

نحوه عمل ژن و وراثت پذیری برای برخی صفات زراعی در ۱۷ تلاقی سورگوم دانه‌ای

سعدالله هوشمند و عبدالمجید رضایی

مربی دانشگاه شهرکرد و استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان

تاریخ پذیرش مقاله ۱۳۷۵/۳/۳۰

خلاصه

به منظور برآورد نحوه عمل ژن و وراثت پذیری عملکرد دانه در بوته، متوسط وزن خوشه، تعداد روز تا گلدهی، متوسط طول خوشه و ارتفاع بوته در یک جامعه متنوع سورگوم دانه‌ای، از طرح تجزیه و تحلیل میانگین نسلیها استفاده شد. هفده فامیل، به عنوان فاکتور اصلی، متشکل از والدین تلاقی و نسلهای F_1 و F_2 به عنوان فاکتور فرعی، در یک طرح کمرتهای خرد شده در قالب بلوکهای کامل تصادفی در پنج تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. با توجه به اینکه میانگین مربعات فامیل و نسل درون فامیل برای تمام خصوصیات از نظر آماری معنی‌دار بود، چنین استنباط شد که تنوع ژنتیکی بالایی در مواد مورد بررسی وجود دارد. اطلاعات حاصل به روش ماترو جینکز مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. در اکثر فامیلهای اثرات افزایشی و غالبیت ژنها به طور مشترک در توارث صفات دخالت داشتند، هر چند که در برخی از فامیلهای اثرات متقابل غیر آلی نیز مشاهده گردید. اثرات افزایشی و غالبیت ژنها در اغلب فامیلهای و در تمامی صفات بجز تعداد روز تا گلدهی در جهت تزیادی بودند. درجه غالبیت در اکثر فامیلهای مبین تاثیر بیشتر اثرات غالبیت و فوق غالبیت ژنها در کنترل اغلب صفات بود. برآورد قابلیت توارث عمومی صفات در فامیلهای متفاوت و متوسط آنها بین ۵۰/۹۹ تا ۷۷/۵۴ درصد به ترتیب مربوط به متوسط طول خوشه و ارتفاع بوته متغیر بود. برآورد قابلیت توارث خصوصی بر مبنای رگرسیون F_2 روی F_1 در صفات مختلف بین ۱۹/۵۵ تا ۶۴/۷۱ درصد به ترتیب مربوط به عملکرد دانه و ارتفاع بوته متغیر بود، که نشاندهنده راندمان بالای انتخاب برای برخی صفات می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: اثرات افزایشی و غالبیت و تجزیه و تحلیل میانگین نسلیها

مقدمه

سورگوم گیاهی است که پتانسیل ژنتیکی بالایی در واکنش نسبت به خشکی، طول روز، دما، طول دوره رشد و سایر شرایط محیطی دارد. لذا با بهره‌گیری از این پتانسیل می‌توان ارقام سازگار به مناطق با شرایط محیطی متفاوت را تولید نمود. این گیاه طی دهه‌های اخیر پس از ذرت بیشترین سرعت افزایش عملکرد را به خود اختصاص داده است، که مهمترین دلایل حصول این پیشرفت علاوه بر بکارگیری بهینه عوامل زراعی، تولید سورگومهای پاکوتاه و

استفاده از دورگها و به طور کلی انجام مطالعات ژنتیکی و استفاده از نتایج حاصل از برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (۱۱ و ۵). یک برنامه اصلاحی در سه مرحله تولید جامعه یا ژرم پلاسما متنوع، انتخاب گیاهان مطلوب در جامعه یا ژرم پلاسما و استفاده از این گیاهان برای تولید یک واریته خلاصه می‌شود (۱۵). تخمین پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفت یا صفات مورد نظر و قابلیت توارث آنها در اجرای بهینه مراحل فوق اهمیت دارد. همچنین برآورد پارامترها و اثرات مختلف ژنتیکی نظیر سهم اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژنها

فامیلهای مختلف ممکن است ناشی از تفاوت زیاد بین والدین به عنوان جامعه‌های متفاوت و شرایط محیطی گوناگون باشد.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی مورد استفاده در این مطالعه شامل ۱۷ فامیل متشکل از والدین تلاقی و نسلهای F_1 و F_2 آنها بود. جهت دستیابی به این مواد در سال ۱۳۶۹ بین لاینهای نر عقیم (لاین A) و برگرداننده باروری (لاین R) سورگوم که از مرکز بین المللی تحقیقات مناطق خشک و نیمه خشک دریافت شده بودند، تعداد زیادی تلاقی انجام شد. مقداری از بذور F_1 در زمستان در گلخانه کشت و بذور F_2 حاصل گردید. آزمایش در بهار سال ۱۳۷۰ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در لورک نجف آباد در زمینی با بافت لومی رسی که در سال قبل آیش بود انجام گردید. کاشت در اول خرداد ماه به صورت هیرم کاری انجام شد. طول ردیف‌های کاشت ۴ متر و فاصله بین ردیفها و بین بوته‌ها در هر ردیف به ترتیب ۶۰ و ۲۰ سانتیمتر در نظر گرفته شد. مبارزه با علفهای هرز توسط وجین دستی انجام و مقدار آب لازم برای هر نوبت در حد متعارف منطقه و با توجه به نیاز آبی گیاه طوری تعیین شد که عمق ریشه به حد ظرفیت زراعی برسد. جهت انجام خود گشنی کامل و جلوگیری از خسارت ناشی از پرندگان خوشه‌ها قبل از گرده افشانی با پاکت پوشیده شدند. به منظور به حداقل رسانیدن تفاوت‌های محیطی بین نسلهای هر فامیل از طرح کشتهای خرد شده در قالب بلوکهای کامل تصادفی در ۵ تکرار استفاده گردید، به طوری که فامیل فاکتور اصلی و نسلها (لاین R، لاین B و F_1 و F_2) فاکتور فرعی را تشکیل دادند. در هر تکرار نسلهای والدینی و F_1 هر کدام در یک ردیف و نسل F_2 به منظور بهره‌وری بیشتر از تنوع ژنتیکی در دو ردیف کشت گردیدند. یادداشت برداری بر اساس تک بوته و با در نظر گرفتن اثر حاشیه برای نسلهای والدین و F_1 (نسلهای فاقد تنوع ژنتیکی) در هر تکرار ۱۰ بوته و در نسل F_2 از تمام بوته‌های موجود (به جز حاشیه‌ها) انجام گردید. صفات تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، متوسط طول خوشه در بوته (سانتی‌متر)، متوسط وزن دانه در خوشه (گرم) و عملکرد دانه در بوته (گرم) مورد مطالعه قرار گرفتند. تجزیه و تحلیل میانگین نسلها با توجه به مدل ساده افزایشی - غالبیت و برآورد پارامترهای m ، $[a]$ و $[d]$ ، (به ترتیب

و نسبت این دو در کنترل یک صفت، می‌تواند در تعیین بهترین روش اصلاحی و مراحل مختلف آن نقش بسزائی داشته باشد. شرایط محیطی، زمان، نوع مواد آزمایشی، روش محاسبه و... تاثیر مهمی بر برآورد پارامترهای ژنتیکی دارند. لیانگ و والتر (۱۲) بیان می‌دارند که اثرات افزایشی سهم کمی در توارث عملکرد دانه و وزن خوشه دارند، ولی برای صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی نقش عمده‌ای را ایفا می‌کنند. ساندلین (ذکر شده در مآخذ ۶) با تجزیه میانگین نسلها، اثرات غالبیت ژنی را برای تمامی صفات سورگوم از جمله عملکرد دانه مهم دانسته و درجه غالبیت برای اکثر صفات را در محدوده فوق غالبیت گزارش نموده است. چیانگ و اسمیت (۴) گزارش نموده‌اند که واریانس اثرات افزایشی و غالبیت ژنها برای عملکرد دانه، زمان گلدهی، طول خوشه، وزن خوشه و ارتفاع بوته معنی‌دار یا بسیار معنی‌دار است. در این مطالعه درجه غالبیت برای وزن خوشه $5/7$ ، ارتفاع بوته $3/35$ ، زمان گلدهی $5/9$ و طول خوشه $0/44$ ذکر گردیده است.

نسبت واریانس ژنوتیپی به واریانس فنوتیپی یا قابلیت توارث عمومی نشان می‌دهد که تا چه حدی فنوتیپ افراد بوسیله ژنوتیپ آنها تعیین می‌گردد. بالا بودن قابلیت توارث خصوص که نسبت واریانس ارزش اصلاحی به واریانس فنوتیپی می‌باشد، مبین آن است که بهبود صفت مورد بررسی توسط انتخاب بر اساس فنوتیپ، امکان پذیر می‌باشد. فالکونر (۷) معتقد است که، می‌توان توسط رگرسیون نتایج - والد قابلیت توارث خصوصی را در گیاهان یکساله برآورد نمود. این روش به طور نسبی کمتر از سایر روشها، از صادق نبودن فرضیات تاثیر پذیرفته و نسبت به روشهایی که بر اجزاء واریانس مبتنی هستند، برآورد قابل اعتمادتری از قابلیت توارث خصوصی را ارائه می‌نماید. در مطالعه بیتینگر و همکاران (۳) قابلیت توارث خصوصی عملکرد دانه در سورگوم ۳۷ درصد و زمان گلدهی ۷۳ درصد گزارش شده است و صفاتی چون ارتفاع بوته، طول خوشه و وزن خوشه از برآورد قابلیت توارث متوسطی برخوردار بوده‌اند. علی‌خان و ویبل (۱) مقادیر قابلیت توارث را برای ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی به طور نسبی بالا و برای طول خوشه، عملکرد دانه و وزن خوشه پائین گزارش نموده‌اند. لیانگ و والتر (۱۲) با مطالعه سه فامیل سورگوم دانه‌ای برآوردهای قابلیت توارث برای عملکرد دانه را بین ۵۷ تا ۹۶ درصد و برای وزن خوشه را بین ۷۴ تا ۸۱ درصد گزارش کرده‌اند. به طور کلی دامنه وسیع برآوردهای قابلیت توارث در

هر تکرار نمونه تصادفی از جمعیت مورد مطالعه می‌باشد، و از طرف دیگر تجزیه واریانس روی میانگین‌ها صورت می‌پذیرد، هر تکرار دامنه تغییرات کلی صفات را شامل شده و مفهوم پیدا می‌نماید. واریانس فامیل و نسل درون فامیل برای تمامی صفات مورد مطالعه از لحاظ آماری بسیار معنی‌دار بود (جدول ۱). این موضوع مبین پتانسیل و تفرق ژنتیکی بالا در مواد مورد مطالعه می‌باشد. بنابراین می‌توان از این مواد در کارهای اصلاحی استفاده نمود.

۲- ارتفاع بوته

برآورد پارامترهای ژنتیکی، مقادیر کای اسکور، درجه غالبیت و قابلیت توارث، در هر یک از ۱۷ فامیل مورد بررسی برای ارتفاع بوته در جدول ۲ آورده شده است. مقادیر معنی‌دار χ^2 برای فامیل‌های ۱، ۲، ۵، ۹، ۱۴ و ۱۵ مبین مناسب نبودن مدل ساده افزایشی - غالبیت برای آن‌ها می‌باشد. پس از تبدیل لگاریتمی داده‌ها، فامیل‌های ۱، ۲، ۵، ۹ و ۱۵ نیز از این مدل پیروی کردند. بنابراین بجز در فامیل‌های ۹ و ۱۴ در سایر فامیل‌ها مکانهای ژنی کنترل کننده ارتفاع بوته به طور مستقل عمل می‌کنند و بین آنها اثرات متقابل غیر آلی و پیوستگی ژنی وجود ندارد. با توجه به عدم تبعیت فامیل‌های ۹ و ۱۴ از مدل ساده افزایشی - غالبیت، استنباط می‌شود که توارث ارتفاع بوته در این فامیل‌ها تحت کنترل اثرات ایستازی ژنها قرار دارد. لذا بین اثرات اصلی افزایشی و غالبیت ژنها و اثرات متقابل آن‌ها اختلاط پیش آمده و امکان بررسی اثرات اصلی به طور واضح وجود ندارد. در فامیل‌هایی که مدل ساده افزایشی - غالبیت حاکم است کلیه برآوردهای [a] و [d] از نظر آماری معنی‌دار بودند. بنابراین اثرات افزایشی و غالبیت ژنها مشترکاً توارث ارتفاع بوته را در این فامیل‌ها کنترل می‌نمایند.

میانگین نسل، اثرات افزایشی و غالبیت) با استفاده از روش ماتروچینکر (۱۳) و با توجه به حداقل توانهای دوم محاسبه گردیده، و معکوس واریانس هر نسل به عنوان وزنه برای میانگین آن نسل در نظر گرفته شد. میانگین هر نسل با استفاده از فرمول $m = \frac{\sum n_i m_i}{\sum n_i}$ محاسبه شد. در این فرمول n_i و m_i به ترتیب تعداد بوته و میانگین صفت مورد مطالعه در هر تکرار می‌باشند. واریانس هر نسل از حاصل جمع مجموع مربعات مربوط در تکرارها تقسیم بر درجه آزادی و با استفاده از فرمول $S^2 = \frac{\sum (n_i - 1) s_i^2}{\sum (n_i - 1)}$ محاسبه گردید. در این فرمول s_i و n_i به ترتیب واریانس و تعداد بوته در هر تکرار می‌باشند. برای آزمون معنی‌دار بودن پارامترها از توزیع t استفاده شد. مناسب بودن مدل ساده افزایشی - غالبیت و دقت پارامترهای برآورده شده با استفاده از آزمون کای اسکور انجام شد، و در مواردی که χ^2 معنی‌دار بود از تبدیل لگاریتمی داده‌ها استفاده گردید. درجه غالبیت از تقسیم [d] بر [a] حاصل گردید. در برآورد قابلیت توارث عمومی از فرمول $h^2_{b.s} = \frac{V_{F_2} - \sqrt{V_{p_1} \times V_{p_2} \times V_{F_1}}}{V_{F_2}}$ استفاده شد. در این فرمول V_{F_2} و V_{F_1} ، V_{p_2} ، V_{p_1} به ترتیب واریانس نسل‌های والدینی، F_2 و F_1 می‌باشند. قابلیت توارث خصوصی هر صفت با روش رگرسیون میانگین F_2 بر F_1 با توجه به ضریب تصحیح اسمیت و کینمن (۱۷) برآورد گردید.

نتایج بحث

۱- تجزیه واریانس

ژنوتیپ گیاهان F_2 بعلا تفرق صفات متفاوت است، بنابراین شاید تصور تکرار برای این نسل صحیح به نظر نرسد. اما از آنجا که

جدول ۱ - تجزیه واریانس ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، متوسط طول و وزن خوشه و عملکرد دانه در بوته در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

منابع تغییرات	درجات آزادی	ارتفاع بوته	تعداد روز تا گلدهی	متوسط طول خوشه	متوسط وزن خوشه	عمکردانه در بوته
تکرار	۴	۹۲/۴۰	۲۰۶/۷۷**	۴/۹۵	۹۸۶/۴۳	۶۶۰/۱۴
فامیل	۱۶	۴۸۶۱/۱۱**	۳۵۵/۱۹**	۷۲/۱۱**	۲۷۹۹/۹۹**	۵۳۹۱/۷۹**
خطای a	۶۴	۶۹/۹۹	۱۶/۹۳	۲/۵۴	۶۶۸/۹۳	۷۳۴/۸۴
نسل در فامیل	۵۱	۳۰۵۳/۰۹**	۴۲/۳۷**	۳۰/۳۴**	۱۱۹۵/۵۲**	۵۲۳/۰۴**
خطای b	۲۰۴	۳۹/۷۵	۹/۹۸	۰۱/۶۸	۱۰۴/۵۴	۲۳۶/۹۷
ضریب تغییرات		۳/۹۹	۳/۷۳	۴/۹۳	۱۷/۲۹	۱۸/۵۴

* ** : به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

جدول ۲- برآوردهای پارامترهای ژنتیکی و درجه غالبیت ([d]/[a]) برای ارتفاع بوته در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

درجه غالبیت	χ^2	پارامترهای ژنتیکی			فامیل
		[d]	[a]	m+	
۲/۲۹	۳۱/۰۵**	۲۵/۹۹±۱/۸۴**	۱۱/۳۳±۰/۹۸**	۱۲۹/۶۱±۰/۹۵	۱
۱/۷۳	۱۳/۱۵**	۲۰/۵۰±۲/۰۸**	۱۱/۸۴±۱/۲۸**	۱۲۹/۴۸±۱/۱۹	۲
۱/۸۳	۰/۰۶	۲۱/۴۷±۲/۰۱**	۱۱/۶۸±۱/۱۷**	۱۳۰/۹۷±۱/۱۰	۳
۷/۲۸	۰/۰۷	۵۵/۳۶±۲/۵۵**	۷/۶۰±۱/۲۴**	۱۴۸/۱۶±۱/۲۱	۴
۴/۹۵	۷/۸۸**	۶۲/۹۶±۳/۱۲**	۱۲/۷۱±۱/۲۱**	۱۲۹/۳۶±۱/۱۹	۵
۴/۵۷	۱/۲۷	۴۰/۳۹±۱/۹۸**	۸/۸۳±۰/۹۴**	۱۵۵/۳۲±۰/۹۲	۶
۲۷/۸۳	۰/۳۴	۵۲/۳۱±۲/۴۲**	۱/۸۸±۰/۹۹*	۱۵۰/۵۲±۱/۰۷	۷
۵/۰۲	۳/۷۰	۶۵/۴۶±۱/۸۳**	۱۳/۰۳±۱/۱۶**	۱۴۳/۱۶±۱/۱۴	۸
۴/۱۴	۷/۱۲**	۵۵/۶۳±۲/۳۳**	۱۳/۴۴±۱/۲۴**	۱۴۱/۲۵±۱/۲۲	۹
۳/۵۸	۰/۰۸	۵۱/۰۱±۱/۹۴**	۱۴/۲۲±۰/۸۰**	۱۴۰/۷۶±۰/۸۰	۱۰
۴/۰۵	۰/۰۹	۳۴/۵۸±۲/۶۳**	۸/۵۳±۰/۶۸**	۱۳۱/۹۸±۰/۶۷	۱۱
۳/۸۹	۰/۴۶	۴۹/۴۰±۱/۹۶**	۱۲/۷۰±۰/۹۶**	۱۳۷/۹۷±۰/۶۷	۱۲
۱/۶۷	۰/۸۴	۱۶/۰۱±۱/۸۸**	۹/۵۶±۰/۸۲**	۱۳۶/۰۴±۰/۸۱	۱۳
۱/۵۴	۴۳/۹۰**	۱۵/۱۰±۱/۷۱**	۹/۷۸±۱/۱۴**	۱۳۴/۲۵±۱/۰۹	۱۴
۳/۱۰	۷/۱۶**	۶۱/۲۳±۱/۸۵**	۱۹/۷۰±۰/۶۹**	۱۵۹/۳۷±۰/۶۹	۱۵
۴/۶۱	۵/۲۲	۴۲/۹۱±۱/۷۸**	۹/۳۱±۱/۱۰**	۱۷۰/۷۸±۱/۰۹	۱۶
۲۴/۹۷	۲/۵۱	۶۹/۹۰±۳/۵۵**	۲/۸۰±۱/۰۳**	۱۴۲/۵۵±۱/۰۲	۱۷

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد. + m: برای تمام فامیل‌های در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود.

۲ - تعداد روز تا گلدهی

در بین صفات مورد بررسی تعداد روز تا گلدهی بیشترین انحراف را نسبت به مدل ساده افزایشی - غالبیت نشان داد. مقادیر کای اسکور در ۱۱ فامیل برای این صفت معنی‌دار بود (جدول ۳)، لذا در این فامیل‌ها برآورد میانگین‌ها برای نسل‌های والدین و F_1 نسبت به میانگین‌های اصلی اریب بوده و تبدیل داده‌ها را طلب می‌نماید. علاوه بر فامیل‌های ۱، ۲، ۱۰، ۱۲، ۱۵ و ۱۷ در فامیل‌های ۵ و ۹ نیز پس از تبدیل داده‌ها میانگین نسل‌ها از مدل ساده افزایشی - غالبیت پیروی کردند. در بین فامیل‌های مزبور تعداد روز تا گلدهی بجز در فامیل ۹ که تحت تاثیر اثرات غالبیت ژنهاست، در سایر فامیل‌ها بوسیله اثرات افزایشی و غالبیت ژنها به طور همزمان کنترل می‌گردد. اثرات افزایشی و غالبیت منفی مبین تاثیر اثرات ژنی در کاهش تعداد روز تا گلدهی و به عبارتی کاهش دوره رشد گیاه می‌باشند. در بین فامیل‌ها اثرات

درجه غالبیت برای ژنهای کنترل کننده ارتفاع بوته بین ۱/۵۴ (فامیل ۱۴) و ۲۷/۸۳ (فامیل ۷) متغیر بود. این مقادیر حاکی از وجود عمل فوق غالبیت ژنها در کنترل ارتفاع بوته برای این فامیل‌ها می‌باشند. با توجه به معنی‌دار بودن اثرات افزایشی ژنها، عمل فوق غالبیت بخصوص در فامیل‌های ۲، ۳ و ۱۳ که دارای درجات غالبیت پائین هستند، می‌تواند از نوع کاذب و ناشی از تجمع اثرات غالبیت جزئی یا کامل ژنهای کنترل کننده ارتفاع بوته در این فامیل‌ها باشد. اما در سایر فامیل‌ها اثرات غالبیت ژنها بوضوح نقش مهمتری را نسبت به اثرات افزایشی در کنترل ارتفاع بوته دارند.

بل و آتکتیز (۲) نیز با بررسی ۴۰ هیبرید و والدین مربوط، وجود فوق غالبیت ژنها در کنترل ارتفاع بوته را برای سورگوم گزارش نموده‌اند.

جدول ۳- برآورد پارامترهای ژنتیکی و درجه غالبیت ([d][a]) برای تعداد روز تا گلدهی در ۱۷ فامیل سورگوم دانهای

درجه غالبیت	χ^2	پارامترهای ژنتیکی			فامیل
		[d]	[a]	m+	
۲/۹۷	۰/۸۵	-۴/۱۹±۰/۶۰**	-۱/۴۱±۰/۳۶**	۸۶/۶۵±۰/۳۴	۱
۰/۷۱	۱/۱۵	-۲/۸۵±۰/۷۲**	-۴/۰۲±۰/۴۲**	۸۱/۲۰±۰/۳۹	۲
۰/۲۱	۱۷/۵۰**	-۰/۸۴±۰/۷۳	-۴/۱۷±۰/۳۲**	۸۲/۰۷±۰/۳۲	۳
۳/۰۵	۵۶/۰۱**	-۱/۹۸±۰/۶۱**	-۰/۶۵±۰/۳۵*	۸۶/۳۵±۰/۳۴	۴
۴/۰۷	۲۷/۰۸**	-۳/۵۷±۰/۵۳**	-۰/۸۸±۰/۴۳*	۸۴/۷۹±۰/۴۰	۵
۱/۰۷	۸/۶۶**	-۱/۸۹±۰/۴۷**	-۱/۷۷±۰/۳۳**	۸۴/۳۴±۰/۳۲	۶
۱/۶۱	۴۴/۲۰**	-۲/۲۶±۰/۵۰**	-۱/۴۲±۰/۳۰**	۸۶/۳۲±۰/۲۹	۷
-۱/۱۷	۲۳/۹۰**	۱/۶۹±۰/۶۸**	-۱/۴۴±۰/۳۴**	۸۳/۷۰±۰/۳۲	۸
۵۶/۸۱	۱۰/۷۹**	-۲/۲۷±۰/۶۳**	-۰/۰۴±۰/۳۶	۸۴/۸۶±۰/۳۲	۹
۳/۳۵	۰/۳۸	-۲/۳۸±۰/۶۴**	-۰/۷۱±۰/۳۷*	۸۰/۸۱±۰/۳۵	۱۰
۲/۴۲	۲۰/۵۷**	-۶/۰۲±۰/۴۲**	-۲/۴۹±۰/۲۸**	۹۳/۵۲±۰/۲۷	۱۱
۰/۶۵	۴/۶۰	-۲/۸۶±۰/۶۱**	-۴/۳۹±۰/۳۸**	۸۲/۲۲±۰/۳۶	۱۲
۰/۵۶	۲۴/۲۳**	-۱/۵۳±۰/۹۲	-۲/۷۳±۰/۴۳**	۸۴/۸۱±۰/۴۱	۱۳
۲۲/۴۰	۶۸/۴۱**	-۴/۰۲±۰/۷۲**	-۰/۱۸±۰/۴۶	۸۲/۶۱±۰/۴۴	۱۴
۱/۰۱	۳/۵۰	-۲/۰۰±۰/۶۲**	-۱/۹۷±۰/۲۶**	۸۸/۲۳±۰/۲۶	۱۵
۱/۲۱	۲۵/۳۸**	-۴/۴۲±۰/۵۶**	-۳/۶۶±۰/۳۹**	۹۷/۹۵±۰/۳۷	۱۶
۵/۹۱	۶/۳۰	-۲/۵۴±۰/۶۴**	-۰/۴۳±۰/۲۹**	۸۲/۶۱±۰/۲۸	۱۷

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد. + m: برای تمام فامیل‌های در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار بود.

نیز حاکی از وجود اثرات ایستازی ژنها (۱۶ و ۹) غالبیت جزئی (۳) و فوق غالبیت (۱۶، ۱۲ و ۶) در توارث زمان گلدهی در سورگوم می‌باشد. بنابراین می‌توان با استفاده از والدین مناسب، ارقام هیبرید زودرس تولید نمود.

۴- متوسط طول خوشه

مقادیر معنی دار کای اسکور نشان داد که حتی پس از تبدیل لگاریتمی داده‌ها در فامیل‌های ۹، ۱۰، ۱۵، ۱۶ و ۱۷، مدل ساده افزایشی - غالبیت برای توجیه کنترل ژنتیکی متوسط طول خوشه کافی نمی‌باشد. بنابراین در این فامیل‌ها می‌بایستی اثرات ایستازی ژنها را در کنترل این صفت مد نظر قرار داد. در فامیل‌های ۱۳ و ۱۴ فقط مقادیر [d] و در فامیل‌های ۱ و ۵ نیز تنها مقادیر [a] معنی دار نبودند. این نتایج به ترتیب بیانگر اهمیت اثرات افزایشی و اثرات غالبیت ژنها

افزایشی در فامیل‌های ۳ و ۱۲ بیشترین تاثیر را در کاهش طول دوره گلدهی (در حدود ۴ روز) و کمترین آن در فامیل ۹ (تقریباً صفر) مشاهده گردید. همچنین بیشترین تاثیر اثرات غالبیت ژنها در کاهش تعداد روز تا گلدهی در فامیل ۱۱ (۲/۰۶ روز) مشاهده شد. در فامیل ۸ این اثر باعث افزایش تعداد روز تا گلدهی به میزان ۱/۷ روز گردید. درجه غالبیت برای این صفت بین ۱/۱۷ - (فامیل ۸) تا ۵۶/۸۱ (فامیل ۹) متغیر بود. با توجه به اینکه زمان گلدهی در فامیل ۹ تحت کنترل اثرات غالبیت ژنها می‌باشد، بالا بودن درجه غالبیت در آن دور از انتظار نمی‌باشد. در فامیل‌هایی که از مدل ساده افزایشی غالبیت پیروی می‌نمایند، تعداد روز تا گلدهی در فامیل‌های ۲ و ۱۲ توسط غالبیت جزئی، در فامیل ۱۵ توسط غالبیت کامل و در سایر فامیل‌ها با عمل فوق غالبیت ژنها کنترل می‌گردد. نتایج مطالعات دیگر

بالای اثرات متقابل غیر آلی در کنار اثرات اصلی افزایشی و غالبیت در توارث متوسط وزن خوشه می‌باشد. نتایج مشابهی دال بر وجود اثرات ایستازی ژنها در کنترل متوسط وزن خوشه توسط ابراهیم و همکاران (۹) گزارش شده است. در بین فامیلهایی که مدل ساده افزایشی - غالبیت در توجیه تنوع میانگین نسلهای آنها برای وزن خوشه صادق بود، اثرات افزایشی در فامیل شماره ۳ و اثرات غالبیت در فامیلهای ۱ و ۱۶ نقش اصلی و معنی‌دار را داشتند. در اکثر فامیلهای دیگر اثرات افزایشی و غالبیت در کنار یکدیگر مسئولیت توارث این صفت را بعهده دارند. اثر ژنها در کلیه فامیلهای جهت افزایش وزن خوشه عمل نمود. میزان درجه غالبیت (۰/۶۹) در فامیل ۳ مبین وجود غالبیت جزئی در عمل ژنهای کنترل کننده متوسط وزن خوشه می‌باشد (جدول ۵). در سایر فامیلهایی که از مدل ساده افزایشی -

در کنترل ژنتیکی متوسط طول خوشه در این فامیلهای می‌باشد. در سایر فامیلهای اثرات افزایشی و غالبیت ژنها مشترکاً در توارث این صفت نقش دارند. درجه غالبیت متوسط طول خوشه در فامیلهای متفاوت و بین ۰/۱۳ (فامیل ۱۳) تا ۲۵/۴۷ (فامیل ۷) متغیر بود.

چیانگ و اسمیت (۴) نیز غالبیت جزئی را در عمل ژنهای کنترل کننده طول خوشه مهم می‌دانند. در برخی از فامیلهای فوق غالبیت نقش اصلی را در کنترل متوسط طول خوشه ایفا می‌نماید.

۵- متوسط وزن خوشه

نتایج آزمون کای اسکور برای متوسط وزن خوشه در فامیلهای ۱، ۳، ۶، ۸، ۱۱ و ۱۷ معنی‌دار نبود (جدول ۵). پس از تبدیل لگاریتمی داده‌ها برای ۱۱ فامیل باقیمانده، تنها میانگین نسلهای فامیل ۷ با مدل ساده افزایشی - غالبیت تطابق یافت. این مطلب مبین سهم

جدول ۴ - برآورد پارامترهای ژنتیکی و درجه غالبیت ($[d]/[a]$) برای متوسط طول خوشه در بوته در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

درجه غالبیت	χ^2	پارامترهای ژنتیکی			فامیل
		[d]	[a]	m+	
۱۷/۲۴	۰/۰۱**	۲/۹۳±۰/۳۸**	۰/۱۷±۰/۲۳	۲۲/۲۵±۰/۲۱	۱
۰/۹۲	۲/۲۱	۳/۲۲±۰/۵۳**	۳/۴۸±۰/۳۳**	۲۵/۸۱±۰/۳۰	۲
۰/۶۶	۰/۰۰	۲/۵۶±۰/۴۸	۳/۸۴±۰/۳۲**	۲۵/۷۸±۰/۲۹	۳
۱/۵۵	۴/۰۶	۴/۱۸±۰/۵۱**	۲/۶۹±۰/۲۷**	۲۶/۶۴±۰/۲۶	۴
۳/۱۰	۰/۲۱	۳/۶۵±۰/۴۵**	۱/۱۸±۰/۳۰	۲۳/۶۴±۰/۲۸	۵
۳/۱۹	۰/۷۱	۲/۸۷±۰/۳۴**	۰/۹۰±۰/۲۵**	۲۲/۶۴±۰/۲۱	۶
۲۵/۴۷	۰/۰۰	۴/۵۸±۰/۳۹**	۰/۱۸±۰/۳۰**	۲۲/۲۶±۰/۲۷	۷
۲/۳۳	۱/۶۷	۳/۶۴±۰/۴۶**	۱/۵۶±۰/۲۷**	۲۵/۹۰±۰/۲۵	۸
۲/۲۶	۲۹/۴۷**	۲/۲۸±۰/۴۵**	۱/۰۱±۰/۲۹**	۲۴/۵۶±۰/۲۸	۹
۳/۰۹	۱۰/۷۷**	۳/۸۹±۰/۴۱**	۱/۲۶±۰/۲۶**	۲۷/۴۵±۰/۲۵	۱۰
۰/۸۴	۰/۰۲	۳/۸۴±۰/۳۸**	۴/۵۶±۰/۲۳**	۲۲/۲۸±۰/۲۲	۱۱
۲/۶۵	۵/۵۹	۳/۸۸±۰/۴۳**	۱/۴۶±۰/۲۸**	۲۵/۱۳±۰/۲۶	۱۲
-۰/۱۳	۰/۵۵	-۰/۱۲±۰/۶۴	۰/۹۹±۰/۲۸**	۲۸/۹۵±۰/۲۷	۱۳
-۰/۱۲	۶/۵۲	-۰/۳۰±۰/۵۱	۲/۴۲±۰/۲۶**	۲۶/۳۱±۰/۲۵	۱۴
۳/۵۷	۳۵/۵۵**	۲/۲۱±۰/۴۲**	۰/۶۲±۰/۲۰**	۲۷/۷۹±۰/۲۰	۱۵
۱/۱۵	۹/۶۱**	۱/۸۰±۰/۳۴**	۱/۵۶±۰/۲۲**	۲۸/۲۵±۰/۲۱	۱۶
۰/۲۳	۱۴/۰۴**	۰/۹۳±۰/۴۳**	۴/۰۴±۰/۲۷**	۲۴/۸۹±۰/۲۵	۱۷

m: + برای تمام فامیلهای در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود. * و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

جدول ۵ - برآورد پارامترهای ژنتیکی و درجه غالبیت ([d]/[a]) برای متوسط وزن خوشه در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

درجه غالبیت	χ^2	پارامترهای ژنتیکی			فامیل
		[d]	[a]	m+	
۳۱/۰۱	۱/۱۲	۱۷/۳۶±۲/۳۱**	۰/۵۶±۱/۱۴	۳۰/۹۶±۱/۱۰	۱
۲/۵۹	۲۲/۲۱	۵/۴۲±۱/۸۱**	۲/۰۹±۱/۲۳	۲۸/۰۴±۱/۱۴	۲
۰/۶۹	۴/۵۱	۵/۵۶±۲/۵۸	۸/۰۶±۱/۴۸**	۳۵/۹۶±۱/۳۸	۳
۲/۸۰	۴۷/۸۳**	۲۹/۹۱±۳/۲۴**	۱۰/۶۶±۱/۹۸**	۳۹/۶۳±۱/۸۵	۴
۸/۶۴	۳۸/۰۷**	۲۴/۸۰±۲/۵۳**	۲/۸۷±۱/۱۹*	۲۷/۴۵±۱/۱۵	۵
۱/۹۳	۱/۵۶	۱۸/۷۰±۲/۷۸**	۹/۶۶±۱/۲۷**	۳۴/۰۵±۱/۲۴	۶
۳/۳۶	۱۲/۸۰**	۳۷/۰۰±۲/۶۸**	۱۱/۰۰±۱/۲۶**	۳۸/۸۲±۱/۲۳	۷
۴/۲۸	۴/۷۱	۲۱/۹۸±۳/۲۱**	۵/۱۳±۱/۵۸**	۴۷/۷۹±۱/۵۳	۸
۱/۷۲	۱۸/۷۵**	۲۲/۰۰±۳/۰۳**	۱۲/۷۹±۱/۵۴**	۳۹/۳۴±۱/۵۰	۹
۴/۱۲	۲۸/۶۵**	۴۲/۵۶±۲/۷۰**	۱۰/۳۲±۱/۲۴**	۳۳/۱۲±۱/۲۲	۱۰
۸/۵۲	۱/۷۹	۳۵/۸۰±۲/۱۵**	۴/۲۰±۰/۱۸**	۲۱/۴۳±۰/۷۹	۱۱
۱/۵۸	۶۰/۷۹**	۳۰/۸۰±۲/۹۷**	۱۹/۴۸±۱/۳۲**	۵۲/۸۶±۱/۲۹	۱۲
-۰/۰۸	۲۲/۶۳**	-۰/۳۵±۴/۲۸	۴/۳۹±۱/۸۸*	۶۱/۱۱±۱/۸۳	۱۳
-۰/۹۳	۴۰/۸۰**	-۳/۶۳±۳/۳۸	۳/۹۰±۱/۶۷*	۵۹/۳۴±۱/۶۰	۱۴
۱/۰۱	۱۴/۶۰**	۱۹/۰۳±۲/۵۴**	۱۸/۸۴±۱/۰۱**	۳۵/۵۵±۰/۹۹	۱۵
۸/۱۶	۲۴/۲۰**	۱۲/۵۷±۲/۲۰**	۱/۵۴±۱/۰۸	۲۳/۸۴±۱/۰۳	۱۶
۳/۱۸	۵/۳۲	۴/۶۸±۲/۳۲*	۱/۴۷±۱/۱۳	۲۸/۷۶±۱/۰۹	۱۷

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

m+: برای تمام فامیل‌های در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار بود.

افزایشی ژنها در فامیل‌های شماره ۱، ۲، ۳ و ۱۴ در سطح احتمال ۵ درصد و در سایر آنها در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. همچنین اثرات غالبیت ژنها در تمامی این فامیلها از نظر آماری معنی دار بود. بنابراین اثرات افزایشی و غالبیت ژنها مشترکا وراثت عملکرد دانه در این فامیلها را کنترل می‌کند. این اثرات در کلیه فامیل‌های مورد مطالعه باعث افزایش عملکرد بوته شده‌اند. در فامیل‌هایی که از مدل ساده افزایشی - غالبیت پیروی کردند، درجه غالبیت بین ۱۰/۴۳ (فامیل ۱۶) تا ۲۴/۷۳ (فامیل ۱۰) متغیر بود. درجه غالبیت بیش از یک در این فامیلها همچنان مبین عمل فوق غالبیت ژنها در کنترل عملکرد دانه می‌باشد. چنانگ و اسمیت (۴) معتقدند که سهم نامساوی بوته‌های F₂ در میانگین این نسل ممکن است اثراتی شبیه به اثرات ناشی از فوق غالبیت ژنها ایجاد کند. برخی از محققین (۸، ۹)

غالبیت پیروی می‌کنند، درجه غالبیت بیش از یک بوده و حاکی از عمل فوق غالبیت ژنهاست. بنابراین چنانچه تولید گیاهانی با خوشه بزرگ مد نظر باشد، می‌بایستی تهیه هیبرید سورگوم را مد نظر قرار داد.

۶- عملکرد دانه در بوته

با توجه به معنی دار بودن مقادیر χ^2 برای عملکرد دانه در بوته برای فامیل‌های ۴، ۵، ۹، ۱۰، ۱۲ و ۱۳ (جدول ۶) چنین استنباط می‌شود که در این فامیلها علاوه بر اثرات اصلی افزایشی و غالبیت ژنها اثرات ایستازی آنها نیز در کنترل وراثت عملکرد دانه حائز اهمیت می‌باشد. وجود اثرات ایستازی ژنها در کنترل عملکرد دانه توسط نیهاس و پیکت (۱۴) نیز گزارش شده است. در فامیل‌هایی که عملکرد بوته تنها تحت کنترل اثرات افزایشی و غالبیت ژنها بود، اثرات

جدول ۶ - برآورد پارامترهای ژنتیکی و درجه غالبیت ([d]/[a]) برای عملکرد دانه در بوته در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

درجه غالبیت	χ^2	پارامترهای ژنتیکی			فامیل
		[d]	[a]	m+	
۸/۲۴	۰/۰۱	۴۷/۱۰±۶/۷۷**	۵/۷۱±۲/۹۰*	۵۱/۲±۲/۸۱	۱
۳/۳۹	۲/۴۶	۱۲/۹۸±۵/۵۰*	۳/۸۲±۲/۸۳*	۵۱/۶۲±۲/۷۲	۲
۷/۳۹	۱/۵۰	۳۷/۹۹±۶/۲۸**	۵/۱۴±۲/۷۹*	۵۳/۳۳±۲/۶۹	۳
۳/۰۱	۳۸/۲۱**	۶۳/۱۰±۶/۹۹**	۲۰/۹۳±۳/۸۴**	۵۸/۸۳±۳/۶۶	۴
۶/۸۲	۵۲/۰۳**	۶۳/۲۱±۷/۴۷**	۹/۲۶±۲/۷۸**	۴۳/۵۱±۲/۷۲	۵
۳/۸۴	۰/۵۴	۵۸/۹۹±۸/۰۶**	۱۵/۳۶±۳/۱۲**	۵۹/۷۳±۳/۰۵	۶
۷/۶۳	۲/۰۸	۷۸/۵۹±۸/۲۲**	۱۰/۳۰±۲/۷۹**	۶۲/۵۶±۲/۷۴	۷
۶/۸۲	۶/۲۰	۸۴/۶۷±۹/۴۱**	۱۲/۴۰±۴/۳۷**	۷۱/۷۴±۴/۲۹	۸
۳/۰۱	۴۲/۵۳**	۵۴/۶۲±۹/۴۹**	۱۸/۱۰±۴/۳۱**	۵۶/۶۵±۴/۲۲	۹
۲۴/۷۳	۱۸/۴۱**	۱۰۴/۶۱±۸/۸۰**	۴/۲۳±۲/۸۹**	۵۲/۵۸±۲/۸۴	۱۰
۱۳/۵۴	۱/۳۲**	۸۹/۶۰±۷/۲۰**	۶/۶۲±۲/۵۳**	۴۵/۲۶±۲/۵۰	۱۱
۲/۳۳	۲۰/۹۳**	۷۰/۹۹±۱۰/۲۲**	۳۰/۴۱±۴/۳۴	۷۷/۴۰±۴/۲۳	۱۲
۱۲/۰۵	۱۱/۵۸**	۳۰/۴۹±۸/۶۶**	۲/۵۳±۳/۱۹	۷۴/۵۲±۳/۱۲	۱۳
۴/۹۲	۶/۲۷	۳۰/۹۳±۷/۷۲**	۶/۲۸±۳/۴۹*	۷۸/۸۵±۲/۹۹	۱۴
۲/۱۱	۳/۰۱	۷۱/۲۹±۷/۷۲**	۳۳/۷۳±۳/۰۳**	۶۵/۸۵±۲/۹۹	۱۵
۱/۴۳	۰/۴۶	۱۹/۲۲±۴/۶۰**	۱۳/۳۸±۲/۰۴**	۴۴/۱۶±۲/۰۰	۱۶
۳/۹۹	۵/۵۰	۳۳/۴۵±۷/۲۵**	۸/۳۷±۲/۹۴**	۵۴/۸۸±۲/۸۸	۱۷

+m برای تمام فامیل‌های در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود.

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

عمل فوق غالبیت ژنها در عملکرد دانه را ناشی از فوق غالبیت کاذب دانسته‌اند. هر چند در این آزمایش امکان تفکیک واریانس ژنتیکی به اجزاء افزایشی و غالبیت وجود نداشته است ولی به طور کلی با توجه به وجود اثرات افزایشی و غالبیت معنی‌دار در اکثر فامیل‌های مورد مطالعه می‌توان استنباط نمود که هر دو واریانس در توارث عملکرد دانه در بوته نقش داشته‌اند. از طرف دیگر معنی‌دار نبودن پارامترهای [d] و [a] دلیل بر عدم وجود واریانسهای افزایشی و غالبیت نخواهد بود، زیرا خنثی شدن مقادیر مثبت و منفی این اثرات، بر میانگین‌ها تاثیر گذاشته و باعث عدم معنی‌دار شدن آن‌ها می‌گردد. با توجه به نحوه وزانت پذیری عملکرد دانه در مواد ژنتیکی مورد مطالعه چنین به نظر می‌رسد که می‌توان با ادامه کار اصلاحی و حصول اینبردلایین‌های مطلوب، هیبریدهای با عملکرد بالا تولید نمود.

۷- قابلیت توارث

در صفات مورد مطالعه، ارتفاع بوته دارای بالاترین متوسط برآورد قابلیت توارث عمومی (۷۷/۵۴ درصد) و خصوصی (۶۴/۷۱ درصد) می‌باشد (جدول ۷). برآورد توارث پذیری این صفت بین ۳۵/۲۴ درصد (فامیل ۳) تا ۹۲/۸۸ درصد (فامیل ۱۵) متغیر بود. علی‌خان و ویل (۱) قابلیت توارث عمومی ارتفاع بوته را بین ۳۹ تا ۸۶ درصد برآورد نموده‌اند. از نظر عملکرد دانه تفاوت زیادی بین متوسط برآورد قابلیت توارث عمومی (۵۷/۹۹ درصد) و خصوصی (۱۹/۵۵ درصد) وجود دارد، که با توجه به عمل فوق غالبیت ژنها و همچنین وجود اثرات ایستازی در تعدادی از فامیل‌ها (جدول ۶)، این مسئله دور از انتظار نبوده و سهم بالای واریانس غیر قابل تثبیت در کنترل ژنتیکی این صفات را نشان می‌دهد. اما قابلیت

جدول ۷ - برآورد قابلیت توارث عمومی و خصوصی در ۱۷ فامیل سورگوم دانه‌ای

صفت					
فامیل	ارتفاع بوته	تعداد روز تا گلدهی	متوسط طول خوشه	متوسط وزن خوشه	عملکرد دانه در بوته
۱	۷۳/۸۵	۵۸/۰۴	۴۷/۳۹	۶۳/۱۱	۵۳/۰۱
۲	۴۰/۶۷	۵۴/۳۲	۱۷/۹۷	۴۶/۰۱	۵۷/۸۶
۳	۳۵/۲۴	۶۱/۹۳	۲۴/۴۳	۳۹/۶۷	۴۸/۳۱
۴	۸۲/۳۲	۷۵/۴۹	۷۰/۹۶	۴۹/۹۵	۵۳/۲۵
۵	۷۵/۲۳	۶۸/۷۵	۴۷/۱۵	۶۲/۱۷	۴۵/۱۸
۶	۷۴/۸۴	۷۳/۹۶	۶۷/۸۷	۶۹/۸۵	۶۸/۱۶
۷	۸۶/۸۴	۶۴/۵۲	۵۱/۵۰	۷۶/۳۴	۶۲/۲۴
۸	۸۹/۰۸	۶۳/۹۷	۳۰/۲۱	۶۱/۹۶	۶۲/۳۴
۹	۸۹/۹۶	۷۹/۸۰	۶۵/۷۸	۷۰/۳۹	۳۰/۲۵
۱۰	۹۱/۸۰	۴۷/۶۰	۶۴/۰۰	۷۰/۴۹	۵۵/۹۳
۱۱	۸۱/۵۱	۷۳/۵۹	۵۱/۳۵	۸۰/۱۴	۷۲/۴۵
۱۲	۸۸/۹۱	۶۶/۶۵	۵۷/۵۱	۷۳/۵۲	۴۵/۱۸
۱۳	۷۴/۸۷	۶۵/۰۰	۳۴/۳۴	۵۷/۴۹	۵۳/۵۸
۱۴	۶۴/۶۳	۵۵/۹۶	۵۷/۵۴	۴۹/۵۵	۶۱/۰۷
۱۵	۹۲/۸۸	۶۸/۹۵	۷۴/۰۵	۶۹/۵۸	۶۷/۸۳
۱۶	۹۰/۷۲	۵۶/۳۷	۷۰/۳۶	۴۰/۸۴	۷۰/۲۲
۱۷	۸۴/۸۸	۳۹/۸۱	۳۲/۴۳	۶۴/۶۱	۷۸/۲۲
میانگین قابلیت					
	۷۷/۵۴	۶۳/۲۲	۵۰/۹۹	۶۱/۵۱	۵۷/۹۹
توارث خصوصی					
	۶۴/۷۱	۶۰/۳۴	۴۰/۶۵	۳۷/۷۷	۱۹/۵۵

طرف دیگر خطای نمونه برداری یا صادق نبودن بعضی از فرضیات نیز در این خصوص موثر می‌باشند. واکنش متفاوت ژنوتیپها نسبت به عوامل محیطی در سورگوم توسط بیتتیگر و همکاران (۳) مورد تاکید قرار گرفته است. لذا دور از انتظار نیست که اثر محیط بر نسلهای هر فامیل یکسان نبوده و این امر باعث غیر یکنواختی در قابلیت توارث عمومی گردد. همچنین پیوستگی ژنهای نیز بخشی از تفاوت در برآورد قابلیت توارث فامیلها را توجیه می‌نماید. در کل با توجه به برآوردهای انجام شده چنین به نظر می‌رسد که در برخی صفات سورگوم همچون ارتفاع بوته و زمان گلدهی امکان انتخاب در نسلهای اولیه تفرق و بر اساس فنوتیپ فراهم بوده، در صورتی که در انتخاب برای عملکرد دانه بایستی بیشتر به اجزاء عملکرد توجه شود.

توارث عمومی برای تعداد روز تا گلدهی که دارای میانگین ۶۳/۲۲ بود، با برآورد قابلیت توارث خصوصی حاصل از رگرسیون F_2 روی F_1 (۶۰/۳۴ درصد) تفاوت کمی داشت. با توجه به وجود عمل فوق غالبیت ژنها در کنترل زمان گلدهی در اکثر فامیلها (جدول ۳) علت تفاوت کم بین این برآوردها می‌تواند ناشی از روش محاسبه باشد. برآورد قابلیت توارث خصوصی برای زمان گلدهی بین ۲۴ تا ۸۵ درصد گزارش گردیده است (۳، ۹ و ۶). فالکونر (۷) معتقد است که در صورت عدم وجود تعادل از نظر پیوستگی ژنها، اثر غالبیت باعث اریبی در قابلیت توارث خصوصی می‌گردد. در فامیلهای مختلف برآورد قابلیت توارث عمومی هر صفت متفاوت بود، که شاید ناشی از متفاوت بودن ژنوتیپهای والدین در هر فامیل باشد. از

REFERENCES

- 1- Ali - khan, S.T., & D.E. Weibl. 1969. Heritability and interrelationship of some agronomic characters in grain sorghum. *Can.J.plant Sci.* 49:217 - 218.
- 2- Beil. G.M., & R.E. Atkins. 1967. Estimates of general and specific combining ability in F1 hybrids for grain yield and its components in grain sorghum, *Sorghum vulgare pers.* *Crop Sci.* 7:225-228
- 3- Bittinger, T.S., R.P. Cantrell, G.D. Axtell, & W.E. Nyquist. 1981. Analysis of quantitative traits in PP9 random mating sorghum population. *Crop Sci.* 21:664-669
- 4- Chiang, M.S., & J.D. Smith. 1967. Diallel analysis of the inheritance of quantitative characters in grain sorghum. II. gene action, the number of effective factors and heritability. *Can.J.Genet. Cytol.* 9:823-830
- 5- Doggett, H. 1976. Sorghum, *Sorghum bicolor* (Gramineae - Andropogoneae). in: Simmonds N.W. (ed.), *Evolution of crop plants.* Longman Scientific and Tech. London.
- 6- Ekebil J.P., W.M. Ross, & C.O. Cardner. 1977. Heritability estimates, genetic correlations, and predicted gains from S1 progeny tests in three grain sorghum random - mating populations. *Crop Sci.* 17:373-377.
- 7- Falconer, D.S., 1983. *Introduction to quantitative genetics.* 2 nd ed. Longman Pub. London.
- 8- Hallauer, A R. and J.B. Miranda. 1988 *Quantitative genetics in maize breeding.* 2 nd ed. Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa.
- 9- Ibrahim, D.E., W.E. Nyquist, & J.D. Axtell. 1985. Quantitative inheritance and correlation of agronomic and grain quality traits of sorghum. *Crop Sci.* 25:649-654.
- 10- Jan-Orn, J., C.O. Gardner, & W.M. Ross. 1976. Quantitative genetic studies of the Np3R random - mating grain sorghum population. *Crop Sci.* 16; 489-496.
- 11- Liang, G.H.L., E.G. Heyne, J.H. Chung, & Y.O. Koh. 1968. The analysis of heritable variation for three agronomic traits in a 6- variety diallel of grain sorghum, *Sorghum vulgure Pers.* *Can.J. Genet. Cytol.* 10;460-469.
- 12- Liang, G.H.L., & T.L. Walter. 1968. Heritability estimates and gene effects for agronomic traits in grain sorghum, *Sorghum vulgare Pers.* *Crop Sci.* 8;77-81.
- 13- Mather, K., & J.L. Jinks. 1982. *Biometrical genetics.* 3ed ed. Chapman & Hall. London.
- 14- Niehaus, M.H., & R.C. Pickett. 1966. Heterosis and combining ability in diallel cross in *Sorghum vulgare Pers.* *Crop Sci.* 6;33-39.
- 15- Poehlman, J.M. 1987. *Breeding field crops.* Von Nostrand Reinold Company. New York, USA.
- 16- Quinby, J. 1974. *Sorghum improvement and the genetics of growth.* Texas A. and M. Univ. Press. College Station, TX. USA.
- 17- Smith, J.D., & M.L. Kinman. 1965. The use of parent - offspring regression as an estimator of heritability. *Crop Sci.* 5:595-596.

**Type of Gene Action and Heritability Estimates for Some Agronomic
Traits in Seventeen Crosses of Grain Sorghum
[Sorghum Bicolor (L.) Moench]**

S.HOSHMAND AND A.REZAI

**Instructor, University of Shahrekoord, and Professor,
Isfahan University of Technology**

Accepted 19 June 1996

SUMMARY

Generation mean analysis was used to study the type of gene action and heritability estimates for grain yield per plant, mean panicle weight and length, Plant height, and number of days to flowering. Seventeen families, as the main plots, consisting of parental line, F1 and F2 generations, as the subplots, were evaluated in a randomized complete block design with 5 replications. The mean squares for family and generation within family were statistically significant for all of the traits studied. Therefore, high genetic potentials and variances were existed amongst the materials. Generation mean analysis as described by Mather and Jinks showed that for most of the families, the traits were genetically controlled by additive and dominant gene effects, although nonallelic interactions were revealed for some of them. In most of the families the additive and dominant gene effects were in the direction to increase most of the traits, except number of days to flowering. The degree of dominance in most of the families indicated the predominance of dominant gene effects. Different heritability estimates were observed in different families, and their averages ranged from 50.99% , for panicle length, to 77.54%, for plant height. The estimates of narrow-sense heritability based on regression of F2 means on F1, ranged from 19.55% for grain yield per plant, to 64.71% for plant height, indicating the effectiveness of selection for some of the traits studied.