دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

تجزیه ژنتیکی برخی صفات مورفولوژیک در گندم از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها در شرایط تنش و عدم تنش رطوبتی

سمانه احمدیان[۱]، سیدمحمدمهدی مرتضویان[۲]، محسن ابراهیمی[۳]، فاطمه امینی[۴]، مجید قربانی جاوید[۴] و بهروز فوقی[۵]

۱، ۳، ۴ و ۵- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار، استادیار و مربی، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران
۲- دانشیار پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، (نویسنده مسوول: mortazavian@ut.ac.ir)
تاریخ دریافت: ۹۳/۲/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۴/۵/۳

چکیده

بررسی نحوه توارث، نوع عمل ژن‌ها و تعیین استراتژی مؤثر اصلاحی در جهت بهبود صفات فیزیولوژیک و مورفوفیزیولوژیک به‌خصوص در شرایط تنش خشکی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. به همین منظور آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار بر روی نسل‌های حاصل از تلاقی دو لاین خالص (کویر × روشن) در شرایط تنش خشکی و بدون تنش در دو سال زراعی ۹۲-۱۳۹۰ در مزرعه تحقیقاتی پردیس ابوریحان دانشگاه تهران صورت گرفت. تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها ازنظر اکثر صفات در هر دو شرایط محیطی بود. در مطالعه حاضر، برآورد اثر ژن‌های کنترل‌کننده صفات مهم در نسل‌های P_1، P_2، F_1، F_2 و F_3 گندم نشان داد که در محیط واجد تنش رطوبتی برای صفات طول سنبله اصلی، وزن سنبله اصلی، تعداد پنجه بارور و در محیط بدون تنش برای صفات طول سنبله اصلی، وزن هزار دانه، مدل سه پارامتری مشتمل بر [m]، [a] و [d] بهترین برازش را داشت. صفت ارتفاع بوته در شرایط بدون تنش و صفات طول سنبله اصلی و وزن هزار دانه در هر دو شرایط محیطی توسط اثرات فوق غلبه‌ی ژن‌ها کنترل می‌شدند. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات تعداد دانه در بوته و طول برگ پرچم در شرایط تنش رطوبتی به ترتیب دامنه ۱۹ تا ۸۳ درصد و برای صفات تعداد پنجه بارور و طول سنبله اصلی در شرایط عدم تنش رطوبتی به ترتیب دامنه ۵۳ تا ۹۳ درصد داشتند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه ژنتیکی، تجزیه میانگین نسل‌ها، تنش خشکی، گندم، وراثت‌پذیری

مقدمه

از دیدگاه متخصصان کشاورزی افزایش تولید مواد غذایی تنها راه‌حل رفع مشکل گرسنگی است و با سطح تولید کنونی، باید طی ۳۰ سال آینده دست‌کم ۶۰٪ به مقدار تولیدات کشاورزی افزوده شود (۶).

خشکی مهم‌ترین عامل محدودکننده تولید موفقیت‌آمیز و پایدار محصولات زراعی در سراسر جهان به‌حساب می‌آید و با تغییرات آب و هوایی، افزایش جمعیت و مصرف بی‌رویه کود برای جبران کاهش عملکرد این مشکل جدی‌تر شده است. این عامل هنگامی ایجاد می‌شود که خروج آب از گیاه به‌واسطه فرآیند تعرق بیشتر از جذب آن از طریق ریشه و در نتیجه تولید را کاهش می‌دهند (۱۱).

تولید ژنوتیپ‌های متحمل، با عملکرد بالا و پایدار در شرایط تنش خشکی یکی از مهم‌ترین چالش‌ها، برای به‌نژادگران محسوب می‌شود. انتخاب برای عملکرد در شرایط تنش همراه با وراثت‌پذیری پایین و اثر متقابل زیاد بین ژنوتیپ و محیط است. بنابراین انتخاب مستقیم به‌تنهایی کارساز نبوده و برای بهبود عملکرد باید صفاتی که همبستگی بالایی با آن داشته و کمتر تحت تأثیر محیط قرار دارند، مورداستفاده قرار گیرند (۱۹). استفاده از تلاقی بین ارقام حساس و متحمل به عنوان یکی از راهکارهای موثر در ایجاد تنوع جدید و بهره‌گیری در برنامه‌های اصلاح نباتات معرفی شده است (۲۳). در به‌نژادی و تولید ارقام پرمحصول، دسترسی به تنوع ژنتیکی، اطلاع از ساختار ژنتیکی و نحوه توارث صفات ضروری است. با ارزیابی جمعیت‌های حاصل از تلاقی لاین‌های خالص، ضمن شناسایی لاین‌های پرمحصول حاصل از تفکیک متجاوز، امکان تعیین پارامترهای ژنتیکی و توارث‌پذیری صفات متفاوت از جمله عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن فراهم می‌گردد (۱۴).

یکی از دلایل پیشرفت کم در تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد زیاد، عدم درک عمل ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد و اجزای آن است (۲۶). روش‌های مختلفی برای ارزیابی جمعیت‌ها و تعیین اساس ژنتیکی کنترل‌کننده صفات مورد مطالعه وجود دارد که تجزیه میانگین نسل‌ها یکی از آن‌ها محسوب می‌شود (۱۸). برآورد اجزای افزایشی، غالبیت و نیز تعیین اپیستازی برای تعیین روش اصلاحی و تشخیص لزوم تولید دو رگ یا لاین خالص و نیز پیش‌بینی احتمال به دست آمدن لاین‌هایی که بهتر از لاین‌های اولیه هستند، مهم می‌باشد (۱۵). انتخاب روش‌های اصلاحی مناسب برای جمعیت‌های مختلف بستگی به نوع عمل ژن‌ها، میزان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات مورد مطالعه دارد. گل‌آبادی و همکاران (۱۲) در مطالعات خود بر روی تلاقی‌های گندم با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها به این نتیجه رسیدند که برای صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل مدل چهار پارامتری در شرایط تنش رطوبتی بهترین برازش را نشان می‌دهد. ارکول و همکاران (۵) اظهار داشتند که در شرایط تنش خشکی برای صفات وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و سنبلچه در گندم مدل سه پارامتری توارث این صفات را بر عهده دارد. خطّاب و همکاران (۱۷) در مطالعه بر روی سه تلاقی گندم نان با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها بیان داشتند که صفات وزن بوته،

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

ارتفاع بوته، عملکرد دانه در بوته و تعداد دانه در سنبله به وسیله اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی کنترل می‌شود که این امر نشان می‌دهد که گزینش برای این صفات در نسل‌های بعدی مؤثرتر خواهد بود. سلطان و همکاران (۲۸) در تحقیقات بر روی چهار تلاقی گندم نان با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها، وجود اپیستازی را برای صفات تعداد دانه در سنبله،عملکرد دانه در بوته و وزن صد دانه در تلاقی‌های گندم نان نشان دادند و همچنین بیان کردند که مدل ساده افزایشی و غالبیت برای توجیه تمام صفات در کلیه تلاقی‌ها کافی نمی‌باشد.

پژوهش حاضر به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات، تعیین بهترین مدل ژنتیکی برای توجیه تغییرات ژنتیکی صفات مورد بررسی، تخمین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی و تعیین سهم اثرات افزایشی، غالبیت و نوع عمل ژن در توارث صفات، و برآورد مقدار اثرات متقابل بین مکان‌های ژنی در شرایط آبیاری نرمال و تنش رطوبتی آخر فصل انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در دوسال زراعی ۹۲-۱۳۹۰ در مزرعه تحقیقاتی پردیس ابوریحان دانشگاه تهران واقع در شهرستان پاکدشت، جنوب شرقی استان تهران اجرا گردید. ازنظر اقلیم، منطقه پاکدشت جزو مناطق خشک محسوب شده و بارندگی‌ها عمدتاً در دو فصل پاییز و زمستان صورت می‌گیرد. درجه حرارت متوسط سالیانه ۱۶/۸درجه سانتی‌گراد و خاک زراعی مزرعه مورد استفاده دارای بافت لومی، pH آن ۷/۳ و EC آن ۲/۰۵ دسی‌زیمنس بر متر بود.

مواد آزمایشی شامل دو رقم گندم به نام‌های کویر (P_1) و روشن (P_2) (جدول ۱) به ترتیب، به‌عنوان والدین نسبتاً حساس و متحمل به خشکی براساس مطالعات گذشته (۲۲ و ۲۳) و نسل‌های F_1، F_2 و F_3 حاصل از تلاقی آن‌ها بود.

آزمایش تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی پردیس ابوریحان در محدوده‌ای به مساحت ۱۰۰۰ مترمربع اجرا گردید. به این ترتیب که در هر تکرار یک ردیف به هر یک از والدین P_1، P_2 و F_1، سه ردیف به F_2 و ۱۰۱ ردیف به ۱۰۱ خانواده F_3 اختصاص داده شد. در تاریخ‌های ۱۸، ۱۹، ۲۰ و ۲۱ آبان ماه سال ۱۳۹۱ عملیات کاشت با دست بر روی پشته‌ها انجام گرفت. برای تمام نسل‌ها، طول هر ردیف ۲ متر، فاصله بین بوته‌ها ۱۵ سانتی‌متر و فاصله بین ردیف‌ها (پشته‌ها) ۵۰ سانتی‌متر و عمق شیارها ۳-۲ سانتی‌متر در نظر گرفته شد و در هر ردیف ۱۴ بذر کاشته شد. در هر بلوک از هر طرف یک ردیف و در هر ردیف از هر طرف دو بوته به‌عنوان حاشیه در نظر گرفته شد.

اعمال تنش کم‌آبی برای تیمارهای تحت تنش آبی در مرحله زایشی (قبل از خروج سنبله) بر اساس آزمون اولیه خاک (نمونه‌گیری یک روز در میان) شروع شد و زمانی که درصد رطوبت در سایت تنش به حدود ۰/۱۴ (نقطه پژمردگی گندم) رسید، آبیاری مجدد به روش جوی و پشته انجام شد (۲). در شرایط تنش علائم پژمردگی و لوله‌ای شدن برگ‌ها آشکار شد. قابل ذکر است که پس از اعمال تنش بارندگی مؤثری رخ نداد. آبیاری تیمارهای نرمال تا رسیدگی فیزیولوژیکی به‌طور مرتب انجام شد. اعمال تنش کم‌آبی در دو دوره متوالی که هر دوره تنش۱۲-۱۴ روز طول می‌کشید، صورت گرفت. صفات ارزیابی شده شامل طول و عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول و وزن سنبله اصلی، طول ریشک، تعداد دانه در هر بوته، تعداد پنجه‌های بارور و وزن هزار دانه بود.

تجزیه واریانس ساده و مرکب والدین به منظور بررسی تفاوت میان دو والد و تأثیر محیط بر صفات اندازه‌گیری شده انجام گرفت که ابتدا جهت بررسی یکنواختی واریانس اشتباهات آزمایشی آزمون بارتلت برای کلیه صفات انجام شد و صفاتی که بارتلت معنی‌دارداشتند، حذف گردیدند. سپس تجزیه واریانس وزنی برای بررسی وجود تفاوت معنی‌دار بین نسل‌های مورد بررسی در هر یک از شرایط محیطی به‌طور جداگانه انجام شد. برای انجام این تجزیه‌ها، میانگین هر صفت بر اساس تک بوته به دست آمده و سپس تجزیه واریانس بر روی اعداد حاصل انجام شد. تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفاتی که تفاوت نسل‌های آن معنی‌دار شده بود با استفاده از روش مدر و جینکز (۲۱) انجام گرفت.

برای برآورد پارامترهای ژنتیکی به دلیل تفاوت در تعداد افراد و واریانس‌ها در هر نسل، از روش حداقل توان‌های دوم وزنی استفاده شد. وزن‌ها به‌صورت عکس واریانس میانگین هر نسل در نظر گرفته شدند. برای کلیه صفات مدل‌های سه پارامتری مشتمل بر m، a و d و مدل چهار پارامتری مشتمل بر m، a، d، aa و مدل m، a، d، dd و مدل پنج پارامتری m، a، d، aa، dd با استفاده از ضرایب مربوط به هر پارامتر در نسل‌های مختلف محاسبه شد.

مدل تجزیه میانگین نسل‌ها طبق مدر و جینکز (۲۱) به ترتیب زیر است:

$$Y = m + \alpha[d] + \beta[h] + \alpha'[i] + 2\alpha\beta[j] + \beta'[l]$$

Y: میانگین یک نسل، m: میانگین همه نسل‌ها در یک تلاقی، d: مجموع اثرات افزایشی، h: مجموع اثرات غالبیت، i: مجموع اثرات متقابل افزایشی × افزایشی، j: مجموع اثرات افزایشی × غالبیت، l: مجموع اثرات متقابل غالبیت × غالبیت، α، β، α^2، $2\alpha\beta$، β^2 حاصل‌ضرب پارامترهای ژنتیکی هستند.

در این مطالعه آزمون مقیاس مشترک به‌منظور استفاده از ترکیب تمام سری‌های آزمون مقیاس به‌جای آزمون کردن تک‌تک روابط و استفاده از اطلاعات کلیه نسل‌ها به کار رفت. در این روش پارامترهای مدل از میانگین تمامی نسل‌های موجود برآورد می‌شود و سپس میانگین‌های مشاهده شده با میانگین‌های مورد انتظار که از برآورد پارامترهای مذکور حاصل می‌شود، مقایسه می‌گردد. مطابق روش مدر و جینکز (۲۱)، مدل‌های سه، چهار و پنج پارامتری برای شناسایی نحوه عملکرد ژن‌ها درتوارث تمام صفات مورد بررسی قرار گرفتند که تنها توانستیم مدل سه و چهار پارامتری را به‌وسیله آزمون نیکویی برازش با استفاده از آزمون مربع کای با درجه آزادی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

یک و دو برای نیکویی برازش آزمون نماییم و مدل پنج پارامتری به دلیل نبود نسل‌های کافی و صفر شدن درجه آزادی آزمون مربع کای نتوانست آزمون شود در نهایت مدلی برگزیده می‌شود که اولاً تمام اجزای آن معنی‌دار، ثانیاً خطای استاندارد آن کمتر از حالات دیگر بوده و کای اسکور آن غیرمعنی‌دار باشد. این آزمون در مقایسه با آزمون معیار انفرادی، مقدار بیشتری از کفایت مدل افزایشی غلبه را برآورد می‌کند، یعنی بهترین برآورد ممکن برای تمامی پارامترهای مورد نیاز برای احتساب تفاوت‌های بین میانگین خانواده‌ها را ارائه می‌کند. زمانی که مدل کفایت نکند بدین معناست که وراثت ساده کروموزومی وجود ندارد (۲۱).

$$X^2 = \sum \frac{(o-e)^2}{e}$$

O: میانگین‌های مشاهده شده
e: میانگین‌های مورد انتظار

آزمون وزنی توأم قویترین آزمون برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و تشخیص وجود اثرات اپیستازی است، زیرا با استفاده از اطلاعات کلیه نسل‌ها می‌توان مدل افزایشی- غالبیت را بر آن برازش داد (۹).

اجزای واریانس ژنتیکی و همچنین واریانس اثر محیطی یعنی مقادیر E_1، E_2، D و A بر اساس روش هالوور و میراندا (۱۳) و با استفاده از امید ریاضی مربوطه به‌صورت زیر محاسبه شد:

$\sigma_g^2 \bar{F}_3 = (1/2)A + (1/16)D = (M_{32}-M_2) / r$

$\sigma_g^2 F_3 = (1/4)A + (1/8)D = M_{12}-M_{11}$

$E_1 = M_{11}$

$E_2 = M_2 / r$

$$VE1 = \frac{2M_{11}^2}{rn(k-1)+2}$$

$$VE2 = \frac{2M_2^2}{[(r-1)(n-1)]+2}$$

$$VA = \frac{128}{9r^2}\left[\frac{M_{32}^2}{P+1} + \frac{M_2^2}{[(r-1)(n-1)]+2}\right] + \frac{32}{9}\left[\frac{M_{12}^2}{rp(k-1)+2} + \frac{M_{11}^2}{rh(k-1)+2}\right]$$

$$VD = \frac{512}{9}\left\{\left[\frac{4M_{12}^2}{rp(k-1)+2} + \frac{4M_{11}^2}{rh(k-1)+2}\right] + \frac{1}{r^2}\left[\frac{M_{32}^2}{P+1} + \frac{M_2^2}{[(r-1)(n-1)]+2}\right]\right\}$$

بر اساس معادلات ارائه شده، ($\sigma_g^2 \bar{F}_3$) واریانس میانگین‌های خانواده‌های F_3، ($\sigma_g^2 \bar{F}_3$) میانگین واریانس‌های خانواده‌های F_3، (E_1) واریانس میانگین‌های نسل‌های تفرق‌ناپذیر و (E_2) میانگین واریانس نسل‌های تفرق‌ناپذیر هستند.

مقادیر وراثت‌پذیری عمومی، خصوصی، درجه غالبیت، اجزاء تنوع A و D، میانگین درجه غالبیت (متوسط غالبیت ژنی) به‌وسیله روش مدر و جنیکز (۲۱) و کمترین تعداد ژن‌های کنترل‌کننده صفات به‌وسیله روش لاند (۲۰) برآورد شدند.

وراثت‌پذیری عمومی

$$H_b = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + E_2}$$

وراثت پذیری خصوصی

$$H_n = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + E_2}$$

درجه غالبیت

$$\text{درجه غلبه} = \sqrt{\frac{D}{A}}$$

حداقل تعداد ژن‌ها (لاند، ۲۱)

$n = (P_2 - P_1)/8 \{ V_{F2} - (0.5\, V_{F1} + 0.25\, V_{p1} + 0.25\, V_{P2})\}$

نرم افزارهای آماری SAS، SPSS و MATLAB جهت محاسبات به کار گرفته شد

نتایج و بحث

برای تجزیه واریانس از اطلاعات ۵ نسل P_1، P_2، F_1، F_2 و F_3 استفاده شد. از نسل F_3 ۱۰۱ خانواده با تعداد نامساوی نمونه‌برداری شرکت داشتند که حداقل و حداکثر تعداد بوته در خانواده‌ها به ترتیب برابر ۳ و ۱۰ بوته بود. ژنوتیپ گیاهان F_2 و F_3 به علت تفرق صفات متفاوت است، بنابراین شاید تصور تکرار برای این نسل صحیح به نظر نرسد. اما از آنجا که 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 (۱). تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها از نظر کلیه صفات به‌جز وزن سنبله اصلی و تعداد دانه در بوته در شرایط بدون تنش می‌باشد. لذا تجزیه ژنتیکی و بررسی نحوه توارث برای این صفات امکان‌پذیر می‌باشد (جدول ۱). بین خانواده‌های F_3 و درون خانواده‌های F_3 و درون نسل‌ها نیز ازنظر کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در شرایط تنش و بدون تنش وجود دارد. وجود تفاوت معنی‌دار بین تیمارها حاکی از وجود تنوع ژنتیکی در مواد موردبررسی از نظر صفات مورد مطالعه می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

جدول ۱- تجزیه ژنتیکی واریانس بین و درون نسل‌ها (والدین و F_3) برای صفات اندازه‌گیری شده در گندم در شرایط نرمال و تنش خشکی

Table 1. Genetic analysis variance among and within generations (Parents and F_3) for evaluated traits in wheat in normal and drought stress conditions

منبع تغییر		درجه آزادی	میانگین مربعات								امید ریاضی	
			طول برگ پرچم	عرض برگ پرچم	ارتفاع بوته	طول سنبله اصلی	وزن سنبله اصلی	طول ریشک	تعداد دانه در بوته	تعداد پنجه بارور	وزن هزار دانه	
تکرار	تنش	۲	۱۰/۴۱*	۰/۲۶**	۵۴۴/۹۵**	۳/۶۰**	۵/۷۸**	۲/۱۳**	۹۰۱۲۶/۸۸*	۲۸۲/۵۷**	۱۸۳/۱۲**	–
	نرمال		۲/۷۲^{ns}	۰/۴۲**	۲۲۴/۴۷**	۰/۳۳^{ns}	۰/۲۱^{ns}	۰/۱۷^{ns}	۷۸۹۷/۷۷^{ns}	۱۵/۸۶^{ns}	۲۰/۵۹^{ns}	
تیمارها	تنش	۱۰۴	۱۴/۳۲**	۰/۰۶**	۱۹۶/۹۸**	۱/۷۶**	۰/۸۱**	۴/۱۶**	۳۶۲۲۹/۴۴**	۲۲/۷۵**	۸۰/۳۶**	–
	نرمال		۱۵/۵۶**	۰/۱۴**	۱۳۴/۶۹**	۱/۵۸**	۰/۴۸**	۵/۳۴**	۴۸۵۶۹/۸۲**	۴۹/۹۵**	۱۴۸/۹۶**	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
بین نسل‌ها	تنش	۴	۱۳/۹۰**	۰/۰۴**	۴۴۰/۴۵**	۲/۳۰**	۱/۰۹**	۲۰/۵۷**	۳۲۱۰۷/۴۴**	۳۷/۶۱**	۹۲/۵۱**	M_{31}
	نرمال		۹/۵۳**	۰/۱۶**	۳۶۰/۷۱**	۱/۳۲**	۰/۲۴^{ns}	۲۶/۲۹**	۶۳۲۰/۱۵^{ns}	۸۷/۳۸**	۸۳/۷۰**	
بین خانواده‌های F3	تنش	۱۰۰	۱۳/۹۷**	۰/۰۶**	۱۸۷/۴۵**	۱/۷۴**	۰/۸۰**	۳/۴۵**	۳۴۹۲۹**	۲۲/۰۸**	۷۹/۱۲**	$\sigma^2 + \sigma_g^2\bar{F}_3$
	نرمال		۱۵/۵۵**	۰/۱۳**	۱۲۲/۵۲**	۱/۵۶**	۰/۴۸**	۴/۳۸**	۵۰۱۳۴/۱۳**	۴۳/۸۱**	۱۵۰/۳۹**	M_{32}
اشتباه	تنش	۲۰۸	۲/۶۴	۰/۰۲	۴۰/۰۲	۰/۴۷	۰/۱۹	۰/۱۵	۱۹۱۹۸/۵۰	۱۰/۳۲	۲۰/۶۲	σ^2
	نرمال		۳/۰۲	۰/۰۴	۱۳/۵۵	۰/۲۴	۰/۱۵	۰/۰۷	۶۸۹۲/۴۱	۶/۱۸	۱۸/۹۱	M_2
درون نسل‌ها	تنش	۲۵۳۸	۸۰/۶۲**	۰/۳۰**	۱۲۳۵/۰۰**	۹/۳۹**	۴/۱۲**	۲۶/۷۶**	۱۸۳۲۶۳/۰۴**	۱۲۳/۵۲**	۴۲۶/۴۹**	–
	نرمال	۵۹/۳۹**	۵۹/۳۹**	۰/۳۲**	۳۵۰/۲۱**	۴/۲۶**	۱/۲۰**	۱۳/۱۸**	۱۲۴۴۸۸/۳۹**	۱۲۲/۷۵**	۳۸۴/۲۹**	M_1
درون خانواده‌های F3	تنش	۲۷۲۷	۷۴/۹۵**	۰/۳۰**	۱۱۲۰/۷۱**	۸/۹۵**	۳/۹۰**	۱۹/۱۷**	۱۶۶۸۹۴/۸۶**	۱۱۳/۹۵**	۳۹۸/۶۱**	$\sigma_{wg}^2 + \sigma_{we}^2$
	نرمال		۳۹/۵۸**	۰/۳۲**	۸۹/۳۲۴**	۴/۲۳**	۱/۲۰**	۱۰/۶۷**	۱۲۸۶۶۸/۱۳**	۱۰۴/۱۲**	۳۸۸/۹۰**	M_{12}
درون نسل‌های همگن	تنش	۸۱	۳۷۳/۹۸**	۰/۷۴**	۷۰۵۶/۰۱**	۳۵/۰۳**	۱۷/۷۹**	۳۴۸/۰۷**	۲۰۰۷۱۱/۶۶**	۶۸۸/۱۸**	۱۲۶۳/۸۱**	σ^2_{we}
	نرمال		۴۹/۹۴**	۰/۶۳**	۱۵۴۵/۲۶**	۷/۲۶**	۰/۹۱**	۱۲۶/۵۵**	۱۸۵۶۲/۶۲*	۳۷۲/۰۶**	۲۸۵/۶۰*	M_{11}

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

نتایج تجزیه میانگین نسل‌ها بر اساس آزمون مقیاس مشترک برای همه صفات و در دو محیط بدون تنش و تنش رطوبتی در جدول ۲ ارائه شده است. معنی‌دار شدن آزمون کای اسکور عدم تطابق مدل ساده افزایشی- غالبیت را برای صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در بوته در شرایط تنش خشکی نشان داد. به عبارت دیگر مدل ساده افزایشی- غالبیت نمی‌تواند واریانس ژنتیکی بین میانگین نسل‌ها را توضیح دهد بلکه مدل‌های پیچیده برای این تلاقی کفایت می‌کند. سلطان و همکاران (۲۸) نیز در تحقیقات خود با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها بر روی تلاقی‌های گندم نان، بیان کردند که مدل ساده افزایشی و غالبیت برای توجیه تمام صفات در کلیه تلاقی‌ها کافی نمی‌باشد، بلکه اپیستازی برای توجیه صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه در بوته و وزن صد دانه نشان داده شد.

مقادیر غیر معنی‌دار کای اسکور برای صفات ارتفاع بوته در هر دو شرایط تنش و بدون تنش و تعداد پنجه بارور در شرایط بدون تنش نشان‌دهنده مناسب بودن مدل ساده افزایشی- غالبیت می‌باشد. سینک و داهیا (۲۷) نیز با تجزیه میانگین نسل‌ها اثر اپیستازی ژن‌ها را برای صفات ارتفاع گیاه، تعداد پنجه در گیاه، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه گیاه مهم تلقی کردند به‌طوری‌که هر سه نوع اپیستازی افزایشی در افزایشی، افزایشی در غالبیت و غالبیت در غالبیت اهمیت یکسانی نشان دادند. گامبل و بورک (۱۰) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک، صفات زراعی از قبیل ظهور سنبله، ارتفاع بوته، شاخص برداشت، عملکرد دانه، را در گیاه گندم مطالعه کردند و نتیجه گرفتند که عمل اپیستازی ژن نیز در توارث این صفات دخالت دارد. همچنین مشخص شد که آزمون مقیاس مشترک بهتر از هر آزمون دیگری می‌تواند عمل اپیستازی ژن را نشان دهد. نتایج این آزمایش در خصوص صفات ارتفاع بوته و تعداد پنجه بارور در شرایط بدون تنش با نتایج خطّاب و همکاران (۱۷) مبنی بر کنترل توسط اثرات افزایشی و غالبیت و نیز اثرات اپیستازی مطابقت داشته و لذا گزینش برای این صفات در نسل‌های بعدی اصلاحی مؤثرتر خواهد بود.

در شرایط تنش رطوبتی برای صفات طول سنبله اصلی، وزن سنبله اصلی، تعداد پنجه بارور و در محیط بدون تنش برای صفات طول سنبله اصلی و وزن هزار دانه مدل سه پارامتری مشتمل بر [m]، [a] و [d] بهترین برازش را داشت و لذا معنی‌دار شدن اجزاء افزایشی و غالبیت بیانگر اهمیت اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد.

دهاندا و ستی (۴)، در تجزیه ژنتیکی صفات مختلف گندم نان در دو شرایط محیطی نرمال و تنش خشکی مشخص کردند که هر دو نوع اثر ژنی افزایشی و غالبیت نقش مهمی را در کنترل وراثت صفات در هر دو شرایط محیطی دارند اما برای صفات مختلف میزان اهمیت این اثرها در محیط‌های مختلف متفاوت بود.

متوسط درجه غالبیت برای صفات طول سنبله اصلی و وزن هزار دانه در هر دو شرایط رطوبتی، و صفت ارتفاع بوته در شرایط نرمال پدیده فوق غالبیت مشاهده می‌شود. پدیده فوق غالبیت در این صفات است ممکن است ناشی از تجمع آثار تعداد زیادی ژن با غالبیت جزئی یا کامل و پیوستگی ژن‌های غالب مطلوب و مغلوب نامطلوب و یا از عدم توزیع تصادفی ژن‌ها در والدین باشد (۷). نتایج آزمایش‌های فتوکیان و همکاران (۹) و چادهاری و همکاران (۳) نیز دخالت و نقش اپیستازی ژنی، برتری اثر غالبیت و اثر فوق غالبیت را در کنترل تعداد سنبله مشابه با نتایج این آزمایش نشان دادند.

تخمین بیشتر مقادیر (d) نسبت به (a) در برخی صفات از قبیل ارتفاع بوته و وزن هزار دانه در هر دو شرایط رطوبتی و صفات طول سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی در شرایط تنش نشان داد که ژن های غالب موجود در والدین در هیبریدهای حاصل از این دو والد تجمع یافته است و نشان می‌دهد که امکان تولید هیبرید برای بهبود این صفات وجود دارد. هرچند اثرات افزایشی در تجزیه میانگین برای برخی از صفات معنی‌دار شده است ولی مقادیر آن کوچک‌تر از اثرات غالبیت است. به‌طورکلی پایین بودن اثر افزایشی برای صفات مورد بررسی با توجه به فرض چندژنی بودن آن‌ها دور از انتظار نیست. زیرا پارامترهایی که اثر ژنی را مشخص می‌نمایند، در حقیقت اثر متعادل یا متوسط همه مکان‌های ژنی در حال تفرق می‌باشند و لذا با توجه به اینکه پارامتر افزایشی یا اثر متقابل مرتبط با اثر افزایشی تابعی از درجه پراکندگی ژن‌های افزایش دهنده بین والدین است برآورد اثر افزایشی ممکن است کوچک باشد (۲۲،۱۹).

همچنین برآورد اثر افزایشی برای صفت تعداد دانه در بوته در شرایط تنش خشکی و وزن هزار دانه در شرایط بدون تنش و صفت ارتفاع بوته منفی بوده درحالی‌که این صفات دارای واریانس افزایشی مثبت می‌باشند. این امر ممکن است ناشی از این مسئله باشد که در تجزیه میانگین نسل‌ها، پارامترهای افزایشی و یا اثر متقابل مرتبط با اثر افزایشی تابعی از درجه پراکندگی ژن‌های افزایش‌دهنده صفت در بین والدین است. درصورتی‌که واریانس‌های ژنتیکی به‌وسیله اثر متعادل تحت تأثیر قرار نگرفته و درواقع میانگین مربعات اثر هر مکان ژنی می‌باشند که به‌صورت مجموع تنوع اثر افزایشی بیان می‌شوند (۲۲،۱۹). دهاندا و ستی (۴)، نیز در مطالعه خود به همین تناقض دست یافتند. اصولاً تخمین اثرهای مختلف ژنی با صادق بودن فرضیاتی از قبیل تفرق دیپلوئیدی، هموزیگوت بودن والدین، عدم وجود آلل‌های چندگانه، عدم وجود پیوستگی ژنی و عدم وجود اثر متقابل محیط و ژنوتیپ قابل دستیابی است. دو فرض اول در جمعیت‌های گندم صادق است اما در مورد سایر فرضیات، هرگونه انحرافی از آن‌ها منجر به برآوردهای ناصحیح از اثرهای ژنی می‌شود (۱۶).

واریانس غالبیت D برای صفات وزن سنبله اصلی، وزن هزار دانه، طول سنبله اصلی و تعداد پنجه بارور در محیط تنش و صفات ارتفاع بوته، طول سنبله اصلی، وزن هزار دانه و تعداد پنجه بارور در محیط بدون تنش بیش از واریانس افزایشی A بود. کمتر بودن مقدار واریانس افزایشی A از واریانس غالبیت D نشان دهنده این است که گزینش در شرایط خودگشنی برای صفت مورد مطالعه قابل تثبیت نیست و برای اصلاح این صفت انجام تلاقی و اداره جامعه بعد از آن، مؤثرتر از روش انتخاب خواهد بود (۲۵). برآوردهای وراثت‌پذیری از این جهت مهم است که اطلاعات لازم برای انتقال صفات از والدین به نتاج را فراهم کرده و بنابراین

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

ارزیابی اثرات ژنتیکی و محیطی در تنوع فنوتیپی به گزینش کمک می‌کند (۷). دامنه وراثت‌پذیری عمومی در شرایط تنش رطوبتی (۱۹ تا ۸۴) به ترتیب برای صفات تعداد دانه در بوته و طول برگ پرچم بود. دامنه وراثت‌پذیری خصوصی نیز (۹ تا ۸۹ درصد) به ترتیب برای صفات طول سنبله اصلی و طول ریشک بود. در شرایط بدون تنش نیز مقادیر وراثت‌پذیری عمومی در دامنه‌ای بین ۰/۵۲ برای صفات طول سنبله اصلی تا ۰/۹۲ برای صفت تعداد پنجه بارور قرار داشت. وراثت‌پذیری خصوصی نیز بین ۰/۱۶ برای صفات ارتفاع بوته و طول سنبله تا ۰/۸۶ برای صفت کلروفیل بود. در آزمایشی فاتحی و همکاران (۸) با انجام تجزیه میانگین نسل‌ها روی صفات گندم نان دامنه وراثت‌پذیری عمومی را بین (۵۴ تا ۸۴ درصد) و دامنه وراثت‌پذیری خصوصی را بین (۲۲ تا ۶۸ درصد) برآورد نمودند. برای عملکرد دانه نیز میزان وراثت‌پذیری عمومی ۰/۵۱ در شرایط تنش و ۰/۸۲ در شرایط بدون تنش برآورد شد. میانگین تعداد ژن کنترل کننده صفات مورد بررسی در شرایط نرمال در این آزمایش از حداقل ۰/۱ برای تعداد دانه در بوته تا حداکثر ۸/۸ برای طول ریشک متغیر بود، همچنین درتیمار تنش، میانگین تعداد ژن کنترل‌کننده صفات مورد بررسی از حداقل ۰/۳ برای وزن هزار دانه تا حداکثر ۸/۸ برای طول ریشک متغیر بود. دانستن این‌که یک صفت با تعداد کمی ژن اصلی و یا تعداد زیادی ژن فرعی کنترل می‌شود، بسیار اهمیت دارد، چون این موضوع می‌تواند راهبرد گزینش را به محقق نشان دهد. تعداد عوامل ژنتیکی در حال تفرق که به وسیله ژنتیک کمی شناسایی می‌گردد بسیار مهم است و در این جا تعداد واحدها (عوامل مؤثر) که در حال تفرق هستند برآورد می‌شوند که الزاماً مشابه با تعداد متفاوت مکان‌های ژنی نمی‌باشند. به‌همین دلیل بهتر است به‌جای تعداد ژن، از اصطلاح تعداد عوامل مؤثر استفاده شود (۲۰). نخجوان و همکاران (۲۴) در مطالعه‌ای که برای بررسی وراثت‌پذیری صفات زراعی جو در شرایط نرمال و تنش خشکی انتهای فصل انجام دادند حداکثر تعداد ژن برای صفات موردبررسی را در تیمار آبیاری کامل و تنش خشکی انتهای فصل به ترتیب از ۱/۵۱ تا ۴/۳۲ برآورد کردند.

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی و آزمون‌های کفایت مدل افزایشی- غالبیت صفات در دو شرایط رطوبتی

Table 2. Genetic parameters and fitness tests for additive-dominant model of traits in both irrigated conditions

صفات	محیط	m	a	d	aa	dd	x^2
طول برگ پرچم	تنش	۱۷/۳۴**	-۲/۵۰**	۱/۱۳			۰/۹۷
	نرمال	۱۷/۱۹**	-۲/۶۸**	۱/۴۶			۰/۹۹
عرض برگ پرچم	تنش	۱/۳۸**	-۰/۱۴**	-۰/۱۴			۱/۰۰
	نرمال	۱/۴۲**	-۰/۱۸**	۰/۴۶**			۱/۰۰
ارتفاع بوته	تنش	۱۱۷/۱۰**	-۱۰/۲۸**	-۸۶/۰۵**	-۲۲/۶۶**	۸۲/۳۶**	-
	نرمال	۹۷/۳۳**	-۱۲/۳۶**	۵/۰۸	-۶/۶۷	۸/۳۷	-
طول سنبله اصلی	تنش	۱۱/۸۳**	-۰/۸۸**	۱/۵۵**	-	-	۱/۰۰
	نرمال	۱۲/۹۰**	-۰/۸۰*	-۰/۲۴			۱/۰۰
وزن سنبله اصلی	تنش	۳/۲۵**	-۰/۶۰**	۰/۹۰**	-	-	۱/۰۰
طول ریشک	تنش	۲/۲۶**	۲/۰۱**	-۱/۳۹**			۰/۷۷
	نرمال	۲/۷۶**	۲/۴۱**	-۲/۴۵**			۰/۷۹
تعداد دانه در بوته	تنش	۵۳۱/۶۰**	-۸۱/۸۱*	۱۵۰/۳۸**	۲۲۴/۶۷**	-	۰/۰۰
تعداد پنجه بارور	تنش	۱۸/۷۰**	-۴/۵۴**	-۱/۸۹*	-	-	۱/۰۰
	نرمال	۲۴/۰۱**	-۴/۹۷**	۰/۰۳	۸/۱۸**	-	۰/۱۴
وزن هزار دانه	تنش	۴۰/۰۳**	-۵/۱۶**	۲/۷۷	-۵/۸۸**	-	۰/۷۸
	نرمال	۴۵/۶۰**	-۵/۲۹**	۸/۶۴**			۰/۹۸

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- اجزای واریانس، متوسط غالبیت ($\bar{d}$)، وراثت‌پذیری عمومی (H^2_b) و خصوصی (H^2_n) و تعداد ژن (n) برای صفات مختلف در دو شرایط رطوبتی

Table 3. Variance components, average dominance ($\bar{d}$), broad sense heritability (H^2_b), narrow-sense heritability (H^2_n) and gene numbers (n) for different traits in both irrigated conditions

صفات	محیط	A	D	E1	E2	$\bar{d}$	H^2_b	H^2_n	n
طول برگ پرچم	تنش	۰	۶۲/۱۰**	۲/۲۰**	۰/۸۸**	-	۸۳/۴۴	-	۳/۵
	نرمال	۳/۳۱^{ns}	۴۰/۳۴**	۴/۴۱**	۱/۰۱**	۳/۴۹	۶۸/۴۳	۹/۶۵	۲/۴
عرض برگ پرچم	تنش	۰/۰۰	۰/۲۵^{ns}	۰/۰۵**	۰/۰۱**	-	۵۲/۳۴	-	۱/۲
	نرمال	۰	۰/۶۹^{ns}	۰/۰۴**	۰/۰۱**	-	۷۶/۴۷	-	۳/۲
ارتفاع بوته	تنش	۱۰۵/۰۰**	۰	۳۲/۷۱**	۱۳/۳۴**	-	۵۳/۲۷	۵۳/۲۷	۲/۴
	نرمال	۳۸/۱۲*	۲۷۶/۲۵**	۲۲/۴۵**	۴/۵۲**	۲/۶۹	۷۶/۵۷	۱۶/۵۶	۲/۲
طول سنبله اصلی	تنش	۰/۴۴^{ns}	۳/۲۹^{ns}	۱/۰۰**	۰/۱۶**	۲/۷۵	۴۷/۳۴	۹/۹۱	۳/۳
	نرمال	۰/۵۷^{ns}	۲/۴۵^{ns}	۰/۷۲**	۰/۰۸**	۲/۰۷	۵۲/۹۴	۱۶/۸۶	۷/۸
وزن سنبله اصلی	تنش	۰	۴/۴۶^{ns}	۰/۳۴*	۰/۰۰	-	۷۳/۴۵	-	۴/۸
طول ریشک	تنش	۲/۵۶**	۰	۰/۸۵**	۰/۰۵**	-	۵۸/۷۲	۵۸/۷۲	۶/۱
	نرمال	۳/۲۸**	۰	۰/۱۷**	۰/۰۲**	-	۸۹/۴۷	۸۹/۴۷	۸/۸
تعداد دانه در بوته	تنش	۳۲۷۶۵/۷۱*	-	۶۳۱۸۴/۹۸**	۶۳۹۹/۵۰**	-	۱۹/۰۶	۱۹/۰۶	۰/۴
تعداد پنجه بارور	تنش	۰	۱۰۱/۳۳**	۱۷/۸۶**	۳/۴۴**	-	۵۴/۳۲	-	۱/۴
	نرمال	۰	۳۳۸/۳۳**	۴/۶۷**	۲/۰۶**	-	۹۲/۶۳	-	۱/۳
وزن هزار دانه	تنش	۲۹/۴۷*	۷۶/۲۷*	۴۳/۳۰**	۶/۸۷**	۱/۶۱	۴۰/۲۵	۱۷/۵۵	۰/۳
	نرمال	۶۲/۴۳*	۲۰۱/۷۸**	۳۳/۸۳**	۶/۳۰**	۱/۸۰	۶۷/۰۵	۲۵/۶۳	۰/۷

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

منابع

1. Amiri-Oghani, H., M. Moghadam, M.R. Ahmadi and S.J. Davari. 2004. Gene Action and Heritability of Drought Stress Tolerance Indices in Rapeseed (*Brassica napus*). Iranian Journal of Agriculture Science, 35: 73-83 (In Persian).
2. Beltrano, J. and M.G. Ronco. 2008. Improved tolerance of wheat plants (*Triticum aestivum* L.) to drought stress and rewatering by the *arbuscular mycorrhizal* fungus Glomus claroideum: effect on growth and cell membrane stability. Brazilian Journal of Plant Physiology, 20: 29-37.
3. Chaudhary, B.D., R.K. Pannu, D.P Singh and P. Singh. 1996. Genetic of metric traits related with biomass partitioning in wheat under drought stress. Annals of Applied Biology, 131: 361-367.
4. Dhanda, S.S. and G.S. Sethi. 1998. Inheritance of excised- leaf water loss and relative water content in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica, 104: 39-47.
5. Erkul, A., A. Unay and Konak, C. 2010. Inheritance of yield and yield components in a bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cross. Turkish Journal of Field Crops, 15: 137-140.
6. Emam, Y. 2003. Cereal Agronomy. 3th edn. Shiraz University. Shiraz, Iran. 190 pp (In Persian).
7. Falconer, D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Longman Group Ltd. London.
8. Fatehi, F., M.R. Behamta and A.A. Zali. 2008. Genetic analysis of quantitative traits in wheat (*Triticum aestivum*), 3 pp (In Persian).
9. Fotukiyan, M., J. Ahmadi and O. Orang. 2009. Genetic analysis of some morphological traits in wheat by generation means analysis under drought stress condition. Iranian Journal of Biology, 22: 431-441 (In Persian).
10. Gamble, P.E. and J.J. Burke. 1984. Effect of water stress on the chloroplast antioxidant system. I Alterations in glutathione reductase activity. Plant Physiolog, 76: 615-621.
11. Geravandi, M., E. Farshadfar and D. Kahrizi. 2011. Evaluation of some physiological traits as indicators of drought tolerance in bread wheat genotypes. Russian Journal of Plant Physiology, 58: 69-75.
12. Gol-Abadi, M., A. Arzani and S.A.M. Mirmohammady Maibody. 2008. Genetic analysis of some morphological traits in durum wheat by generation mean analysis under normal and drought stress conditions. Seed Plant, 24: 99-116 (In Persian).
13. Hallauer, A.R. and J.B. Miranda. 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 pp.
14. Houshmand, S. 2003. The Genetical Analysis of Quantitative Traits. ShahreKord University Publish 462 pp (In Persian).
15. Jinks, J.L. and H.S. Pooni. 1979. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. Heredity, 36: 253-266.
16. Kempthone, O. 1957. An Introduction to Genetic Statistics. John Wiley and Sons Inc, New York.
17. Khattab, S.A.M., R.M. Esmail and M.F. Abd EL-Rahman. 2010. Genetical analysis of some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) New York Science Journal, 3: 152-157.
18. Kearsey, M.T. and H.S. Pooni. 1998. Genetic Analysis of Quantitative Traits. Chapman and Hall. London.
19. Kirigwi, F.M., M. Van Ginkel, G. Brown-Guedira, B.S. Gill, G.M. Paulsen and A.K. Fritz. 2007. Markers associated with a QTL for grain yield in wheat under drought. Molecular Breeding, 20: 401-413.
20. Lande, R. 1981. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. Genetics, 99: 541-553.
21. Mather, K. and L. Jinks. 1982. Biometrical genetics the study of continuous variation. Chapman and Hall. London, 450 pp.
22. Mohseni, M., S.M.M. Mortazavian, H.A. Ramshini, B. Foghi. 2016. Evaluation of Bread Wheat Genotypes under Normal and Post-anthesis Drought Stress Conditions for Agronomic Traits. Journal of Crop Breeding, 8: 16-29 (In Persian).
23. Naghavi, M.R., M. Moghaddam, M. Toorchi and M. Shakiba. 2016. Evaluation of spring wheat Cultivars for Physiological, Morphological and Agronomic Traits under Drought Stress. Journal of Crop Breeding, 8: 64-77 (In Persian).
24. Nakhjavan, S., M.R. Bihamta, F. Darvish, B. Sorkhi and M. Zahravi. 2008. Heritability of some agronomic traits in barely in normal and drought stress conditions. New Findings in Agriculture, 3: 203-222.
25. Pahlavani, M.H., G.H. Saeidi and A.F. Mirlouhi. 2005. Genetic mode controlling seed yield and oil content in local safflower genotypes using generation mean analysis. Journal of Agriculture Science and Natural Resource, 11: 25-34.
26. Roff, D.A. and K. Emerson. 2006. Epistasis and dominance: Evidence for differential effects in life history versus morphological traits. Evolution, 60: 1981-1990.
27. Singh, S. and M.S. Dahiya. 1984. Detection and estimation of component of genetic variation and genotype × environment interaction in three wheat crosses. Journal of Agriculture Science, 103: 543-547.
28. Sultan, M.S., A.H. Abd El-Latif, M.A. Abd El-Moneam and M.N.A. El-Hawary. 2011. Genetic parameters for some yield and yield components characters in four cross of bread wheat under two water regime treatments. Journal of Plant Production, 2: 351-366.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

Genetic Analysis of some Morphological Traits in Wheat using Generation Mean Analysis under Normal and Drought Stress Conditions

Samaneh Ahmadian[1], Seyed Mohammad Mahdi Mortazavian[2], Mohsen Ebrahimi[3], Fatemeh Amini[4], Majid Ghorbani Javid[4] and Behrooz Foghi[5]

1, 3, 4 and 5- Graduated M.Sc., Associate Professor, Assistant Professors and Instructor, College of Aburaihan-University of Tehran
2- Associate Professor, College of Aburaihan-University of Tehran
(Corresponding author: mortazavian@ut.ac.ir)
Received: May 5, 2014 Accepted: July 25, 2015

Abstract

Study of heritability, types of genes action and determination of effective breeding strategy to improve physiological and morphological traits especially under drought stress conditions are very important. For such purpose, an experiment was carried out using the generations of the crosses between two pure lines (Kavir × Roshan) under drought stress and non-stress conditions based on randomized complete block design with three replications in 2012-2013 in the research station of University of Tehran, college of Abouraihan. Analysis of variance of traits showed the significant differences among generations for most of traits in two environmental conditions. In present study, estimate the effects of genes with control important traits in P_1, P_2, F_2 and F_3 generations showed that under drought stress conditions the traits such as main spike length, main spike weight and under non-stress conditions the traits like main spike length and yield, thousand grain weight, three parameters model consist of [m], [a] and [d] was the best fitted model. Other traits such as plant height in non-stress conditions and main spike length and thousand grain weight in both conditions were controlled via over dominance effects of genes and peduncle length was controlled via complete dominance effects of genes. Under stress conditions the broad sense heritability was 19 to 83% for number of grain per plant and flag leaf length, respectively. However, under non-stress conditions the broad sense heritability was between 53% for number of fertile tiller to 93% for main spike length.

Keywords: Drought stress, Generation mean analysis, Genetic analysis, Heritability, Wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]