‌ها کافی نمی‌باشد.

هم‌چنین ادواردز و همکاران (Edvards et al., 1976) با استفاده از تجزیه ژنتیکی در دو تلاقی 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 معنی‌دار 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 غالبیت 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 وجودمزایایی که دارد دارای‌محدودیت‌هایی‌نیز 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 کمّی از طریق روش تجزیه میانگین نسل‌ها می‌باشد.

مواد و روش‌ها

رقم سرداری و لاین ١٤ (یک accession نگهداری شده در بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر) با خصوصیات مختلف در سال زراعی ۸۰-۱۳۷۹ کاشته و در بهار در موقع مناسب تلاقی بین آن‌ها انجام شد. از جمله خصوصیاتی که مورد بررسی و

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

توجه بودند این که در رقم سرداری گلوم بدون کرک، دانه توسط گلوم کاملاً پوشیده، تراکم سنبلچه (تعداد سنبلچه در واحد طول سنبله) به صورت تنک، رنگ دانه تیره و رنگ گلوم قرمز مایل به قهوه‌ای است ولی در لاین ١٤، گلوم کرکدار، پوشیدگی دانه توسط گلوم به صورت نیمه پوشیده، تراکم سنبلچه فشرده، رنگ دانه زرد و رنگ گلوم نیز روشن‌تر از رقم سرداری می‌باشد. از نظر وزن هزار دانه، وزن دانه در سنبله، ارتفاع بوته و وزن سنبله رقم سرداری مقادیر بزرگتری را نسبت به لاین ١٤ از خود نشان می‌دهد. سنبله‌های والدی و بذور F1 هر تلاقی به طور جداگانه برداشت گردید و تجزیه‌های آماری انجام گرفت. بر اساس نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین، این دو ژنوتیپ برای ادامه آزمایش‌ها انتخاب شدند. در سال بعد بذور F_1 برای تلاقی برگشتی با هر والد و نیز تولید F_2 کاشته شدند. گیاهان F_1 به عنوان والد گرده دهنده یا والد پدری با والدین اخته شده به عنوان مادر تلاقی داده شدند تا نسل‌های تلاقی برگشتی ایجاد شود. سنبله‌های تلاقی داده شده در تمامی موارد با پاکت در زمان گلدهی پوشیده شدند تا از دگرگشنی جلوگیری به عمل آید. دو والد به همراه نتاج F_1، F_2، BC_1 و BC_2 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران در سال زراعی ٨١-١٣٨٠ 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 F_2، BC_1 و BC_2 به خاطر دارا بودن هتروزیگوتی با فاصله ده سانتیمتر کشت شدند. نتاج یک کراس هر کدام در دو خط و نتاج F_2 هر کدام در شش خط کشت گردیدند. برای تمام تیمارها طول خط ١/٥ متر، فاصله خطوط ٢٥ سانتیمتر و عمق کاشت چهار سانتیمتر بود. تعداد بوته‌های ارزیابی شده برای نسل‌های مختلف بدین ترتیب بود که برای هر والد و نسل F_1 پنج بوته، برای هر توده F_2، ٣٠ بوته و برای هر توده یک کراس ١٥ بوته ارزیابی شدند. صفاتی که به صورت کمی قابل اندازه‌گیری نبودند بر اساس دستورالعمل (Descriptor) موجود در بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به صورت زیر ارزیابی و رتبه‌دهی شدند: وضعیت ریشک (بدون ریشک=٠، ریشک کوتاه= ٣، ریشکدار = ٥) ، پوشیدگی دانه توسط گلوم و گلومل (گلومل باز= ١، گلومل نیمه پوشیده = ٢، گلومل پوشیده = ٣) ، تراکم سنبلچه یا تعداد سنبلچه در واحد طول سنبله (خیلی تنک = ١، تنک = ٣، متوسط = ٥، فشرده = ٧، خیلی فشرده = ٩) ، رنگ دانه (سفید = ١، زرد = ٢، قرمز = ٣) ، رنگ گلوم (سفید =١، قرمز مایل به قهوه‌ای = ٢ و ارغوانی تا سیاه = ٣). چون تعداد نمونه‌های مورد ارزیابی برای نسل‌های مورد نظر متفاوت بود یک تجزیه وزنی با استفاده از عکس واریانس درون هر نسل برای تجزیه میانگین نسل‌ها استفاده گردید. مدل مورد استفاده برای تجزیه میانگین نسل‌ها 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 نسل‌ها در یک تلاقی، [d] مجموع اثرات افزایشی، [h] مجموع اثرات غالبیت، [i] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی، [j] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی و غالبیت، [l] مجموع اثر متقابل بین آثار غالبیت. α، β ، α^2، $2\alpha\beta$ و β^2 حاصل ضرب‌های پارامترهای ژنتیکی می‌باشند. ضرایب اجزاء ژنتیکی از ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) گرفته شده است. روش استاندارد شامل تخمین آثار ژنی از میانگین انواع میانگین‌های قابل دسترس است که به وسیله مقایسه میانگین نسل‌های مشاهده شده با میانگین‌های مورد انتظار (که از شش پارامتر یاد شده برآورد شده‌اند) انجام می‌گیرد.

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 می‌تواند میانگین‌ها را توجیه نماید.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

برازش تمام مدل‌ها به وسیله آزمون نیکویی برازش بر مبنای توزیع کااسکوئر (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 ماتریس‌های مربوطه به وسیله نرم‌افزار آماری MINITAB انجام گرفت. اجزای تنوع (Variation) از شش نسل به قرار زیر محاسبه می‌شود (Mather and Jinks, 1982):

$$E_W = ¼ (Vp_1 + Vp_2 + 2V_{f1})$$

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

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

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

در فرمول‌های بالا «E_W» جزء غیر ژنتیکی تنوع، «D» جزء افزایشی، «H» جزء غالبیت تنوع، «F» سهم غیر مستقل «d» و «h» روی تمام مکان‌های ژنی می‌باشند. مقادیر $(H/D)^{½}$ و $F/(D\times H)^{½}$ به ترتیب متوسط غالبیت و انحرافات غالبیت در هر مکان ژنی را نشان می‌دهند. هم‌چنین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی و کمترین تعداد ژن‌های کنترل کننده صفات مورد بررسی به وسیله فرمول‌های مختلف برآورد شدند (Mather and jinks, 1982 ؛ فرشادفر، ۱۳۷۷).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس وزنی (جدول ۱) نشان می‌دهد که تفاوت معنی‌داری بین نسل‌های مورد بررسی برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱٪ وجود دارد و لذا تجزیه میانگین نسل‌ها بلامانع می‌باشد. میانگین صفات اندازه‌گیری شده در شش نسل در جدول ۲ نشان داده شده است. همان طور که قابل انتظار می‌باشد و از این جدول هم بر می‌آید با توجه به خطای معیار نسل‌های مختلف تنوع موجود در F_2 و نسل‌های BC_1 و BC_2 بیشتر از والدین و F_1 می‌باشد. این جدول هم‌چنین نشان می‌دهد که تفکیک متجاوز در نسل F_2 بسوی دو والد اتفاق افتاده است که در برنامه‌های اصلاحی حائز اهمیت بالایی می‌باشد. برآوردهای اثر ژن همراه با آزمون مقیاس وزنی و کااسکوئر در جدول ۳ آمده است. اگر در مدل سه پارامتری کااسکوئر معنی‌دار نگردد بدین مفهوم است که مدل افزایشی- غالبیت m ، [d] و [h] برای صفت موردنظر مناسب بوده و هیچ اثر متقابلی وجود ندارد. برای تمامی صفات مورد بررسی مدل سه پارامتری معنی‌دار بود که بیانگر این امر است که این مدل مناسب نبوده و حتی انواع تبدیل‌ها نتوانست به این امر کمک کند و لذا ممکن است اثر متقابل غیر آللی (Non-allelic interaction) وجود داشته باشد (قنادها، ۱۳۷۷). سپس تمام مدل‌های ممکنه برای میانگین‌های مشاهده شده برازش داده شدند تا بهترین مدل پیدا شود. ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) پیشنهاد می‌کنند که برداشتن اجزاء غیر معنی‌دار از مدل شش پارامتری و سپس برازش بقیه اجزاء به عنوان مدل، منجر به برازش مناسب‌تری می‌گردد. باید توجه کرد که در مدل‌های کاهش یافته نسبت به مدل شش پارامتری، خطای معیار تمام اجزاء کمتر از خطای معیار مدل شش پارامتری بوده و در ضمن کااسکوئر آن معنی‌دار نگردیده است که این امر نشان می‌دهد که دقت مدل افزایش یافته است. درجه غالبیت نیز بر طبق انحراف F_1 از میانگین والدین برای تمام صفات درجدول ۳ آمده است. مثبت بودن درجه غالبیت ($0<h/d<+1$) بدین مفهوم است که غالبیت نسبی برای صفت مورد بررسی به طرف والدی که دارای میانگین بالاتری است اتفاق افتاده است و در صورت منفی بودن این نسبت ($-1<h/d<0$) مفهوم آن این است که غالبیت نسبی به طرف والدی اتفاق افتاده که دارای میانگین کوچک‌تری برای صفت مورد بررسی می‌باشد.

وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی در جدول ٤ آمده است. وراثت‌پذیری خصوصی (VA/VP) درجه شباهت بین خویشاوندان را معین می‌کند و در نتیجه در برنامه‌های اصلاحی بیشترین اهمیت را دارا می‌باشد. در حالی که وراثت‌پذیری عمومی(VG/VP) بیشتر از لحاظ نظری جالب توجه است تا از لحاظ عملی. در نتیجه واریانس افزایشی تعیین کننده اصلی ویژگی‌های ژنتیکی

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

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 ، Vf_1 ، Vf_2 ، VBC_1 و VBC_2 در جدول ۵ آمده است. جزء افزایشی (D) در هفت صفت بیشتر از جزء غالبیت (H) بوده و متوسط غالبیت ژنی½ (H/D) در همان صفات کمتر از یک می‌باشد که بیانگر اهمیت جزء افزایشی می‌باشد. در این آزمایش مقادیر انحراف غالبیت ½ F/ (H×D) دامنه‌ای بین ٤/٢٧- تا ٠/٨٦ 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 ٦ 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، غالبیت 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- غالبیت کفایت نکند معنی آن این است که حداقل یک فرضیه معتبر نمی‌باشد (Mather, 1949).

برای صفات وزن هزاردانه، طول ریشک و رنگ گلوم اثر متقابل افزایشی × غالبیت [j] ، معنی‌دار 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) تثبیت گردد. برای تمامی صفات به جز وزن هزار دانه، وضعیت ریشک و رنگ گلوم، اثر افزایشی معنی‌دار گردید، این مشاهدات با نتایج ادواردز و همکاران (Edvards et al., 1976) مطابقت خوبی دارد.

اصولاً با توجه به اثر اپیستازی و هم‌چنین کفایت نداشتن مدل افزایشی- غالبیت می‌توان بیان کرد که هر چه عوامل ژنتیکی کنترل کننده صفات افزایش می‌یابند تعداد اثر متقابل بین آن‌ها نیز افزایش می‌یابد (قنادها، ١٣٧٨). معنی‌دار شدن مقدار کااسکوئر 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 چایودهاری 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 کمّی 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.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

جدول ۱ ـ تجزیه واریانس وزنی صفات مورد نظر در نسل‌های مختلف برای تلاقی سرداری × لاین شمارهٔ 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

منابع تغییرات (S.O.V)		درجه آزادی df	میانگین مربعات (MS)										
			وزن سنبله Spike weight (g)	ارتفاع بوته Plant height (cm)	تعداد دانه در سنبله Kernel no./spike	وزن دانه در سنبله Kernel wt./spike (g)	وزن۱۰۰۰دانه 1000 KW (g)	طول ریشک Awn length (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	Awnو ضعیت‌ریشک state	تراکم‌سنبلچه Spikelet density	رنگ دانه Kernel color	تعداد پنجه No. of tiller
Replication	بلوک	2	86.16^{ns}	0.13^{ns}	0.09^{ns}	185.11*	0.1	4.02^{ns}	0.14^{ns}	0.17^{ns}	11.95^{ns}	348.87^{ns}	9.84^{ns}
Generations	نسل‌ها	5	350.21**	18.01**	10.32**	813.41**	112.(	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، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

جدول ۲ ـ میانگین و خطای معیار صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی سرداری × لاین شمارهٔ 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)	تعداددانه‌در سنبله Kernel no./spike	وزن‌دانه‌درسنبله Kernel wt./spike (g)	وزن ۱۰۰۰ دانه 1000 KW (g)	طول ریشک Awn length (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	وضعیت ریشک Awn state	تراکم سنبلچه Spikelet density	رنگ دانه Kernel color	تعداد پنجه No. of tiller
P_1	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_2	4.22±086	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_1	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_2	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_1	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_2	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_1 = لاین ۱٤، P_2 = رقم سرداری، F_1 = ۱٤ × سرداری، F_2 = نسل حاصل از خودگشنی F_1، BC_1 = سرداری (۱٤ × سرداری)، BC_2 = ۱٤ (۱٤ × سرداری).

P_1 = 14, P_2 = Sardari, F_1 = 14 × Sardari, F_2 = Selfing generation of F_1, BC_1 = Sardari (14 × Sardari), BC_2 = 14 (14 × Sardari).

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

جدول ۳- برآورد میانگین و اجزاء ژنتیکی برای صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی سرداری × لاین شمارهٔ 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 صفت		میانگین (Mean) m	اثر افزایشی Additive effect [d]	اثر غالبیت Dominant effect [h]	اثر افزایشی× افزایشی Additive ×Additive [i]	اثر افزایشی × غالبیت Additive × Dominant [j]	اثر غالبیت × غالبیت Dominant × Dominant [L]	کااسکوئر χ^2	درجه غالبیت 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	-2.09
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	-4.74
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	-5.44
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	-2.31
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	-2.09
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 *	1.51
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	0.96
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	-3.40
Spikelet density	تراکم سنبلچه	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	-0.29
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	-2.16
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	0.96
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	0.18

ns، * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

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

خط تیره (–) : نشان می‌دهد که اثر مربوط وارد مدل نشده است.

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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

جدول ٤- برآورد وراثت‌پذیری عمومی وخصوصی برای صفات مورد نظر
در تلاقی سرداری × ١٤گندم 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 ١٠٠٠ 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 سنبلچه	0.12	0.49
Glume color	رنگ گلوم	0.48	0.72
Kernel color	رنگ دانه	0.42	0.48

بزرگتر بودن مقادیر [d] در مقایسه با [h] که برای صفات ارتفاع بوته وتعداد پنجه مشاهده می‌شود (جدول ٣) همبستگی ژن‌ها (Gene association) را بیان می‌کند. به عبارت دیگر ژن‌های افزایش دهنده صفت در یک والد و ژن‌های کاهش دهنده در والد دیگر جمع شده‌اند. ماهیت متضاد نیز در این آزمایش برای صفات وزن هزار دانه، تعداد پنجه، وضعیت ریشک، تراکم سنبلچه، رنگ گلوم و رنگ دانه

جدول ٥- اجزای تنوع برای صفات مختلف در تلاقی سرداری × ١٤ گندم نان

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

Trait	صفت	واریانس محیطی (EV)	اثر متقابل اجزای افزایشی و غالبیت (F)	واریانس غالبیت (H)	واریانس افزایشی (D)	انحراف غالبیت $F/(D\times H)^{½}$	متوسط غالبیت $(H/D)^{1/2}$
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	-.005	0.63	0.17	-0.15	1.92
1000 KW (g)	وزن ١٠٠٠ 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 سنبلچه	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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

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 حداکثر ۸۳ درصد برای وزن دانه در سنبله می‌باشد (جدول ٤).

مقادیر وراثت‌پذیری خصوصی متفاوتی برای صفات مورد بررسی به دست آمد که حداقل آن ۱۰ درصد برای وزن سنبله و حداکثر ۷۵ درصد برای طول سنبله می‌باشد (جدول ٤). وراثت‌پذیری یکی از مهم‌ترین خصوصیات یک صفت کمی است، مهم‌ترین نقش وراثت‌پذیری در مطالعه ژنتیکی صفات کمی نقش پیش‌بینی کننده آن است که حد اطمینان ارزش فنوتیپی 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 فنوتیپی را تسهیل و به گزینش کمک می‌کند. (فالکونر، ۱۳۷۷).

جدول ٦- برآورد تعداد ژن (فاکتورهای) مؤثر برای صفات مورد نظر در تلاقی سرداری×۱٤ گندم نان

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

		فرمول[1] (Formula[1])					
Trait	صفت	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 سنبلچه	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: $n = (\mu_{P2} - \mu_{P1})^2 / [8 (\delta^2_{F2} - \delta^2_{F1})]$

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

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

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

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

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

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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

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. ٤) ژن‌های مورد نظر اثر مساوی داشته باشند. ٥) 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. ٦) 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 را به محقق می‌دهد(Mulitze 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).

سپاسگزاري

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.

منابع مورد استفاده

References

بی‌نام. ۱۳۸۰. آمارنامه وزارت جهاد کشاورزی. ۳٦٥ صفحه.

عبد میشانی، س. و ع. بوشهری. ۱۳۷٦. اصلاح نباتات تکمیلی (جلداول)، انتشارات دانشگاه تهران. ۳۲۲ صفحه.

فالکونر، د، اس. ۱۳۷۷. آشنایی با ژنتیک کمی. ترجمه: ولی زاده، م. و م. مقدم. انتشارات دانشگاهی تهران. ٥٤٨ صفحه.

فهر، و، آر. ۱۳۷٥صول اصلاح گیاهان زراعی. ترجمه: صدرآبادی‌حقیقی، د. ، س، ح، مرعشی و م. نصیری‌محلاتی. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد. ٥۳۸ 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 – ٥۳.

قنادها، م. ۱۳۷۸. عمل ژن برای مقاومت در مرحله بلوغ نسبت به زنگ زرد در گندم. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۰، شماره ۲: صفحات ٤۰۷ – ۳۹۷.

واعظی، ش. س، عبدمیشانی. ب، یزدی صمدی. و م.ر. قنادها. ۱۳۷۸. تجزیه ژنتیکی بعضی از خصوصیات کمی ذرت. ۱ـ تجزیه میانگین عملکرد و صفات وابسته به آن. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۰، شماره ٤: صفحات ۸٥۰ـ ۸۳۹.

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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

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.

Edvards, 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.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]

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

K. Mostafavi[1], A. Hosseinzadeh[2], H. Zeinali Khanghah[3]

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 asseses 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 narrowsense 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

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-19]