مجله علوم کشاورزی ایران
جلد ۳۶، شماره ۱، سال ۱۳۸۴ (۱۹۷-۱۸۷)

تجزیه ژنتیکی عملکرد و صفات وابسته به آن در گندم نان

خداداد مصطفوی[۱]، عبدالهادی حسین‌زاده[۲] و حسن زینالی خانقاه[۳]
۱، ۲، ۳، دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران
تاریخ پذیرش مقاله ۸۳/۲/۹

خلاصه

افزایش عملکرد دانه مهمترین هدف به‌نژادگران در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد اما از آنجا که عملکرد صفت پیچیده‌ای است که اجزای کمی بسیاری را در بر می‌گیرد و دارای وراثت پذیری پایینی می‌باشد معمولا بطور مستقیم مورد مطالعه قرار نگرفته و در عوض صفات مرتبط با آن که از نظر ژنتیکی دارای پیچیدگی بسیار کمتری هستند، مورد استفاده قرار می گیرد. به منظور مطالعه ژنتیکی صفات مرتبط با عملکرد در گندم نان رقم قفقاز و لاین ١٤ با خصوصیات متفاوت با یکدیگر تلاقی و نتاج F_1 ، F_2 ، BC_1 و BC_2 همراه با والدین در طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردیدند. میانگین مربعات برای تمامی صفات شامل وزن سنبله، ارتفاع بوته، تعداد بذر در سنبله، وزن بذر در سنبله، وزن ۱۰۰۰ دانه، طول ریشک، طول سنبله، وضعیت ریشک، تراکم سنبلچه، رنگ بذر، پوشیدگی دانه توسط گلوم و تعداد پنجه معنی‌دار بود. حداقل تعداد ژن کنترل کننده این صفات به ترتیب ۲، ۲ ،۲ ، ۲، ۱، ۳، ۱، ۳، ۲، ۲، ٦ و ۲، برآورد گردید. تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از آزمون مقیاس مشترک که همزمان تمام نسل‌ها را مورد آزمون قرار می‌دهد، انجام شد. نتایج این آزمون نشان داد که تمام آثار ژن‌ها شامل میانگین، افزایشی، غالبیت، آثار اپیستازی شامل افزایشی× افزایشی، افزایشی × غالبیت و غالبیت × غالبیت روی نحوه توارث صفات مورد بررسی موثر می‌باشند. برای صفات طول سنبله و وضعیت ریشک آثار افزایشی و غالبیت و برای دیگر صفات انواع اپیستازی مخصوصا آثار افزایشی × غالبیت و غالبیت × غالبیت مهمترین عامل کنترل توارث شناخته شد. برای صفات وزن بذر در سنبله و تراکم سنبلچه اثر افزایشی مهمتر از اثر غالبیت و برای صفات تعداد بذر در سنبله و وزن ۱۰۰۰ دانه اثر غالبیت مهمتر از اثر افزایشی شناخته شدند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه میانگین نسل‌ها، گندم نان، آثار ژن، صفات کمی.

مقدمه

امروزه گندم غذای اصلی مردم بسیاری از کشورها می‌باشد بطوری که بیش از ۲۰٪ کالری مورد نیاز جمعیت جهان را تامین می‌کند (۱۲ ،۱۳). در ایران نیز گندم بعنوان منبع عمده تامین کالری و پروتئین مورد نیاز جمعیت کشور بوده بطوریکه ۷۵٪ پروتئین و ۶۵٪ کالری دریافتی روزانه هر فرد را تشکیل می‌دهد(۱، ۴).

هرچند افزایش عملکرد دانه مهمترین هدف به نژادگران در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد اما از آنجا که عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای بوده و اجزای کمی بسیاری را در بر می‌گیرد و دارای وراثت پلی ژنیک است، مطالعه آن مشکل و لذا اصلاحگران غالبا از اجزای عملکرد جهت بهبود آن استفاده می نمایند. هر چند که این اجزاء در عمل بصورت جبرانی عمل می‌کنند و افزایش یکی کاهش دیگری را در بر دارد(۱۰). بنابر این آگاهی از نحوه

مکاتبه کننده: عبدالهادی حسین‌زاده

کنترل ژنتیکی و توارث اجزای عملکرد که موجب انتخاب بهترین روش اصلاحی و در نهایت موجب اصلاح عملکرد نیز می‌شود ضروری است. ژنتیک یک صفت کمی بر محور مطالعه تغییرات آن قرار دارد، زیرا مسائل اساسی ژنتیکی به شکل تغییرات بیان می‌شوند. هدف اساسی از مطالعه تغییرات این است که بتوان آنها را به اجزای متعلق به عوامل مختلف تقسیم کرد. مقدار نسبی این اجزاء مبین خصوصیات ژنتیکی جمعیت، بویژه درجه شباهت خویشاوندان است (۲، ۱۱).

اصلاح کنندگان 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(۳، ۱۰). هالور و میراندا (۱۹۸۵) مرور جامعی را روی 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 بوجود می‌آید. از جمله این روش‌ها می‌توان به روش تجزیه دو والدی، رگرسیون نتاج_والدین، تلاقی دی آلل، طرح‌های I, II , III کامستاک و رابینسون، 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 **آثار** ژنتیکی از میانگین نسل‌های متفاوت استفاده می‌گردد (۱۰، ۱۵). تجزیه میانگین نسل‌ها اجازه می‌دهد که **آثار** افزایشی، غالبیت و اپیستازی بدست آیند. در این زمینه آزمون مقیاس وزنی قویترین آزمون می‌باشد(۱۴).

پاتهاک و لنا (۱۹۸۳) با استفاده از تجزیه میانگین نسلها و مدلهای پنج و شش پارامتری هیمن، ماهیت عمل ژن را برای عملکرد و اجزای آن در گندم مطالعه و نتیجه گرفتند عمل اپیستازی ژن در کنترل همه صفات مورد مطالعه نقش دارد(۵).

یاداو و همکاران (۱۹۹۵) در مطالعه‌ای که روی دو جمعیت از گندم نان انجام دادند از طریق تجزیه میانگین نسلها به این نتیجه رسیدند که در صفات وزن ۱۰۰۰ دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا خوشه دهی و طول پدانکل آثار اپیستازی از نوع افزایشی × افزایشی دخالت دارد(۲۵).

یاداو، تیاجی و سینگز (۱۹۹۸) با مطالعه ای که روی شش رقم گندم و نتاج حاصل از تلاقی این ارقام انجام دادند از طریق تجزیه های ژنتیکی نشان دادند که آثار افزایشی و غیرافزایشی برای صفات تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن ۱۰۰۰ دانه و عملکرد بوته معنی دار می‌باشد. همچنین این محققین از طریق تجزیه میانگین نسلها نشان دادند که مدل افزایشی _ غالبیت (مدلی که فقط پارامترهای مربوط به اثر افزایشی [d] و اثر غالبیت [h] وارد آن شده باشد) برای توجیه تمام صفات در کلیه تلاقیها کافی نمی باشد(۲۴).

سینگ و همکاران (۱۹۹۸) با تجزیه میانگین نسلها از طریق مدل شش پارامتری وراثت صفاتی مثل تعداد دانه در سنبله، وزن دانه و تعداد دانه در سنبله را مورد ارزیابی قرار دادند. در بیشتر تلاقیها آثار افزایشی و افزایشی × افزایشی معنی دار شدند. آثار غالبیت و غالبیت × غالبیت اهمیت زیادی داشته و در ۳۳٪ از تلاقیها مشاهده شدند، اما به دلیل وجود آثار اپیستازی مضاعف غیر قابل بهره برداری می‌باشند(۲۱).

در یک برنامه اصلاحی اطلاعات درباره نحوه عمل ژن مهم می باشد چرا که دانش در این زمینه به محقق در انجام برنامه های اصلاحی کمک می نماید. لذا هدف از این بررسی شناسایی آثار ژن‌ها بر نحوه توارث صفات کمی از طریق روش تجزیه میانگین نسل‌ها می‌باشد. از دیگر اهداف این تحقیق، تخمین وراثت پذیری عمومی و خصوصی، بررسی اجزای تنوع ژنتیکی و نیز برآورد تعداد ژنهای کنترل کننده صفات می‌باشند.

مواد و روش‌ها

در این بررسی رقم قفقاز و لاین ۱۴ گندم با خصوصیات مختلف با یکدیگر تلاقی داده شدند (حسین زاده و همکاران، اطلاعات منتشر نشده). خوشه‌های والدی و بذور F1 بطور جداگانه برداشت و در سال بعد برای تلاقی برگشتی با هر والد، تولید F2 و F1 اضافی کاشته شدند. گیاهان F1 بعنوان والد گرده‌دهنده یا والد پدری با والدین اخته شده بعنوان والد مادری

تلاقی داده شدند و نسل‌های تلاقی برگشتی ایجاد گردید. خوشه‌های تمام لاین‌ها و نتاج حاصل از تلاقی آنها در تمامی موارد با پاکت در زمان گلدهی پوشیده شدند تا از دگرگشنی جلوگیری بعمل آید. دو والد به همراه نتاج F1، F2، BC1 و BC2 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران کشت گردیدند. نحوه کشت برای نتاج مختلف متفاوت بود. هر کدام از والدین و F1 ها بخاطر دارا بودن هموزیگوتی در یک خط با فاصله بذور پنج سانتی‌متر روی خط کشت شدند. نتاج F2، BC1 و BC2 بخاطر دارا بودن هتروزیگوتی با فاصله ده سانتیمتر کشت شدند. نتاج بک کراس هر کدام در دو خط و نتاج F2 هر کدام در شش خط کشت گردیدند. برای تمام تیمارها طول خط ۱/۵ متر، فاصله خطوط ۲۵ سانتیمتر و عمق کاشت ۴ سانتیمتر انتخاب گردید. تعداد بوته ارزیابی شده برای نسل‌های مختلف متفاوت بود. برای هر والد و نسل F1 پنج بوته، برای هر لاین F2، ۳۰ بوته و برای هر ژنوتیپ تلاقی برگشتی ۱۵ بوته ارزیابی شدند. در مرحله رسیدگی کامل گندم(۲۶) نمونه‌های مورد نظر جمع‌آوری و برای اندازه‌گیری صفات به آزمایشگاه منتقل شدند. 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(۱۸). 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 آثار افزایشی، [h] مجموع آثار 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 ، $\alpha 2$، $2\alpha\beta$ و $\beta 2$ حاصل‌ضربهای پارامترهای ژنتیکی می‌باشند. ضرایب اجزاء ژنتیکی از ماتر و جینکز (۱۹۴۹) گرفته شد. روش استاندارد شامل تخمین آثار ژنی بوسیله مقایسه میانگین نسل‌های مشاهده شده با میانگین‌های مورد انتظار (که از شش پارامتر فوق برآورد شده‌اند) انجام گرفت (۱۰، ۱۸).

برآوردهای شش پارامتری یا کمتر با استفاده از حداقل مربعات وزنی[1] بدست آمد. چون تعداد افراد و واریانس‌ها در هر نسل متفاوت بودند با استفاده از هر میانگین عکس مربع خطای استاندارد محاسبه و تجزیه وزنی انجام گرفت. در این مطالعه هر شش نسل با دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتر آزمون و بهتری‌ن مدل انتخاب گردید. تمام مدل‌ها بوسیله آزمون نیکویی برازش با استفاده از آزمون کای اسکوئر[2] با چهار، سه، دو و یک درجه آزادی (آزمون مقیاس وزنی) مورد مقایسه قرار گرفتند (۹، ۱۹). عکس و ضرب کردن ماتریس‌های مربوطه بوسیله نرم‌افزار آماری مینی تب انجام گرفت. اجزای تنوع[3] از شش نسل به قرار زیر محاسبه گردید(۹، ۱۹):

$$E_W = ۱/۴\ (Vp_۱ + Vp_۲ + ۲V_{f1})$$

$$D = ۴Vf_۲ - ۲(V_{BC۱} + V_{BC۲} - E_W)$$

$$H = ۴(V_{BC۱} + V_{BC۲} - V_{F۲} - E_W)$$

$$F = V_{BC۱} - V_{BC۲}$$

که در فرمول‌های فوق «EW» 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 مقادیر توارث‌پذیری عمومی و خصوصی و کمترین تعداد ژن‌های کنترل کننده صفات بوسیله روشهای مختلف شامل روش کاسل، ماتر_جینکز و رایت برآورد شدند (۷، ۸، ۱۹).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس وزنی (جدول ۱) نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین نسل‌های مورد بررسی برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱٪ وجود دارد. جهت تسهیل در تفسیر نتایج تجزیه میانگین نسلها، تجزیه واریانس نسلها انجام گرفت. از جمله اشکالاتی که در توجیه نتایج تجزیه میانگین نسلها وجود

1 . Weighted least square

2 . Chi- square.

3 . Variation.

جدول ۱- تجزیه واریانس وزنی صفات مورد نظر در نسل‌های حاصل از تلاقی رقم قفقاز × لاین ۱٤ در گندم نان

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات										
		وزن سنبله (گرم)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	تعداد بذر در سنبله	وزن بذر درسنبله(گرم)	وزن ۱۰۰۰ دانه(گرم)	طول ریشک (سانتیمتر)	طول سنبله (سانتیمتر)	وضعیت ریشک	تراکم سنبلچه	رنگ بذر	پوشیدگی دانه	تعداد پنجه
بلوک	۲	۹۱/۰٤	۰/۳۹	۰/۲۰	۱/۹۳	۰/٤٦	۱٦/۲۷	۳/۹۹	۰/٤۳	۲٦/٤٥	۱٤٦/۷٤	۱۱۷/۵۳	۱۹/۵۹*
نسل‌ها	۵	٦٦۹/۱۹**	۲۱/۱۳**	۲۱/۹۹**	۸۹۸/۷۲**	۱٤٤/۱۳**	٤۵/۳٦**	۲۸٤/٦۵**	۲٤۹/۷۸**	۲۷۱/۷٤**	٦۰۵/۰۸**	۲٤۳/۳۷**	۱۰۹/۱٦**
خطا	۱۰	۷۱/۱۸	۰/٤۳	۰/۱۳	۳۹/٦۳	۰/۹۳	٦/۵۱	٦۲/۲٦	۱٦/۸۵	۳۳/۱۸	۳۵۸/٤۳	۷۷/۹۱	۲/۸۸
C.V (٪)		۲۱/۸۸	۷/۸۷	۸/۲۲	۱٤/۲۷	۸/٦۹	۱۹/۹۹	۹/٤٦	۳۰/۷٦	۳۱/۲۳	۲۳/۹۷	۱۳/۵۸	٤/۳۰

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

جدول ۲- میانگین صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی رقم قفقاز × لاین ۱٤ گندم نان

نسل	وزن‌سنبله (گرم)	ارتفاع‌بوته (سانتیمتر)	تعدادبذر در سنبله	وزن‌بذر در سنبله(گرم)	وزن۱۰۰۰ دانه(گرم)	طول‌ریشک (سانتیمتر)	طول‌سنبله (سانتیمتر)	وضعیت ریشک	تراکم سنبلچه	رنگ بذر	پوشیدگی دانه	تعداد پنجه
P1	۲/٦۹±۰/٦۰	۵۳/۵٦±۷/۱۷	٤۸/۲۰±۱/۸۸	۲/۰۲±۰/۷۳	۳۱/۲۷±٦/۰۰	۷/۲۲±۱/٤۲	۹/۸۰±۰/۸٦	۲/٤۰±۱/۳٤	۲/٦۰±۱/٦۷	۱/۸۰±۰/٤۵	۱/۸۰±۰/٤۵	۱٤/۲۰±۱/۹۲
P2	۳/٦۸±۰/٦۸	٦۵/۸۰±۷/۹۸	٦۹/۰۰±۲/۲۵	۳/۹٦±۰/۷٤	۳۳/۳۸±۳/۰۸	٤/٤۰±۱/۵۸	۹/۷۲±۱/۰٤	٦/۲۰±۱/۷۹	۷/٤۰±۱/٦۷	۲/۲۰±۰/٤۵	۲/۲۰±۰/٤۵	۱۷/۲۰±۱/۹۲
F1	۲/۳۷±۰/٦٦	٦۹/٤٤±۷/٤٤	۵۷/۰۰±٦/٤۱	۲/۵۱±۰/۷۲	۳۱/۰۷±۵/۸۸	۳/٤٤±۱/٦۳	۱۰/۱۲±۱/۰٦	۲/٤۰±۱/۳٤	۵/۸۰±۱/۱۰	۱/۸۰±۰/٤۵	۲/٤۰±۰/۵۵	۱٦/۸۰±۱/٦٤
F2	۳/٦۳±۱/۲۸	٦۱/۳۹±۲/٤۹	۷۰/۱۳±۷/۱۷	۳/٤۹±۱/۲۰	۲۹/۷۵±۸/۱۲	٤/۱۹±۲/۸۹	۱۰/٤۵±۱/٤۷	٤/٦۳±۲/۱۷	۵/۰۰±۲/۱۰	۱/۵۳±۰/۵۷	۲/۰۷±۰/٦۹	۱۵/۲۷±۲/۵۵
BC1	۲/۸۱±۱/۲٤	٦۱/۹٦±۲/۹۲	۷۱/٤۷±٤/۹۹	۳/۵۱±۰/۹۹	۳٦/٤٦±۵/۱۱	۲/۷۲±۲/۸۸	۱۱/۰۲±۱/۲۹	۳/٤۰±۲/۱۳	٤/٤۷±۱/۹۲	۱/۸۰±۰/۵٦	۱/۸۰±۰/٦۸	۱۵/٦۰±۲/۱٦
BC2	۳/۳٦±۱/۲۷	٦۰/۸۰±۱/۳۱	۷۰/۸۷±۹/۳۸	۲/۸۸±۰/۹۵	۳۹/۱٦±۵/۹۸	٤/۲٦±۲/۱۷	۱۱/۲۳±۱/۳٤	۵/۱۳±۲/۰۷	۳/۸۰±۱/۸۲	۱/٦۷±۰/٤۹	۱/۹۳±۰/۷۰	۱۵/۸۰±۲/۳۷

P1= لاین ۱٤، **P2**= رقم قفقاز، **F1**= ۱٤ × قفقاز، **F2**= نسل حاصل از خودگشنی **F1**، **BC1**= قفقاز (۱٤ × قفقاز)، **BC2**= ۱٤ (۱٤ × قفقاز).

جدول ۳- برآورد میانگین و اجزاء ژنتیکی برای صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی رقم ققفاز × ۱٤لاین گندم نان

صفت	میانگین m	اثر افزایشی [d]	اثر غالبیت [h]	اثر افزایشی×افزایشی [I]	اثر افزایشی×غالبیت [j]	اثر غالبیت×غالبیت [L]	مقدارکای اسکوئر χ^2	درجه غالبیت [h/d]
وزن سنبله (گرم)	٤/٨٦±٠/٥٤**	-٠/٥٧±٠/١٨*	-٢/٥٣±٠/٧٥*	-١/٦٩±٠/٥٨*	٠/٠٤±٠/٩٩	-	٠/٢	٤/١٢
طول سنبله (سانتیمتر)	١٠/٠٤±٠/١٨**	-٠/٧٥±-٠/٢٥*	٢/٣٥±٠/٩١*	-١/٧±٠١/٠١	-	-	٧/٩٢*	-٣/٣١
تعداد بذر در سنبله	٥٨/٩٧±٢/٥٠**	-١٠/٤١±٣/٨٢*	٤٧/٦١±١١/٥٥**	-	٢٢/٠٩±١/٥٥ **	-٤٨/٨٠±١/١٩**	٠/١١	-٤/٥٧
وزن بذر در سنبله (گرم)	٤/٤٩±٠/٥٠**	-١/٠٢±٠/٢١٥**	-١/٩٤±٠/٧٥*	-١/٤٤±٠/٥٦*	٣/٢٩±٠/٨٣*	-	٠/٥٨	١/٩٠
وزن ١٠٠٠ دانه (گرم)	-١/٣٠±٨/٤٤	-٤/٠٥±١/٣٦*	٩٤/٣٣±٢١/١٨**	٣٤/٢٧±٨/٣٣**	٢/١٢±٦/١١	-٦٢/٧٣±١/٦٢**	٠/٠٠	-٢٣/٢٩
طول ریشک (سانتیمتر)	٥/٦٧±٠/٣٤**	١/٤٢±٠/٤٧*	-٤/٧٤±١/٦٧*	-	-٦/١٢±٠/٤٧**	٢/١٧±٠/٣٨**	١/٦٤	-٣/٣٣
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	٥٩/٦٨±١/٥٣**	-٦/١٢±٢/٤٠	-٢/٩٣±٧/٦٤	-	١٤/٥٦±٢/٢٢ **	١٢/٦٨±١/٧٥**	٠/٠٠	٠/٤٧
تعداد پنجه	١٥/٨٤±٠/٣٨**	-١/٥±٠/٦١	-٢/٨±١/٦٧	-	٢/٦٩±٠/٣١**	٣/٩٧±٠/٠٧**	٠/٦٨	١/٨٦
وضعیت ریشک	٦/٩٥±٠/٩٨**	-١/٩٢±٠/٥٠*	-٤/٤٤±١/٤٤*	-٢/٥٧±١/١١	٠/٣٥±١/٨٣	-	٠/٣٤	٢/٣١
تراکم سنبلچه	٤/٦٨±٠/٣٣**	-٢/٤±٠/٥٣**	-٠/٩١±١/٢٧	-	٦/٢٥±٠/٢٠**	١/٧٦±٠/٠٧**	٣/٨٦	٠/٣٧
رنگ گلوم	١/١٩±٠/٢٧**	-٠/٣٠±٠/١٤	٠/٦٥±٠/٤٣	٠/٣٣±٠/٣٠	٠/٧٤±٠/٤٦	-	٠/٣٤	-٢/١٦
رنگ بذر	١/٢٧±٠/٢٩**	-٠/٢٠±٠/١٤	٠/٥٤±٠/٤٤	٠/٧٤±٠/٣٢	٠/٦٦±٠/٤٧	-	٠/٠٢	-٢/٧
پوشیدگی دانه توسط گلوم	١/٩٦±٠/٠٨**	-٠/٢٠±٠/١٤	-٠/١٥±٠/٤٩	-	٠/١١±٠/٠٦	٠/٤٧±٠/٠٣**	١/٧٥	-

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ٥ و ١ درصد.

خط تیره (-) نشان می‌دهد که اثر مربوطه وارد مدل نشده است.

دارد این است که پارامترهایی که آثار ژن را مشخص می‌کنند در حقیقت آثار متعادل همه مکانهای ژنی در حال تفرق می‌باشند و اثر ژنها در جهت‌های مخالف ممکن است باعث شود اثر مربوطه کمتر از مقدار حقیقی برآورد شود. مفهوم این مطلب این است که پارامتر افزایشی و یا پارامتر اثر متقابل مرتبط با اثر افزایشی تابعی از درجه پراکندگی ژنهای افزایش دهنده صفت بین والدین می‌باشند. در حالیکه آثار غالبیت، حاصلضرب خالص جهت غالبیت در هر مکان ژنی می‌باشند. متعاقبا برآوردهای آثار افزایشی بایستی کوچک باشند چون درجه بالایی از پراکندگی وجود دارد (تا اینکه گفته شود تنوع کمی وجود دارد). مشابها غالبیت می‌تواند کوچک باشد مشروط به اینکه تشریک مساعی دو جهته وجود داشته باشد اما از طرفی دیگر، واریانسهای ژنتیکی بوسیله آثار متعادل تحت تاثیر قرار نمی‌گیرند چون آنها مجموع مربعات آثار هر مکان ژنی بوده و بنابراین بصورت 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 تولید نماید. میانگین صفات اندازه‌گیری شده برای ۶ نسل در جدول ۲ نشان داده شده است. برآوردهای آثار ژن همراه با آزمون مقیاس وزنی و کای اسکوئر در جدول ۳ آمده است. بدلیل معنی دار شدن کی دو برای مدل سه پارامتری در تمام صفات مشخص گردید که مدل افزایشی و غالبیت (m ، [d] و [h]) برای صفات موردنظر مناسب نبوده و لذا آثار متقابل غیر اللی[1] یا آثار اپیستازی وجود دارد این نتیجه با نتایج پاتهاک و لنا (۱۹۸۳) که طی مطالعاتشان روی عملکرد و اجزای آن نشان دادند عمل اپیستازی ژن در کنترل این صفات نقش دارد و همچنین با یافته‌های یاداو، تیاجی و سینگز(۱۹۹۸) مطابقت دارد (۵، ۲۴).

ماتروجینکز (۱۹) پیشنهاد می‌کنند که برداشتن اجزاء غیر معنی‌دار از مدل شش پارامتری و سپس برازش بقیه اجزاء بعنوان مدل، منجر به برازش مناسبتری می‌گردد. باید توجه کرد که در مدل‌های کاهش یافته نسبت به مدل شش پارامتری، خطای استاندارد تمام اجزاء کمتر از خطای استاندارد مدل شش پارامتری بوده و در ضمن کای اسکوئر آن معنی‌دار نگردیده است که این امر نشان دهنده افزایش دقت مدل می‌باشد. درجه غالبیت نیز بر طبق انحراف F1 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 بطرف والدی که دارای میانگین بالاتری است اتفاق افتاده است و از منفی بودن این نسبت ($-1<h/d<0$) می‌توان نتیجه گرفت که غالبیت نسبی بطرف والدی اتفاق افتاده که دارای میانگین کوچکتری برای صفت مورد بررسی می‌باشد.

مقادیر توارث‌پذیری عمومی و خصوصی در جدول ۴ آمده است. بیشترین مقدار توارث پذیری عمومی برای صفات طول ریشک، وزن سنبله، وزن ۱۰۰۰ دانه، رنگ گلوم و تعداد بذر در سنبله مشاهده شده که به ترتیب برابر با ۰/۹۵، ۰/۷۶، ۰/۷۲، ۰/۷۲ و ۰/۶۷ بود و برای بقیه صفات مقادیر متوسطی داشت. توارث پذیری خصوصی مقادیر متفاوتی داشت که بیشترین آن برای صفت طول ریشک (برابر با ۰/۷۱) بدست آید و برای دیگر صفات مقادیر متوسط و پایینی برآورد گردید. برآوردهای توارث پذیری از این جهت مهم است که اطلاعات لازم برای انتقال صفات از والدین به نتاج را فراهم کرده و بنابر این ارزیابی آثار ژنتیکی و محیطی در تنوع فنوتیپی را تسهیل و به گزینش کمک می‌کند (۱۲). نسبت واریانس ژنوتیپی به واریانس فنوتیپی قابلیت توارث عمومی را نشان می‌دهد ولی با توجه به آنکه صرفا آثار افزایشی ژنها به نسل بعد منتقل می‌شوند نسبت تغییرات این نوع آثار ژنها به کل تغییرات فنوتیپی که بیانگر توارث خصوصی است. برای اصلاحگران ارزشمند است و در نتیجه در برنامه‌های اصلاحی بیشترین اهمیت را دارا می‌باشد. در حالی که وراثت‌پذیری عمومی بیشتر از لحاظ نظری جالب توجه است تا از لحاظ عملی. در نتیجه واریانس افزایشی تعیین کننده اصلی خصوصیات ژنتیکی قابل مشاهده در جمعیت و نیز پاسخ این جمعیت در مقابل گزینش است. بعلاوه واریانس افزایشی تنها جزئی است که می‌توان به سادگی آنرا از طریق اندازه‌گیری‌های پارامترهای جمعیت برآورد کرد (۱۱، ۱۸، ۲۳).

1 . Non. Allelic intraction.

جدول ۴- برآورد توارث پذیری عمومی وخصوصی برای صفات مختلف درتلاقی رقم قفقاز × لاین ۱۴ درگندم نان.

صفت	وراثت‌پذیری عمومی	وراثت‌پذیری خصوصی
وزن سنبله (گرم)	۰/۷۶±۰/۱۳	۰/۰۸±۰/۰۲
طول سنبله (سانتیمتر)	۰/۶۳±۰/۲۵	۰/۴۲±۰/۰۸
تعداد بذر در سنبله	۰/۶۷±۰/۱۲	۰/۴۳±۰/۱۲
وزن بذر در سنبله (گرم)	۰/۵۹±۰/۰۵	۰/۴۳±۰/۱۱
وزن ۱۰۰۰ دانه (گرم)	۰/۷۲±۰/۱۴	۰/۴۸±۰/۱۴
طول ریشک (سانتیمتر)	۰/۹۵±۰/۳۲	۰/۷۱±۰/۱۳
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۰/۶۴±۰/۱۲	۰/۵۵±۰/۰۹
تعداد پنجه	۰/۵۱±۰/۱۱	۰/۴۱±۰/۰۳
پوشیدگی دانه توسط گلوم	۰/۴۸±۰/۰۹	۰/۱۰±۰/۰۵
وضعیت ریشک	۰/۵۴±۰/۰۸	۰/۱۳±۰/۱۰
تراکم سنبلچه	۰/۵۵±۰/۰۳	۰/۴۱±۰/۱۱
رنگ گلوم	۰/۷۲±۰/۲۲	۰/۴۸±۰/۳۲
رنگ بذر	۰/۳۹±۰/۱۱	۰/۱۲±۰/۰۷

اجزاء تنوع بر اساس شش نسل یعنی Vp1 ، Vp2 ، Vf1 ، Vf2 ، VBC1 ، VBC2 در جدول ۵ آمده است. جزء افزایشی (D) در ۹ صفت بیشتر از جزء غالبیت (H) بوده و متوسط غالبیت ژنی $(H/D)^{1/2}$ در همان صفات کمتر از یک می‌باشد که بیانگر اهمیت جزء افزایشی می‌باشد. در این آزمایش مقادیر انحراف غالبیت $F/(H\times D)^{1/2}$ دامنه‌ای بین ۰/۲۳ تا ۴/۶۹ برای تمام صفات داشته است. واریانس اثر متقابل اجزای افزایشی و غالبیت (F) هم در این جدول ارائه شده است. هر گاه ژنوتیپهای مکانهای ژنی مختلف اثر متقابل نشان دهند این نوع واریانس که آن را واریانس انحرافهای اثر متقابل نیز می‌نامند، پدید می آید. اثر متقابل دو عاملی از دو مکان ژنی و سه عاملی از سه مکان ژنی و... ناشی می‌شود. اثرهای متقابلی که در آنها تعداد زیادی مکان ژنی دخالت دارند واریانس بسیار کوچکی را بوجود می‌آورند که قابل صرف نظر است. بدون تردید اثر متقابل در بین مکانهای ژنی مسئول صفات کمی بسیار معمول می‌باشد. این نکته در مطالعات زیادی ثابت شده است (۱۱). همانطوری که در این جدول مشاهده می‌شود واریانس محیطی که طبق تعریف شامل تمام تغییرات غیر ژنتیکی می‌شود می‌تواند علتهای گوناگونی داشته باشد و ماهیت آن بستگی زیادی به صفت و گیاه مورد مطالعه دارد. بطور کلی واریانس محیطی منبع خطایی است که از دقت مطالعات ژنتیکی می‌کاهد و بنابر این هدف محقق یا اصلاحگر این است که این واریانس را تا حد امکان کاهش دهد. عوامل تغذیه ای و آب و هوایی رایج‌ترین عوامل خارجی تغییرات محیطی هستند و می‌توان دست کم قسمتی از آنها را با آزمایش کنترل کرد. تاثیرهای مادری منبع دیگر تغییرات محیطی را تشکیل می‌دهند. منبع دیگر تغییرات اشتباه اندازه‌گیری است. علاوه بر تغییرات ناشی از عوامل معلومی چون عوامل بالا معمولا مقدار چشمگیری از تغییرات غیر ژنتیکی نیز وجود دارند که علت آنها معلوم نیست و در نتیجه نمی‌توان آنها را با طرحهای آزمایشی حذف کرد. این تغییرات را بطور کلی تغییرات نامرئی[1] می‌نامند(۱۱).

برای صفات وزن سنبله، وضعیت ریشک و پوشیدگی دانه توسط گلوم و گلومل اثر متقابل افزایشی × غالبیت [j] ، معنی‌دار نگردید که این امر ممکن است بعلت خنثی کردن آثار مثبت و منفی در مکان‌های ژنی متفاوت باشد. این نوع اثر اپیستازی نمی‌تواند بوسیله انتخاب (خصوصا در نسل‌های اولیه در حال تفرق) تثبیت گردد. اصولا با توجه به آثار اپیستازی و همچنین ناکافی بودن مدل افزایشی – غالبیت می‌توان بیان کرد که هر چه عوامل ژنتیکی کنترل کننده صفات، افزایش می‌یابند آثار متقابل بین آنها نیز افزایش می‌یابد (۹، ۱۶).

بزرگتر بودن مقادیر [d] در مقایسه با [h] که برای صفات وزن سنبله، طول ریشک، وضعیت ریشک، رنگ بذر و تعداد پنجه مشاهده می‌شود، همبستگی ژن‌ها[2] را بیان می‌کند (یعنی ژن‌هایی که دارای آثار کاهشی هستند در یک والد جمع شده‌اند و بالعکس). به عبارت دیگر در هر تلاقی ژن‌های تشدید کننده

1 . Intangible variation.

2 . Gene association.

جدول ۵- اجزای تنوع در شش نسل گندم برای صفات مختلف در تلاقی رقم قفقاز × لاین ۱۴ در گندم نان

صفت	واریانس فزایشی (D)	واریانس غالبیت (H)	اثر متقابل اجزای افزایشی و غالبیت (F)	واریانس محیطی (Ew)	متوسط غالبیت $(H/D)^{1/2}$	انحراف‌غالبیت $F/(D\times H)^{1/2}$
وزن سنبله (گرم)	۰/۱۳	۱/۱۳	۰/۰۴	۰/۳۹	۲/۹۴	۱/۴۲
طول سنبله (سانتیمتر)	۰/۹۱	۰/۴۵	۰/۰۶	۰/۸۱	۰/۷۰	۰/۰۹
تعداد بذر در سنبله	۱۷۴/۹۰	-۶۳/۳۴	۵/۰۷	۱۴۹/۸۰	۰	-
وزن بذر در سنبله(گرم)	۰/۵۱	۰/۲۰	-۰/۰۴	۰/۴۹	۰/۶۲	-۰/۱۲
وزن ۱۰۰۰ دانه (گرم)	۳۵/۴۷	۱۷/۳۸	۵/۹۰	۲۱/۰۶	۰/۶۹	۰/۲۳
طول ریشک (سانتیمتر)	۸/۴۹	-۲/۵۵	۰/۵۹	۲/۴۶	۰	-
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۸۵/۴۹	۱۳/۹۴	۱۴/۶۶	۵۶/۴۶	۰/۴۰	۰/۴۲
تعداد پنجه	۲/۶۷	۰/۶۱	۰/۴۶	۳/۲	۰/۴۷	۰/۳۶
پوشیدگی دانه	۰/۰۱	۰/۲۲	۰/۰۲	۰/۲۵	-	-
وضعیت ریشک	۰/۶۴	۱/۹۴	-۰/۱۴	۲/۱۵	۱/۷۴	-۰/۱۲
تراکم سنبلچه	۱/۸۲	۰/۶۰	-۰/۱۹	۲/۰۰	۰/۵۷	-۰/۱۸
رنگ گلوم	۰/۰۲	۰/۰۴	۰/۰۱	۰/۲۰	۱/۴۱	۰/۵
رنگ بذر	۰/۱۰	۰/۰۳	-۰/۰۴	۰/۲۰	۰/۵۴	۰/۸

صفت در یک والد جمع شده‌اند. برای صفات تعداد بذر در سنبله، طول ریشک، ارتفاع بوته، تعداد پنجه، تراکم سنبلچه و پوشیدگی دانه توسط گلوم اجزای [d] و [L] دارای علامت‌های مخالف می‌باشند که این موضوع حضور اپیستازی از نوع دوگانه را نشان می‌دهد. آثار متقابل دوگانه عموما واریانس خانواده‌ها و جمعیتهای در حال تفرق را کاهش داده در حالیکه آثار متقابل مکمل این واریانس را افزایش می‌دهد (۹، ۱۹).

کمترین تعداد ژن کنترل کننده صفات مورد بررسی نیز که با استفاده از فرمول‌های مختلف برآورد گردید در جدول ۶ آمده است (۷، ۸، ۱۷، ۱۹). دانستن اینکه یک صفت با چه تعداد ژن اصلی و یا ژن فرعی کنترل می‌شود بسیار با اهمیت می‌باشد زیرا این امر می‌تواند در انتخاب استراتژی اصلاحی بسیار مفید باشد. تعداد عوامل ژنتیکی که در حال تفرق می‌باشد و بوسیله ژنتیک کمی شناسایی می‌گردد، بسیار مهم است. در برآورد تعداد ژن تعدادی از فرضیات مانند ۱) عدم رابطه سیستماتیک بین میانگین و واریانس ۲) عدم وجود اپیستازی، ۳) عدم پیوستگی ژنها ۴) جمع‌بودن آلل‌های مثبت ژنهائی که دو والد از لحاظ آنها متفاوت هستند در یک والد و جمع بودن آلل منفی در والد دیگر ۶) مساوی بودن اثر آللهای مثبت بایستی صادق باشند. لذا برآورد تعداد فاکتور موثر در حال تفرق برآورد صحیحی را ارائه نمی‌دهد هر چند الگوئی نه چندان دقیق را به محقق می‌دهد(۹، ۱۹، ۲۰). به این دلیل است که مقادیر عددی مربوط به تعداد ژن توسط فرمولهای مختلف، متفاوت بوده (جدول ۶) و حتی در بعضی موارد نزدیک به صفر می‌باشد. در اینجا تعداد واحدها که در حال تفرق هستند برآورد می‌شوند که الزاما مشابه با تعداد متفاوت مکان‌های ژنی نمی‌باشد و بهمین دلیل تعداد عوامل موثر بجای تعداد ژن بایستی بکار برده شود (۱۷).

یکی از راه‌های موفقیت در برنامه اصلاحی و تعیین روش اصلاحی داشتن اطلاعات از نحوه توارث صفت در نسل‌های مختلف می‌باشد.لذا تعیین آثار ژن و اجزاء ژنتیکی شرکت کننده در مقاومت ارقام از عوامل اصلی برای موفقیت در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. اطلاعات در این زمینه کمک می‌کند تا تصمیم صحیح جهت اصلاح سریع صفت در برنامه اصلاحی آغاز گردد. غالبیت و بعضی از اشکال اپیستازی در تولید هیبرید مؤثر بوده در حالی که اثر افزایشی در روشهای استاندارد گزینش راهگشا می‌باشد (۶، ۱۱).

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از طرح ملی تحقیقاتی به شماره ثبت ۶۸۵ و شماره طبقه‌بندی ۳۱۳۰۵۲۹۳ می‌باشد که با حمایت شورای پژوهشهای علمی کشور انجام گردیده است که بدینوسیله تقدیر و تشکر می‌گردد.

جدول ۶- برآورد تعداد ژن در حال تفرق (فاکتورهای مؤثر) برای صفات اندازه‌گیری شده در تلاقی رقم قفقاز × لاین ۱۴در گندم نان با روشهای مختلف

صفت	روش					
	کاسل	رایت	رایت	ماتر و جینکز	رایت	رایت
وزن سنبله (گرم)	۰/۱۳	۰/۱۳	۱/۲۲	۰/۰۷	۰/۰۱	۰/۴۰
طول سنبله (سانتیمتر)	۰/۲۶	۰/۲۶	۰/۳۹	۰/۲۰	۰/۵۳	۰/۰۳
تعداد بذر در سنبله	۰/۵۰	۰/۴۸	۰/۳۱	۱/۱۲	۰/۹۱	۱/۳۳
وزن بذر در سنبله (گرم)	۰/۷۶	۰/۷۳	۱/۰۲	۰/۵۷	۰/۱۳	۱/۳۱
وزن ۱۰۰۰ دانه (گرم)	۰/۱۶	۰/۱۵	۰/۲۳	۰/۱۲	۰/۵۲	۰/۲۸
طول ریشک (سانتیمتر)	۰/۱۷	۰/۱۷	۰/۱۲	۰/۳۰	۲/۹۸	۰/۱۱
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۰/۱۹	۰/۱۹	۰/۲۲	۰/۱۶	۱/۴۰	۰/۰۵
تعداد پنجه	۰/۳۰	۰/۳۴	۰/۴۲	۰/۲۹	۱/۱۴	۰/۰۲
پوشیدگی دانه	۰/۱۱	۰/۰۹	۵/۰۷	۰/۰۴	۰/۴۳	۰/۰۴
وضعیت ریشک	۰/۶۲	۰/۷۰	۲/۸۴	۰/۴۰	۰/۰۰	۲/۰۴
تراکم سنبلچه	۰/۹۱	۱/۱۹	۱/۵۸	۰/۹۶	۱/۵۱	۰/۵۰
رنگ گلوم	۰/۷۷	۰/۷۷	۲/۰۴	۰/۴۷	۲/۳۶	۰/۰۰
رنگ بذر	۰/۱۶	۰/۱۶	۰/۲۰	۰/۱۳	۰/۰۰	۱/۰۵

مراجع مورد استفاده REFERENCES

۱. بی‌نام. ۱۳۸۰. آمار نامه وزارت جهاد کشاورزی.

۲. سلطانلو، ح. ۱۳۸۰. تجزیه ژنتیکی مقاومت به زنگ زرد در گندم. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران.

۳. صدرآبادی حقیقی، د. س، ح. مرعشی و م. نصیری محلاتی. ۱۳۷۰. اصول اصلاح گیاهان زراعی. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد. ۵۳۸ صفحه.

۴. عبد میشانی، س. و ع. بوشهری. ۱۳۷۶. اصلاح نباتات تکمیلی (جلد اول)، انتشارات دانشگاه تهران. ۳۲۲ صفحه.

۵. فرشادفر، ع. ۱۳۷۶. روش شناسی اصلاح نباتات. انتشارات دانشگاه رازی کرمانشاه. ۶۱۶ صفحه.

۶. فرشادفر، ع. ۱۳۷۷. کاربرد ژنتیک کمی در اصلاح نباتات. جلد اول. انتشارات دانشگاه کرمانشاه. ۵۲۸ صفحه.

۷. فرشادفر، ع. ۱۳۷۷. کاربرد ژنتیک کمی در اصلاح نباتات. جلد دوم. انتشارات دانشگاه رازی کرمانشاه. ۳۹۶ صفحه.

۸. قنادها، م. ر. ۱۳۷۷. مطالعه نحوه توارث طول دوره کمون در چهار رقم گندم نسبت به زنگ زرد. مجله علوم زراعی ایران. جلد ۱، شماره ۱، ۵۳ – ۷۱.

۹. قنادها، م. ر. ۱۳۷۸. عمل ژن برای مقاومت در مرحله بلوغ نسبت به زنگ زرد در گندم. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۰، شماره ۲، ۴۰۷-۳۹۷.

۱۰. واعظی، ش. ، س. عبد میشانی، ب. یزدی صمدی، و م. ر. قنادها. ۱۳۷۸. تجزیه ژنتیکی بعضی از خصوصیات کمی ذرت. ۱- تجزیه میانگین عملکرد و صفات وابسته به آن. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۰، شماره ۴، ۸۳۹-۸۵۰.

۱۱. ولی زاده، م. و م. مقدم. ۱۳۷۷. آشنایی با ژنتیک کمی. انتشارات دانشگاهی تهران. ۵۴۸ صفحه.

12. Anderson. V. L. & D. Kempthorns. 1965. A model for the study of quantitative inheritance Genetics. 39: 883-898.
13. Bushuk, W. & V. F. Rasper. 1994. Wheat production, properties and quality. Blakie Academic and professional An imprint chapman and Hall. 287-310pp.
14. Edvards, L., H. Ketata, & E. L. Smith. 1976. Gene action of heading date, plant height and other characters in two winter wheat crosses. Crop Sci. 16: 275-279.
15. Haluver, A. R. & G. D. Miranda. 1985. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State Press. Ames Iowa.
16. Hayman, B L. 1958. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation meanse. Heredity 12: 371-390.
17. Lande, R. 1981. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. Genetics 99: 541-553.
18. Mather, K. 1949. Biometrical Genetices. Methuen, London, 162 PP.
19. Mather, K. & J. L. Jinks. 1982. Biometrical genetics – the study of continouse variation. Chapman and Hall. London. 450 pp.
20. Multize, D. K. & R. J. Baker. 1985. Evaluation of biometrical methods for estimating the number of genes. 1- effect of sample size. Theor. Appl. Genet. 69: 553-558.
21. Singh, G., G. Nanda, & V. Shou. 1998. Gene effects for grains per spike, grain weight and grains per spiklet in a set of nineteen crosses of wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding. 1998, 58: 1, 83-89.
22. Snap, J. W. 1987. conventional methods of genetic analysis in wheat. In: Lupton F. G. H. (ed) Wheat breeding, Chapman and Hall.
23. Warner, J. N. 1952. A method for estimation heritability. Agron. J. 44: 427-430.
24. Yadava, B. C. Tyagi, & D. Singh. 1998. Genetics of Transgressive segregation for yield and yield components in wheat. Annals of Applied Biology. 133: 2, 227-235.
25. Yadava, R. N., M. Maherchandani, M. Singh, & R. Singh. 1995. Comparison of the observed and predicted frequencies of transgressive segregation for yield and related traits in two bread wheat populations. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding. 1995. 55: 3, 266-272.
26. Zadoks, J. C., T. T. Chang, & C. F. Konzak. 1974. A desimal code for the growth stages of cereals. Weed Research 14: 415-421.

Iranian, J. Agric. Sci. Vol. 36, No. 1, 2005

Genetic Analysis of Yield and Correlated Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum*)

KH. MOSTAFAVI[1], A. H. HOSSEINZADEH[2], AND H. ZEINALI KHANEGHAH[3]
1, 2, 3, Former Graduate Student, Assistant Professor and Associate professor, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran
Accepted. April. 28, 2004

SUMMARY

Increasing yield is the most important aim in any breeding program. Since yield is a complex trait and involves several quantitative components with low inheritance, its direct study is not usually sufficient and therefore it is suggested that its components be investigated instead. In order to study the genetics of yield and its components, a cross was made between Ghafghaz variety* and line 14. F1, F2, BC1 and BC2 progenies were produced, planted, and evaluated under field conditions using a Randomized Complete Block Design with three replications. Mean squares in spike weight, plant height, number of seeds per spike, seed weight per spike, 1000 seed weight, awn length, spike length, condition of awn, spikelet compactness, seed color, seed coverage by glume as well as the number of tillers were significant. The minimum number of genes controlling these traits were estimated as 2, 2, 2, 2, 1, 3, 1, 3, 2, 2, 6 and 2 respectively. Generation mean analysis (GMA) was performed by scaling test which essays all generations simultaneously. This analysis indicated that gene effects including mean effect, additive, dominance, epistasis effects of additive × additive, additive × dominance and dominance × dominance were effective in inheritance of these traits. For spike length and awn condition the additive and dominance effects and for other traits the epistasis effects (Specially additive × dominance and dominance × dominance) were important in controlling the traits. For seed weight per spike and spiklet compactness, additive effect was more important than dominant effect and for number of seed per spike and 1000 seed weight dominant effect was more important than the additive effect.

Key words: Generation mean analysis, Wheat (*Trtiticum aestivum*), Gene effects, Quantitative traits.