مطالعه پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن در پنج تلاقی گندم

بهروز مرادی عاشور[۱]، احمد ارزانی[۲]، عبدالمجید رضایی[۲] و سید علی‌محمد میرمحمدی میبدی[۲]

چکیده

در این بررسی نحوه کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و صفات مرتبط به آن در پنج تلاقی گندم پائیزه (*Triticum aestivum* L.) به روش تجزیه میانگین نسل‌ها برآورد گردید. ارقام روشن، مهدوی، اینیا، آتیلا و گاسکوین و جمعیت‌های F_1، F_2، BC_1 و BC_2 حاصل ازتلاقی آنها بر پایه طرح کرت‌های خردشده در قالب بلوک‌های کامل تصادفی در دو تکرار ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس میانگین نسل‌ها نشان داد که تفاوت‌های معنی‌دار بین نسل‌ها برای صفات مورد مطالعه از جمله عملکرد دانه در بوته، تعداد سنبله در بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن دانه در سنبله وجود دارد. برای بیشتر صفات و تلاقی‌ها مقدار $\frac{F}{\sqrt{DH}}$ کوچک‌تر از یک بود که بیانگر متفاوت‌بودن علامت و بزرگی اثر ژن‌های کنترل‌کننده این صفات می‌باشد. برای عملکرد دانه وراثت‌پذیری عمومی با دامنه ۲۸/۵ تا ۵۸/۶ درصد و وراثت‌پذیری خصوصی با دامنه ۲۴ تا ۴۸/۵ درصد برای پنج تلاقی برآورد گردید که کوچک‌ترین برآورد را در مقایسه با سایر صفات دارا بود. برآورد اجزای ژنتیکی میانگین نسل‌ها با برازش مدل‌های مختلف و انتخاب بهترین مدل نشان داد که بسته به نوع صفت و ژنوتیپ نقش اجزای ژنتیکی افزایشی، غالبیت و اپیستازی در کنترل صفات مورد مطالعه متفاوت است.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تجزیه میانگین نسل‌ها، وراثت‌پذیری، عملکرد دانه، اجزای تنوع و عملکرد

مقدمه

عملکرد دانه صفتی بسیار پیچیده است و انتخاب برای افزایش عملکرد در طی نسل‌های در حال تفکیک به لحاظ وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با مشکل مواجه می‌باشد، بدین ترتیب استفاده از برخی از اجزای عملکرد که با عملکرد دانه هم‌بستگی دارند برای انتخاب بوته‌ها و فامیل‌ها در طی نسل‌های اولیه قابل توجیه می‌باشد (۱۱). در این ارتباط آگاهی از پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده اجزای عملکرد دانه، به‌نژادگر را در گزینش نظام به‌نژادی مناسب برای افزایش عملکرد دانه کمک می‌کند. بدین منظور با انجام تلاقی بین لاین‌های خالص و تهیه بذر نسل‌های F_1، F_2، BC_1 و BC_2 و از طریق تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها می‌توان روابط ژنتیکی موجود بین گیاهان در درون و بین نسل‌ها را تعیین و پارامترهای ژنتیکی را برآورد نمود (۶) و با تجزیه میانگین نسل‌ها آثار ژنتیکی افزایشی،

۱. محقق مرکز ملی تحقیقات گل و گیاه محلات

۲. به ترتیب استادان و دانشیار اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

غالبیت، اپیستازی و درجه غالبیت در هر تلاقی برآورد کرد (۳). این روش در مقایسه با دیگر طرح‌های ژنتیکی به آزمایش‌های کوچک‌تری از لحاظ مواد ژنتیکی و سطح زیر کشت نیاز دارد و به سادگی می‌توان آن را به مدل‌های پیچیده‌تری شامل اپیستازی دو طرفه (digenic) و سه طرفه (trigenic) تعمیم داد و آثار آنها را برآورد نمود (۴ و۱۱). ضمن این که روش مبتنی بر تجزیه میانگین در مقایسه با روش‌های مبتنی بر تجزیه واریانس (سایر روش‌ها) از خطای کوچک‌تری برخوردار می‌باشند (۳).

در مطالعه‌ای در گندم بهاره، اهمیت بیشتر اثر غالبیت ژن در مقایسه با اثر افزایشی با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها در تلاقی‌ها و نقش مهم اثر متقابل ژنی یا اپیستازی در کنترل صفات تعداد پنجه در بوته، عملکرد دانه در بوته، تعداد دانه در سنبله و روز سنبله‌دهی گزارش شده است (۱۰). در گزارش دیگری معنی‌دار بودن عمل افزایشی ژن و اپیستازی افزایشی × افزایشی برای عملکرد دانه با استفاده از تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها در دو تلاقی گندم دیده شد (۱۲). یاواو و همکاران (۱۴) مدل ساده افزایشی – غالبیت را برای صفات تعداد پنجه در بوته و عملکرد دانه در بوته کافی ندانسته‌اند و حداقل یک نوع اثر متقابل از جمله اثر متقابل غالبیت × غالبیت را درکنترل آنها معنی‌دار یافتند. منون و شارما (۸) اثر غالبیت را برای صفت عملکرد دانه در بوته گزارش کرده‌اند. سینگ و سینگ (۱۳) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها، چهار جزء عملکرد را در چهار تلاقی گندم بررسی نمودند و برای صفات تعداد دانه در خوشه اثر افزایشی و اثر متقابل افزایشی × افزایشی، برای وزن دانه در خوشه اثر غالبیت و آثار متقابل افزایشی × غالبیت و افزایشی × افزایشی و برای عملکرد دانه در بوته در ۲ تلاقی از ۴ تلاقی فقط جزء افزایشی را معنی‌دار گزارش نمودند. اطلاع از توارث و اجزای ژنتیکی کنترل کننده صفات کمّی کنترل کننده عملکرد و اجزای آن در به‌نژادی و ایجاد ارقام پر محصول سودمند می‌باشد. بررسی حاضر با هدف بررسی پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن در گروهی از ارقام گندم نان رایج در کشور با استفاده از روش تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها اجرا گردیده است.

مواد و روش‌ها

نسل‌های P_1، P_2، F_1، F_2، BC_1 و BC_2 تلاقی‌های مهدوی × روشن، آتیلا × روشن، گاسگوین× روشن، اینیا × روشن و مهدوی × اینیا در قالب بلوک‌های کامل تصادفی در ۲ تکرار، در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در لورک نجف‌آباد در سال زراعی ۱۳۷۹– ۱۳۷۸ کشت گردیدند و از لحاظ صفات عملکرد دانه در بوته، تعداد سنبله بارور در بوته، تعداد سنبلچه در سنبله ارزیابی شدند. به منظور برطرف کردن اثر احتمالی ناشی از نامتجانسی خاک نسل‌های مربوط به هر تلاقی در کنار یکدیگر کشت شدند. نسل‌ها در هر تلاقی به طور مجزا و به‌صورت تصادفی در بلوک قرار گرفتند. در هر کدام از تلاقی‌ها، نسل‌های P_1، P_2، F_1، BC_1 و BC_2 در ۲ خط به طول ۳ متر و نسل F_2 در ۴ خط به طول ۳ متر کشت گردید. فاصله بین ردیف‌ها ۳۰ سانتی‌متر و فاصلهٔ بین کرت‌های آزمایش (نسل در هر تلاقی) ۵۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. صفات مورد بررسی در ۱۵ بوته والدین و F_1ها، ۳۰ بوته BC_1 و BC_2 و۵۰ بوته F_2 که به طور تصادفی در هر کرت مشخص شدند، اندازه‌گیری شدند. تجزیه میانگین نسل‌ها برای هر پنج تلاقی و هر صفت به طور جداگانه به روش ماتر و جینکز (۶) انجام گرفت. برآورد آثار ژنتیکی با استفاده از مدل شش پارامتری شامل میانگین نسل‌ها (m)، اثر افزایشی [d]، اثر غالبیت [h]، اثر متقابل بین آثار افزایشی [i]، اثر متقابل بین آثار افزایشی و غالبیت [j]، اثر متقابل بین آثار غالبیت [l] انجام شد. با توجه به این که تعداد مشاهده برای برآورد اجزای واریانس‌ها در هر نسل متفاوت بودند، برآورد پارامترها با استفاده از روش حداقل مربعات وزنی (weighted least squares) انجام شد (۴و۶). به منظور ارائه مناسب‌ترین مدل برای توجیه میانگین‌های مشاهده شده، تمام نسل‌ها با مدل دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتری آزمون شدند. این مدل‌ها برای میانگین‌های مشاهده شده به وسیله آزمون مربع کای با چهار، سه، دو و یک

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

درجه آزادی برای نکوئی برازش (goodness of fit) امتحان گردیدند. این روش چون از اطلاعات تمامی نسل‌ها استفاده می‌کند به آزمون وزنی توام (joint scaling test) معروف است. عکس و ضرب‌کردن ماتریس‌ها به وسیله برنامه آماری مینی‌تب (Minitab) انجام شد و بر اساس روش ماتر و جینکز (۶) اجزای واریانس محاسبه گردیدند. این اجزای براساس امید ریاضی فرمول‌های زیر محاسبه شدند:

$$E_W = \frac{1}{4}\left(V_{P_1} + V_{P_2} + 2V_{F_1}\right) \quad [1]$$

$$D = 4V_{F_2} - 2(V_{BC_1} + V_{BC_2}) \quad [2]$$

$$H = 4(V_{BC_1} + V_{BC_2} - V_{F_2} - E_W) \quad [3]$$

$$F = V_{BC_1} - V_{BC_2} \quad [4]$$

در فرمول‌های فوق E_W جزء غیرقابل توارث (محیطی)، D جزء افزایشی واریانس، H جزء غالبیت واریانس، F بخش ناشی از هم‌بستگی d و h روی تمام مکان‌های ژنی می‌باشند. چنانچه مقدار پارامتر ژنتیکی F صفر (یا نزدیک به صفر) باشد، نشان‌دهندهٔ این است که ژن‌های غالب اکثراً در والدی هستند که مقدار بیشتری را از لحاظ صفت اندازه‌گیری شده (نسبت به والد دیگر) دارا می‌باشد. به همین ترتیب مقدار منفی پارامتر ژنتیکی F بیانگر این است که ژن‌های غالب اکثراً در والدی قرار دارند که مقدار کمتری از لحاظ صفت مورد مطالعه (نسبت به والد دیگر) دارا است. هم‌چنین نسبت غالبیت یعنی $\sqrt{\frac{H}{D}}$ و $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ به عنوان معیاری از انحرافات غالبیت در مکان‌های ژنی متفاوت برآورد شدند. چنانچه $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ برابر با یک (یا نزدیک به یک) باشد، نشان‌دهندهٔ این است که بزرگی و علامت غالبیت برای تمام ژن‌های مسئول صفت مورد مطالعه یکسان است. در این‌حالت $\sqrt{\frac{H}{D}}$ می‌تواند برآورد خوبی از غالبیت باشد، ولی اگر نسبت $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ برابر با صفر (و یا نزدیک به صفر) باشد، بیانگر این است که ژن‌های کنترل‌کنندهٔ صفت اندازه‌گیری شده از لحاظ علامت و بزرگی متفاوت می‌باشند، در این‌حالت $\sqrt{\frac{H}{D}}$، متوسط غالبیت را نشان می‌دهد. برآوردهای توارث‌پذیری عمومی بر اساس واریانس جمعیت‌ها محاسبه گردید. ضرایب هم‌بستگی ژنوتیپی و فنوتیپی با استفاده از ماتریس واریانس و کوواریانس و نیز امید ریاضی موجود در جدول تجزیه واریانس و با استفاده از نرم‌افزار SAS برآورد شدند.

نتایج

نتایج تجزیه واریانس میانگین نسل‌ها نشان داد نسل‌های مختلف از نظر صفات مورد بررسی تفاوت‌های معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد داشتند. با توجه به تفاوت‌های ژنتیکی بین نسل‌ها از نظر صفات مورد مطالعه، تجزیه میانگین نسل‌ها انجام شد که نتایج آن در جدول ۱ آورده شده است. برای سهولت در ارائه نتایج، هرصفت به طور جداگانه مورد بررسی قرار گرفت.

۱. تعداد سنبله بارور در بوته

منفی بودن مقدار پارامتر ژنتیکی F برای این صفت (جدول ۱) در تلاقی‌های روشن × مهدوی، روشن × اینیا و مهدوی × اینیا بیانگر غالب بودن ژن‌های کنترل کننده تعداد سنبله در بوته در والد مهدوی (روشن × مهدوی) و اینیا (روشن × اینیا و مهدوی × اینیا) بود که دلیل آن تعداد سنبله بیشتر می‌باشد. این مقدار در تلاقی‌های روشن × آتیلا و مهدوی × گاسکوین مثبت بود که نشان می‌دهد ژن‌های کنترل‌کننده این صفت در این تلاقی‌ها در والد روشن به دلیل تعداد سنبله بیشتر غالب بودند. قدر مطلق و مقدار پارامتر $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ در تمام تلاقی‌ها برای این صفت کوچک‌تر از یک بود، بنابراین اثر ژن‌های مسئول این صفت از نظر علامت و بزرگی در مکان‌های مختلف متفاوت است. در این حالت برآورد $\sqrt{\frac{H}{D}}$ متوسط غالبیت را نشان می‌دهد که در تلاقی‌های روشن × اینیا، روشن × آتیلا و مهدوی × گاسکوین حاکی از عمل فوق غالبیت و در تلاقی روشن × مهدوی غالبیت کامل و در تلاقی مهدوی × اینیا نشان‌دهنده غالبیت نسبی است.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

جدول ۱. اجزای واریانس برای صفات تعداد سنبله در بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن دانه در سنبله و عملکرد دانه در بوته نسل‌های مختلف گندم

صفات	تلاقی	D	H	F	E_W	$\sqrt{H/D}$	$F/\sqrt{DH}$
تعداد سنبله در بوته	روشن × مهدوی	۴۲/۱۷	۳۶/۳۴	−۰/۸۹	۲۱/۵۲	۰/۹۲	−۰/۰۲
	روشن × اینیا	۲۲/۱۵	۴۵/۵۴	−۶/۴۷	۳۰/۵۳	[illegible]	−۰/۲۰
	روشن × آتیلا	۳۳/۱۳	۷۳/۷۴	۵/۵۱	۲۶/۵۲	۱/۵۳	۰/۱۱
	روشن × گاسکوین	۲۳/۰۷	۴۴/۵۴	۴/۳۹	۳۰/۱۸	۱/۳۸	۰/۱۳
	مهدوی × اینیا	۴۲/۷۵	۳/۷۶	−۱/۲۰	۱۸/۱۲	۰/۲۹	−۰/۰۹
تعداد سنبلچه در سنبله	روشن × مهدوی	۳/۶۸	۱/۸۸	−۰/۷۸	۲/۰۹	۰/۷۱	−۰/۲۹
	روشن × اینیا	۶/۸۲	۱/۳۳	۱/۵۵	۲/۱۵	۰/۴۴	۰/۵۱
	روشن × آتیلا	۳/۴۲	۴/۶۱	−۰/۵۴	۲/۴۲	۱/۱۶	−۰/۱۳
	روشن × گاسکوین	۱/۳۵	۴/۳۵	۰/۱۱	۲/۳۵	۱/۷۹	۰/۰۴
	مهدوی × اینیا	۲/۳۵	۱/۱۸	۰/۴۰	۲/۴۸	۰/۷۰	۰/۲۴
وزن دانه در سنبله	روشن × مهدوی	۰/۱۰	۰/۰۸	۰/۰۲	۰/۰۹	۰/۸۶	۰/۲۴
	روشن × اینیا	۰/۲۹	۰/۰۷	۰/۰۲	۰/۰۶	۰/۵۰	۰/۱۵
	روشن × آتیلا	۰/۲۵	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۱۰	۰/۳۲	۰/۲۰
	روشن × گاسکوین	۰/۱۵	۰/۱۰	۰	۰/۰۵	۰/۸۴	۰
	مهدوی × اینیا	۰/۴۲	۰/۳۴	۰/۴	۰/۰۷	۱/۹۲	۱/۰۵
عملکرد دانه در بوته	روشن × مهدوی	۷۰/۶۲	۲۳/۴۶	۱۲/۵	۱۰۵/۷۱	۰/۵۷	۰/۳۰
	روشن × اینیا	۸۷/۲۶	۱۸۷/۷۳	−۲۲/۷۲	۹۴/۳۹	۱/۴۶	−۰/۱۷
	روشن × آتیلا	۱۳۵	۴۶/۵۸	۱۴/۱۱	۶۲/۴۶	۰/۵۸	۰/۱۷
	روشن × گاسکوین	۱۳۱/۵۲	۱۲۶/۳۵	−۱۴/۷۲	۷۲/۱۶	۰/۹۸	−۰/۱۱
	مهدوی × اینیا	۶۶/۵۷	۶۸/۷۷	۱۹/۱۹	۶۰/۴۰	۱/۰۱	۰/۲۸

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

وجود تفاوت زیاد بین برآوردهای وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی تلاقی‌های روشن × اینیا، روشن × آتیلا، مهدوی × گاسکوین (جدول ۳) نیز بیانگر سهم بیشتر اثر غالبیت بود.

براساس آزمون χ^2 اجزای ژنتیکی میانگین برای این صفت (جدول ۲) در تلاقی‌های روشن × مهدوی و روشن × آتیلا معنی‌دار بود. برای تعیین دقت مدل و معنی‌داری یا غیرمعنی‌داری χ^2 نمی‌توان از مدل شش پارامتری استفاده نمود و برای این منظور نیاز به نسل‌های بیشتری می‌باشد. بنابراین در این تلاقی‌ها پیشنهاد می‌شود از نسل‌های پیشرفته‌تر و در نتیجه از مدل‌هایی با تعداد پارامتر بیشتر استفاده گردد تا چنانچه اثرمتقابل سه‌گانه‌ای وجود داشته باشد، آشکار گردد. با این حال جزء [d] در این تلاقی‌ها و نیز در تلاقی روشن × اینیا معنی‌دار نبود که این می‌تواند به علت اثرافزایشی [d] کوچک‌تر در مقایسه با سایر آثار باشد. درتلاقی مهدوی × گاسکوین علی‌رغم معنی‌دار نبودن χ^2 در اکثر مدل‌ها اجزای موجود در آن مدل‌ها نیز معنی‌دار نبود، دلیل این یافته احتمالاً نزدیک‌بودن میانگین‌ها در این تلاقی باشد. در تلاقی مهدوی × اینیا چون اثر متقابل معنی‌داری مشاهده نشد، مدل ساده افزایشی – غالبیت مناسب تشیخص داده شد.

به‌کارگیری فرمول‌های متفاوت، منجر به برآوردهای متفاوتی از وراثت‌پذیری عمومی شد (جدول ۳)، با این حال متوسط وراثت‌پذیری عمومی از ۴۰/۰۵ درصد در تلاقی مهدوی × گاسکوین تا ۵۵/۶۲ درصد در تلاقی روشن × آتیلا متغیر بود. بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی در تلاقی مهدوی × اینیا مشاهده شد. بیشترین پیشرفت ژنتیکی نیز در این تلاقی مشاهده شد، بنابراین انتخاب مستقیم برای این صفت دراین تلاقی نسبت به سایر تلاقی‌ها مؤثر خواهد بود. ضرایب هم‌بستگی ژنوتیپی وفنوتیپی (جدول ۴) نشان داد که تعداد سنبله با عملکرد دانه در بوته هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار(به ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۴۶) دارد.

۲. تعداد سنبلچه در سنبله

منفی بودن مقدار پارامتر ژنتیکی F برای این صفت درتلاقی‌های روشن × مهدوی و روشن × آتیلا نشانگر غالب بودن ژن‌های کنترل کننده این صفت دراین تلاقی‌ها به ترتیب در والد مهدوی وآتیلا بود. هم‌چنین مثبت بودن این مقدار در تلاقی‌های روشن × اینیا، مهدوی × گاسکوین و مهدوی × اینیا نمایانگرغالب‌بودن ژن‌های مسؤول این صفت در والد روشن (تلاقی روشن × اینیا و مهدوی × گاسکوین) و والد مهدوی (تلاقی مهدوی × اینیا) بود که احتمالاً تعداد سنبلچه بیشتر می‌تواند علت آن باشد، مقدار و قدر مطلق پارامتر $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ در تمام تلاقی‌ها کوچک‌تر از یک بود، بنابراین اثر ژن‌ها از نظر علامت و بزرگی در مکان‌های گوناگون، متفاوت است و برآورد $\sqrt{\frac{H}{D}}$ متوسط غالبیت را نشان می‌دهد که تفاوت فاحش این برآورد با مقادیر $\frac{H}{D}$ دلیل براین ادعا می‌باشد. مقادیر $\sqrt{\frac{H}{D}}$ در تلاقی روشن × آتیلا و مهدوی × گاسکوین حاکی از عمل فوق غالبیت بوده و با مراجعه به مقادیر وراثت‌پذیری مشاهده می‌شود که تفاوت فاحشی بین مقادیر وراثت‌پذیری عمومی وخصوصی در این تلاقی‌ها وجود دارد که بیانگر اهمیت غالبیت می‌باشد. برآوردهای $\sqrt{\frac{H}{D}}$ در تلاقی‌های روشن × مهدوی، روشن × اینیا و مهدوی × اینیا غالبیت نسبی را نشان می‌دهد.

با توجه به برآوردهای اجزای ژنتیکی میانگین برای این صفت (جدول ۲)، در تلاقی روشن × مهدوی و مهدوی × اینیا علاوه بر اثر افزایشی و غالبیت تنها اثر متقابل افزایشی × غالبیت [j] معنی‌دار بود و در تلاقی روشن × آتیلا تنها اثر متقابل افزایشی × غالبیت غیرمعنی‌دار بود و بقیه آثار معنی‌دار بودند. در تلاقی روشن × اینیا تنها اثرمتقابل افزایشی × افزایشی معنی‌دار بود. در تلاقی مهدوی × گاسکوین مدل شش پارامتری کافی نبوده و پیشنهاد می‌گردد از سایر نسل‌ها به منظور برآورد بهتر اجزای ژنتیکی میانگین استفاده گردد.

متوسط وراثت‌پذیری عمومی از ۳۸/۷۴ درصد در تلاقی مهدوی × اینیا تا ۶۳/۹۴ درصد درتلاقی روشن × اینیا متغیر بود. بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی به تلاقی روشن × اینیا تعلق

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]
[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

جدول ۲. برآوردهای اجزای ژنتیکی میانگین برای صفات تعداد سنبله دربوته و تعداد سنبلچه درسنبله در پنج تلاقی گندم

صفات	تلاقی	m	[d]	[h]	[i]	[jl]	[l]	χ^2
تعداد سنبله در بوته	روشن × مهدوی	۲۷/۷۷±۵/۱۰**	۱/۴۵±۰/۹۴ns	۴۴/۱۷±۱۲/۷۰**	−۱۴/۲۲±۵/۰۱**	۹/۱۲±۳/۷۳*	−۳۱/۹۰±۷/۹۲**	۰
	روشن × اینیا	۲۰/۳۳±۲/۶۷**	−۰/۹۲±۰/۹۲ns	−۸/۳۶±۴/۱۹(*)	−۶/۰۱±۲/۸۳*	−	−	۲/۲۵ns
	روشن × آتیلا ۵	۲۷/۴۳±۶/۵۳**	−۱/۵۲±۱/۰۲ns	۳۵/۵۰±۱۷/۵۱*	−۱۱/۹۲±۶/۴۵(*)	۱۱/۰۴±۵/۴۵*	−۲۳/۱۷±۱۱/۵۶*	۰
	روشن × گاسکوین	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−
	مهدوی × اینیا	۱۳/۳۴±۰/۷۹**	−۲/۰۲±۰/۸۱*	−۳/۰۹±۱/۳۹*	−	−	−	۸/۳۶(*)
تعداد سنبلچه در سنبله	روشن × مهدوی	۱۵/۵۳±۰/۲۰**	۰/۴۷±۰/۲۲(*)	۱/۹۹±۰/۴۴**	−	۳/۳۲±۱/۰۳**	−	۰/۴۹ns
	روشن × اینیا	۱۹/۴۲±۰/۷۸**	۰/۸۳±۰/۲۶**	−۲/۷۵±۱/۱۳*	−۲/۱۷±۰/۸۳**	−	−	۴/۴۵ns
	روشن × آتیلا ۵	۱۱/۵۱±۱/۷۱**	۱/۴۳±۰/۲۴**	۱۴/۵۷±۴/۴۳**	۴/۹۷±۱/۹۶**	−	−۶/۹۵±۲/۹۶*	۰/۲۱ns
	روشن × گاسکوین	۱۲/۶۸±۱/۶۶**	۱/۳۲±۰/۲۲**	۱۶/۱۶±۴/۴۴**	۴/۰۴±۱/۶۵*	−۶/۳۱±۱/۳۵**	−۱۱/۹۵±۲/۹۸**	−
	مهدوی × اینیا	۱۴/۴۵±۰/۲۶**	۱/۲۷±۰/۲۸**	۱/۹۸±۰/۵۱**	−	−۵/۳۱±۱/۴۵**	−	۲/۸۴ns

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8] [Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

ادامه جدول۲.

صفات	تلاقی	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]	χ^2
وزن دانه در سنبله	روشن × مهدوی	۰/۷۰±۰/۱۴**	−۰/۱۳±۰/۰۴**	۱/۵۷±۰/۲۲**	۰/۷۸±۰/۱۵**	−	−	۱/۸۳ns
	روشن × اینیا	۰/۹۷±۰/۱۵**	۰/۰۵±۰/۰۳(*)	۱±۰/۲۲**	۰/۳۷±۰/۱۵**	−	−	۰/۸۵ns
	روشن × آتیلا ۵	۱/۳۳±۰/۰۴**	۰/۱۲±۰/۰۴**	۰/۳۱±۰/۱۰**	−	−	−	۴/۲۸ns
	روشن × گاسکوین	−۰/۸۵±۰/۳۱**	۰/۱۱±۰/۰۳**	۳/۷±۰/۸۱**	۱/۵۳±۰/۳۱**	−۰/۶۸±۰/۲۴**	−۲/۴۸±۰/۵۳**	۰
	مهدوی × اینیا	۱/۲۸±۰/۰۳**	۰/۲۳±۰/۰۳**	۰/۵۷±۰/۰۸**	−	−	−	۲/۰۴ns
عملکرد دانه در بوته	روشن × مهدوی	۲۱/۳۵±۱/۶**	۰/۰۹±۱/۶ns	۲۴/۲۲±۷/۲۳**	−	۱۶/۴۴±۶/۵۳*	−۳۹/۴۲±۸/۴۸**	۳/۴۹(*)
	روشن × اینیا	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−
	روشن × آتیلا ۵	۴۲/۴۲±۹/۰۰**	۳/۰۵±۱/۴۸(*)	−۶۷/۱۷±۲۳/۳۸**	−۲۰/۰۴±۸/۷۳*	−	−۵۱/۳۴±۱۵/۳۴**	۰/۰۰۶ns
	روشن × گاسکوین	۱۹/۰۷±۰/۸۱**	۴/۳۶±۱/۱۵*	۸/۲±۲/۱**	−۴/۲±۱/۸۲	−	-	۱/۱۸ns
	مهدوی × اینیا	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−ns	−

**، * و (*): به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱، ۵ و ۱۰ درصد

ns: عدم اختلاف معنی‌دار

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]
[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

جدول ۳ . درجه غالبیت، برآوردهای وراثت پذیری به وسیله روش‌های متفاوت وپیشرفت ژنتیکی برای صفات تعداد سنبله در بوته وتعدادسنبلچه در سنبله

صفات	تلاقی	درجه غالبیت (h/d)	وراثت‌پذیری عمومی ۱ (h^2_{BS})					میانگین	وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_{NS})	پیشرفت ژنتیکی (GA)
			۱	۲	۳	۴	۵			
تعداد سنبله در بوته	۱) روشن × مهدوی	۱/۳۴	۳۰/۹	۳۱/۹	۸۵/۷	۴۹/۲	۵۸/۳	۵۱/۲	۴۰/۷	۶/۹۱
	۲) روشن × اینیا	−۲/۶۳	۵۲/۷	۵۲/۸	۳۳	۴۵/۸	۴۲/۳	۴۵/۳۲	۲۰/۸	۳/۱۳
	۳) روشن × آتیلا ۵	−۰/۲۷	۵۴/۱	۵۴/۲	۵۸/۲	۵۵/۵	۵۶/۱	۵۵/۶۲	۲۵/۷	۴/۱
	۴) روشن × گاسکوین	−۳/۱۱	۳۲/۳	۳۲/۳۵	۵۳/۴	۳۹/۳	۴۲/۹	۴۰/۰۵	۲۱/۸	۳/۲۶
	۵) مهدوی × اینیا	−۱/۱۱	۴۴/۵	۴۴/۶	۶۵/۸	۵۱/۶	۵۵/۲	۵۲/۳۴	۵۲/۸	۱۱/۴۷
تعداد سنبلچه در سنبله	۱) روشن × مهدوی	۷/۸	۵۴/۶	۵۴/۸	۵۰/۳	۵۳/۲	۵۲/۶	۵۳/۱	۴۱/۹	۱/۸۱
	۲) روشن × اینیا	−۰/۴۴	۶۵/۱	۶۵/۲	۶۱/۸	۶۴/۱	۶۳/۵	۶۳/۹۴	۵۷/۷۹	۲/۸۹
	۳) روشن × آتیلا ۵	۱/۷۹	۶۲/۹	۶۴/۸	۴۵/۳	۵۷	۵۴/۲	۵۶/۸۴	۳۲/۵	۱/۵۴
	۴) روشن × گاسکوین	۰/۱۳	۵۱/۹	۵۶/۳	۳۴	۴۵/۸	۴۲/۹	۴۶/۱۸	۱۶/۵	۰/۶۹
	۵) مهدوی × اینیا	۱/۲۳	۴۲/۴	۴۲/۶	۳۲/۳	۳۹/۱	۳۷/۳	۳۸/۷۴	۳۰	۱/۲۳

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8] [Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

ادامه جدول۳.

صفات	تلاقی	درجه غالبیت (h/d)	وراثت‌پذیری عمومی (h^2_{BS}) ۱	۲	۳	۴	۵	میانگین	وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_{NS})	پیشرفت ژنتیکی (GA)
وزن دانه در سنبله	۱) روشن × مهدوی	۵	۵۰	۵۰/۵	۳۹/۲	۴۶/۴	۴۴/۶	۴۶/۱۴	۳۲/۷	۰/۲۷
	۲) روشن × اینیا	۶/۱	۸۶/۹	۸۷/۸	۶۰/۸	۷۸/۲	۷۳/۹	۷۷/۵۲	۶۹/۵	۰/۶۸
	۳) روشن × آتیلا ۵	۳/۵۵	۷۷	۷۷/۵	۳۷/۵	۶۴/۱	۵۷/۵	۶۲/۷۲	۵۸/۳	۰/۵۸
	۴) روشن × گاسکوین	۴/۹	۷۱/۸	۷۶/۸	۶۲/۵	۶۸/۷	۶۷/۵	۶۹/۴۶	۵۰	۰/۴۱
	۵) مهدوی × اینیا	۲/۵۸	۸۶/۴	۸۹/۱	۷۵/۶	۸۲/۹	۸۱	۸۳	۵۱/۴	۰/۴۶
عملکرد دانه در بوته	۱) روشن × مهدوی	۱۵/۲	۲۹/۹	۳۱	۲۶	۲۸/۶	۲۸	۲۸/۵۴	۲۴	۱۰/۵۸
	۲) روشن × اینیا	۲/۳۷	۶۲/۸	۶۳	۳۵	۵۳/۶	۴۸/۹	۵۲/۶۶	۲۳/۶	۶/۶۱
	۳) روشن × آتیلا ۵	۱/۳۴	۵۱	۵۱/۴	۶۰/۷	۵۴/۲	۵۵/۸	۵۴/۶۲	۴۵/۸	۱۱/۷۱
	۴) روشن × گاسکوین	۱/۰۷	۶۱/۳	۶۲/۵	۵۳/۴	۵۸/۷	۵۷/۴	۵۸/۶۶	۳۸/۷	۱۰/۳۸
	۵) مهدوی × اینیا	۴/۴۱	۴۹/۵	۴۹/۷	۴۱/۵	۴۶/۸	۴۵/۵	۴۶/۶	۳۰	۶/۵

۱- $h^2BS=(V_{F2}-E_W)/V_{F2}$، در این نسبت، اثرمحیطی(E_W)، برای روابط۴،۳،۲،۱ و۵ به ترتیب عبارتست از: ۲/($V_{P1}+V_{P2}$)، $\sqrt{Vp۱ * Vp۲}$، V_{F1}، $Vp۱+Vp۲+VF۱$ / ۳ و ۴ /$Vp۱+Vp۲+۲VF۱$

۲- میانگین ۵ روش متفاوت

۳- $h^2_{NS}=[2V_{F2}-(V_{BC1}+V_{BC2})]/V_{F2}$

۴- $GA=K\times\sqrt{V_{F2}}\times h^2_{NS}$ ، K= ۲/۰۶،

جدول ۴. ضرایب هم‌بستگی ژنوتیپی (اعداد بالای قطر) و فنوتیپی (اعداد پایین قطر) صفات مورد بررسی در ۳۰ ژنوتیپ (۵ تلاقی و ۶ نسل) گندم

صفات	تعداد سنبله بارور در بوته	تعداد سنبلچه در سنبله	وزن دانه در سنبله	عملکرد دانه در بوته
تعداد سنبله بارور در بوته	–	۰/۰۰۲	−۰/۶۸	۰/۷۵
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۰۳	–	۰/۵۰	۰/۸۸
وزن دانه در سنبله	−۰/۴۱	۰/۳۳	–	۰/۷۷
عملکرد دانه دربوته	۰/۴۶	۰/۵۳	۰/۵۲	–

هم‌بستگی‌های بزرگ‌تر از ۰/۳۵۵ و کوچک‌تر از ۰/۳۵۵− در سطح احتمال ۵ درصد و هم‌بستگی‌های بزرگ‌تر از ۰/۴۵۶ کوچک‌تر از ۰/۴۵۶− در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار می‌باشند.

داشت و همین‌طور بیشترین پیشرفت ژنتیکی نیز به این تلاقی اختصاص یافت، بنابراین گزینش در مورد این صفت در این تلاقی مؤثر خواهد بود. هم‌بستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی این صفت با عملکرد دانه در بوته مثبت و معنی‌داری (به ترتیب ۰/۸۸ و۰/۵۳) بود.

۳. وزن دانه در سنبله

مقدار پارامتر ژنتیکی F در تمام تلاقی‌ها صفر و یا بزرگ‌تر از صفر بود (جدول ۱) بنابراین ژن‌های کنترل‌کننده این صفت دروالد مهدوی (در تلاقی‌های روشن × مهدوی و مهدوی × اینیا) و والد روشن (تلاقی‌های روشن × اینیا، روشن × آتیلا و مهدوی × گاسکوین) به دلیل وزن دانه بیشتر، اکثراً غالب هستند. پارامتر $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ از تلاقی روشن × مهدوی تا مهدوی × گاسکوین بیانگر متفاوت بودن علامت و بزرگی اثر ژن‌ها در مکان‌های گوناگون می‌باشد که در این حالت مقادیر $\sqrt{\frac{H}{D}}$ در این تلاقی‌ها متوسط غالبیت را نشان می‌دهد و بیانگر غالبیت نسبی می‌باشد. اما پارامتر $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ در تلاقی مهدوی × اینیا نزدیک یک بود که بیانگر یکسان بودن علامت و بزرگی اثر ژن‌ها درتمام مقرها می‌باشد. بنابراین مقدار $\sqrt{\frac{H}{D}}$ در این تلاقی تخمین خوبی از غالبیت می‌باشد وبا مقدار $\frac{H}{D}$ تقریباً تطابق داشته وحاکی از عمل فوق غالبیت می‌باشد و با مراجعه به وراثت‌پذیری مشاهده می‌شود که تفاوت فاحشی بین مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی در این تلاقی وجود داشته و بیانگر اهمیت غالبیت می‌باشد.

با توجه به برآوردهای اجزای ژنتیکی میانگین برای این صفت، ملاحظه می‌شود که در تلاقی روشن × آتیلا و مهدوی × اینیا مدل ساده افزایشی – غالبیت کفایت نموده و هیچ گونه اثر متقابل غیرآللی وجود ندارد. در تلاقی‌های روشن × مهدوی و روشن × اینیا تنها اثر متقابل افزایشی× افزایشی معنی‌دار بود (علاوه بر اثر افزایشی و غالبیت) و در تلاقی مهدوی × گاسکوین پیشنهاد می‌شود که از سایر نسل‌ها و در نتیجه مدل‌هایی با تعداد پارامتر بیشتر استفاده گردد زیرا مدل شش پارامتری کافی به نظر نمی‌رسد.

متوسط وراثت‌پذیری عمومی از ۴۶/۱۴ درصد در تلاقی روشن × مهدوی تا ۸۳ درصد در تلاقی مهدوی × اینیا متغیر بود. بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی در تلاقی روشن × اینیا (۶۹/۵درصد) مشاهده گردید و متعاقباً بیشترین پیشرفت ژنتیکی نیز در این تلاقی برآورد گردید، بنابراین انتخاب مستقیم این صفت در تلاقی روشن × اینیا مؤثر خواهد بود. هم‌بستگی‌های

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

فنوتیپی و ژنوتیپی این صفت با عملکرد دانه در بوته مثبت و معنی‌دار (به ترتیب ۰/۵۲ و۰/۷۷) بود.

۴. عملکرد دانه در بوته

مقدار پارامتر ژنتیکی F در تلاقی‌های روشن × مهدوی، روشن × آتیلا و مهدوی × اینیا مثبت بود (جدول ۱)، بنابراین ژن‌های کنترل‌کننده این صفت در والد روشن (تلاقی روشن × مهدوی و روشن × آتیلا) و والد مهدوی (تلاقی مهدوی × اینیا) به دلیل عملکرد بالاتر، اکثراً غالب هستند. این مقدار در تلاقی‌های روشن × اینیا و مهدوی × گاسکوین منفی بود، به عبارتی ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد به ترتیب در والد اینیا وگاسکوین به دلیل عملکرد پایین‌تر، اکثرا غالب هستند. ولی با توجه به $\frac{H}{D}=۲/۳۷$ (تلاقی روشن × اینیا) و $\frac{H}{D}=۱/۰۷$ (تلاقی مهدوی × گاسکوین) غالبیت به طرف والد روشن می‌باشد و این می‌تواند به این علت باشدکه ژن‌های غالب معدود نسبت به ژن‌های مغلوب در والد روشن دارای چنان اثر مثبت بزرگی هستند که ژن‌های غالب منفی کوچک اثر موجود در والد اینیا و گاسکوین را علی‌رغم تعداد زیاد آنها تعدیل می‌نمایند.

قدر مطلق و مقدار برآورد $\frac{F}{\sqrt{D.H}}$ درتمام تلاقی‌ها کوچک‌تراز یک بود، بنابراین اثر ژن‌های مسئول این صفت از لحاظ علامت و بزرگی در مقرهای گوناگون متفاوت هستند در این حالت برآورد $\sqrt{\frac{H}{D}}$ بیانگر متوسط غالبیت هستندکه در تلاقی روشن × مهدوی و روشن × آتیلا غالبیت نسبی و درتلاقی روشن × اینیا فوق غالبیت و در تلاقی مهدوی × گاسکوین و مهدوی × اینیا غالبیت کامل می‌باشد.

برآوردهای اجزای ژنتیکی میانگین نشان می‌دهد که در تلاقی روشن × مهدوی اثر افزایشی [d] و اثر متقابل افزایشی × افزایشی [i] غیرمعنی‌دار و بقیه آثار معنی‌دار می‌باشد. در تلاقی روشن × اینیا و مهدوی × اینیا هیچ‌کدام از اجزای موجود در مدل‌هایی که χ^2 غیرمعنی‌دار داشتند معنی‌دار نبودند. در تلاقی روشن × آتیلا علاوه بر آثار افزایشی و غالبیت، آثار متقابل افزایشی× افزایشی [i] و غالبیت× غالبیت [l] نیز معنی‌دار بودند. در تلاقی مهدوی × گاسکوین تنها اثر متقابل افزایشی× افزایشی، علاوه بر آثار افزایشی و غالبیت معنی‌دار گردید

به‌طور کلی مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای عملکرد دانه در کل تلاقی‌ها نسبت به سایر صفات پایین بود. با توجه به پایین بودن پیشرفت ژنتیکی عملکرد دانه در بوته در اکثر تلاقی‌ها، باید از صفات همبسته‌ای که وراثت‌پذیری خصوصی و در نتیجه پیشرفت ژنتیکی قابل توجهی دارند نسبت به انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد بالا اقدام نمود. با توجه به سهم بیشتر آثار افزایشی ژن‌ها در اداره صفات وزن دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله و هم‌بستگی‌های بالای آنها با عملکرد دانه، بازده انتخاب برای افزایش عملکرد از طریق گزینش برای صفات فوق‌الذکر (به ویژه در تلاقی روشن × اینیا) امکان‌پذیر خواهد بود.

بحث

با استفاده از برازش انواع مدل‌ها و انتخاب بهترین مدل اجزای ژنتیکی میانگین برآورد گردیدند. برای اکثر صفات مورد مطالعه، مدل افزایشی – غالبیت به دلیل اهمیت آثار اپیستاتیک مدل مناسب تشخیص داده نشد. بنابراین می‌توان فرض نمود نه تنها ژن‌های بیشتری صفات مورد مطالعه را کنترل می‌کنند، بلکه در نتیجه افزایش تعداد ژن‌های کنترل‌کنندهٔ یک صفت، تعداد عواملی که با هم اثرمتقابل دارند افزایش می‌یابد. برای مثال سهم اثر افزایشی برای صفت تعداد سنبله بارور در بوته در تلاقی مهدوی × اینیا بیشتر بود، بنابراین در این تلاقی می‌توان از این صفت به عنوان معیار غیرمستقیم انتخاب برای عملکرد بالا استفاده نمود. این یافته با سایر گزارش‌ها در گندم مطابقت دارد (۱، ۲ و ۹). عمل ژن‌های اپیستاتیک در نحوهٔ وراثت کیفی معمول نیست، ولی برای صفات کمی معمول و قابل قبول است. در این پژوهش، آثار ژنی [i] سهم بالایی در کنترل صفات داشته و آثار ژنی [l] و [j] از اهمیت کمتری برخوردار بودند. آثار اپیستازی را می‌توان از نوع دوگانه

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

(Duplicate epistasis) دانست، چون تمامی صفات و تلاقی‌هایی که در آنها اجزای غالبیت [h] و اثر متقابل غالبیت × غالبیت [l] معنی‌دار بودند دارای علامت‌های مخالف (opposite signs) برای این دو جزء بودند. بر خلاف اثرمتقابل مکمل (Complementary epistasis) که دارای علامت‌های یکسان برای [h] و [l] می‌باشد، این نوع اثر متقابل در گزینش گیاهان مطلوب از لحاظ صفات مذکور مشکلی ایجاد نمی‌کند.

معنی‌دار بودن اثرمتقابل افزایشی × غالبیت [j] در مورد صفات تعداد سنبله در بوته در تلاقی‌های روشن × مهدوی و روشن × آتیلا؛ تعداد سنبلچه در سنبله درتلاقی‌های روشن × مهدوی، مهدوی × گاسکوین و مهدوی × اینیا، وزن دانه در سنبله در تلاقی مهدوی × گاسکوین و عملکرد دانه در بوته در تلاقی روشن × مهدوی، می‌تواند عدم قابلیت تثبیت این نوع اپیستازی را در طول دوره گزینش گیاهان خودگشن‌شده باشد، اما معنی‌دارنبودن این صفات [j] در تلاقی‌های باقی‌مانده بیانگر امکان گزینش موفقیت‌آمیز گیاهان برای این صفات می‌باشد. سینگ و سینگ (۱۳) آثار متقابل غیرآللی غالبیت× غالبیت و افزایشی× افزایشی معنی‌داری را برای عملکرد دانه گزارش نمودند. درحالی‌که مک‌کندری و همکاران (۷) تنها اثر متقابل افزایشی× افزایشی را برای کنترل این صفت معنی‌دار توصیف نمودند.

علامت پارامترهای [d] و [j] بستگی به این دارد که کدام والد P_1 یا P_2 باشد و بنابراین علامت [j] دراکثر حالات تغییر می کند ولی علامت دیگر پارامترها بدون تغییر باقی می‌ماند. علامت‌های مخالف [d] و [i]نشان می‌دهد که ماهیت متضاد اثرمتقابل برای صفات وجود دارد که این امر در صفات تعداد سنبله در بوته در تلاقی روشن × مهدوی، تعداد سنبلچه در سنبله در تلاقی روشن × اینیا، وزن دانه در سنبله در تلاقی روشن × مهدوی، و عملکرد دانه در بوته در تلاقی مهدوی × گاسکوین دیده می‌شود.

برآوردهای اپیستازی همچون آثار غالبیت و افزایشی ممکن است تحت تأثیر محیط (چه در مدل سه پارامتری و چه در مدل شش پارامتری) باشند که اهمیت این امر فقط با انجام آزمایش در چند محیط قابل بیان می‌باشد. اما اکثر مدل‌هایی که در این پژوهش ذکر شدند دارای برازش نکویی بوده که بیانگر عدم حضور آثار متقابل ژنوتیپ × محیط، آثار متقابل سه‌گانه یا بعضی از ترکیبات اینها می‌باشد. نسل‌های اولیه تلاقی در این تحقیق به کار گرفته شدند و بنابراین تعادل لینکاژی غیرمتحمل می‌باشد. بنابراین اگر اپیستازی وجود دارد، اریبی به علت وجود لینکاژ ممکن است در برآورد آثار ژن حضور داشته باشد و انتظار است که جدی‌ترین اریبی در برآورد آثار [i] و [j] رخ دهد. اما اریبی حاصل از لینکاژ ممکن است به علت اپیستازی سه‌گانه یا بالاتر از آن باشد و جایی که اپیستازی حضور ندارد برآوردهای آثار ژن بوسیلهٔ لینکاژ، اریبی نخواهد داشت.

در این پژوهش تجزیه واریانس نسل‌ها انجام گرفت زیرا اشکالی در تفسیر تجزیه میانگین نسل‌ها وجود دارد و آن اینست که پارامترهایی که آثار ژن را مشخص می‌کنند در حقیقت آثار متعادل (Effect balance) همه مقرهای ژنی در حال تفرق می‌باشند. مفهوم آن این است که پارامتر افزایشی و یا پارامتر اثر متقابل مرتبط با اثر افزایشی تابعی از درجه پراکندگی ژن‌های افزایش‌دهنده صفت بین والدین می‌باشند. در حالی که آثار غالبیت، حاصل‌ضرب خالص جهت غالبیت (Direction of dominance) در هر مقرژنی می‌باشند. متعاقباً برآوردهای آثار افزایشی باید کوچک باشند چون درجه بالایی از پراکندگی وجود دارد. مشابهاً غالبیت می‌تواند کوچک باشد مشروط به این که تشریک مساعی دو جهته وجود داشته باشد. اما از طرفی دیگر واریانس ژنتیکی به وسیله آثار متعادل تحت تأثیر قرار نمی‌گیرند چون آنها مجموع مربعات آثار هر مقر ژنی بوده و بنابراین به صورت مجموع تنوع آثار افزایشی و غالبیت بیان می‌شوند. لذا تجزیه واریانس نسل‌ها، همانند تجزیه میانگین نسل‌ها می‌تواند انجام گیرد و این اطلاعات تکمیلی را برای تفسیر ساختار ژنتیکی فراهم نماید. سرعت پیشرفت ژنتیکی ژنوتیپ‌های تحت گزینش، بستگی به توارث‌پذیری دارد (۶)،

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]

چون برآوردهای توارث‌پذیری اطلاعات لازم برای انتقال صفات از والدین به نتاج را فراهم کرده و بنابراین ارزیابی آثار ژنتیکی و محیطی درتنوع فنوتیپی را تسهیل کرده وکمک به گزینش می‌کند. باید دقت نمود در نظرنگرفتن اپیستازی در برآوردهای توارث‌پذیری ممکن است برآوردهای اریب‌دار تنوع ژنتیکی افزایشی و پیشگویی پیشرفت حاصل ازگزینش شود. برآوردهای وراثت‌پذیری به همراه پیشرفت ژنتیکی، بهنژادگران را قادر می‌سازد تا پیشرفت ژنتیکی واقعی تحت شرایط گزینش را پیشگویی نموده و انواع روش‌های متفاوت گزینش را با استفاده شدت‌های گزینش مورد نظر مورد مقایسه قرار دهد. مطالعات هم‌بستگی انجام شده در این مطالعه بیان از هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار برخی از صفات با هم داشت. برای نمونه می‌توان به هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار صفت تعداد سنبله در دانه با عملکرد دانه اشاره کرد که با مطالعات لی (۵) و سیدول و همکاران (۱۲) مطابقت داشت، بنابراین می‌توان بیان داشت که با بهبود خصوصیت تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد بهبود خواهد یافت. همینطور هم‌بستگی‌های مثبت و معنی‌دار فنوتیپی و ژنوتیپی صفت وزن دانه در سنبله با عملکرد دانه در بوته (به ترتیب ۰/۵۲ و۰/۷۷) با نتایج مطالعات داندا (۱) و الهناوی (۲) مطابقت داشت

منابع مورد استفاده

1. Dhanda, S. S. and G. S. Sethi. 1996. Genetics and interrelationships of grain yield and its related traits in bread wheat under irrigated and rainfed conditions. Wheat Inform. Ser. 83:19-27.
2. El-Hannawy, M. A. 1992. Inheritance of grain yield and some other agronomic characters in two wheat crosses. Al-Azhar J. Agric. Res. 15:57-68.
3. Hallauer, A.R. and J.B. Miranda. 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa. 486pp.
4. Kearsey, M. J. and H.S. Pooni. 1996 .The Genetical Analysis of Quantitative Traits. Chapman & Hall, London.
5. Li, B. F. 1989. A study on the genetic parameter of main economic characters in wheat. Hereditas 1: 4-7.
6. Mather, K. and J. L. Jinks. 1982. Biometrical Genetics. 3rd ed., Chapman and Hall, London.
7. McKendry, A. L., P. B. E. McVetty and L. Evans. 1988. Inheritance of grain protein concentration, grain yield and related traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). Genome 30:857-864.
8. Menon, U. and S. N. Sharma. 1995. Inheritance studies for yield and yield component traits in bread wheat over the environment .Wheat Infor. Ser. 89:1-5.
9. Moghaddam, M., B. Ehdaie and S. Waines. 1997. Genetic variation and interrelationships of agronomic characters in landraces of bread wheat from southeastern Iran. Euphytica 95:361-369.
10. Paroda, R. S., I. S. Power and S. Singh. 1988. Gene effects for six metric traits in four spring wheat crosses. Indian J. Genet. 48:195-199.
11. Sharma, J. R. 1998. Statistical and Biometrical Techniques in Plant Breeding. H. S. Poplai, India.
12. Sidwell, R. J., E. L. Smith and R. W. McNew. 1976. Inheritance and interrelationships of grain yield and selected yield-related traits in hard red winter cross. Crop Sci. 16:650-654.
13. Singh, R. P. and S. Singh. 1992. Estimation of genetic parameters through generation mean analysis in bread wheat. Indian J. Genet. 52: 369-375.
14. Yavav, B., M. Yunus and S. Madon. 1997. Genetic architecture of yield, yield component and quality traits in bread wheat. Indian J. Agric. Res. 31:28-32.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.4.9.8]