

بررسی نحوه توارث برخی صفات کمی در جو از طریق تجزیه میانگین نسلها

امین باقی‌زاده^۱، علیرضا طالعی^۲، محمدرضا نقوی^۳ و حسن زینالی خانقاه^۴
۱، ۲، ۳، ۴، دانشجوی دوره دکتری، استاد، استادیار و دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران
تاریخ پذیرش مقاله ۸۲/۱۰/۱۷

خلاصه

به منظور بررسی توارث پذیری و نحوه عمل ژن برای برخی صفات کمی مهم در جو، تلاقی بین دو رقم **Afzal × Radical** صورت گرفت و والدین همراه با نسل های F_1 ، F_2 و F_3 حاصل از تلاقی در شرایط مزرعه و در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شدند. صفات ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد پنجه، وزن هزار دانه، تعداد خوشه، تعداد سنبلچه، عملکرد بیولوژیکی بوته و عملکرد دانه در هر بوته، یادداشت برداری گردیدند. و نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که میانگین مربعات نسلها برای تمامی صفات معنی دار است لذا تجزیه میانگین نسلها برای تک تک صفات صورت گرفت که در کنترل توارث همه صفات، علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت، اثرات ایستازی نیز نقش داشتند. همچنین مشخص شد که واریانس غالبیت بیشترین نقش را در کنترل توارث صفات مورد بررسی به عهده دارد. متوسط توارث پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی بین ۰/۵۵ تا ۰/۸۹ متغیر بود و تعداد ژن برای صفات مذکور حدودا بین ۲ تا ۵ عدد برآورد گردید.

واژه‌های کلیدی: جو، تجزیه میانگین نسلها، آزمون مقیاس مشترک، توارث پذیری عمومی و تعداد ژن

مقدمه

انتخاب مناسب‌ترین روش، جهت نیل به یک هدف به نژادی معین به بافت ژنتیکی توده‌های گیاهی مورد نظر و به ساختار ژنتیکی صفتهایی که باید با این روشها، اصلاح شوند بستگی دارد. در شرایطی که به نژادگر تصمیم دارد چند صفت را به طور همزمان اصلاح کند، ضروری است که برای تصمیم‌گیری در مورد هر یک از صفات اصلاحی ابتدا پارامترهای مربوط به آنها را تخمین بزند و سپس بر اساس اطلاعات موجود، روش مناسب اصلاحی را برگزیند (۱، ۱۲، ۱۳). یکی از بهترین روش‌هایی که برای تعیین پارامترهای ژنتیکی وجود دارد، روش تجزیه میانگین نسلها می‌باشد (۳، ۵، ۱۲). در این روش علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت ژنها، اثرات ایستازی نیز برآورد می‌گردد. در ایران در این زمینه و در مورد گیاه جو کار خاصی صورت نگرفته است، اما تجزیه ژنتیکی برای برخی خصوصیات کمی در ذرت صورت گرفته که برای اکثر صفات، اثرات غالبیت نقش تعیین کننده‌ای

داشته است (۹). در تحقیق دیگری نحوه عمل ژن و وراثت‌پذیری برخی صفات زراعی در سورگوم دانه‌ای مورد بررسی قرار گرفت که توارث پذیری عمومی نسبتا بالایی برای برخی صفات گزارش شد (۲). اما در مورد گیاه جو، تحقیقاتی در دنیا صورت پذیرفته از جمله سان و همکاران (به نقل از ۵) در سال ۱۹۷۲ با استفاده از مدل شش پارامتری پی بردند که عمل ایستازی ژن در وراثت صفت وزن هزار دانه نقش دارد. عملکرد بیولوژیکی و وزن کاه با توارث پذیری عمومی ۰/۶۲ و ۰/۵۳ بیشتر تحت تاثیر واریانس افزایشی و غالبیت می‌باشند (۱۴). با استفاده از تجزیه میانگین نسلها و آزمون مقیاس مشترک مشخص شد که توارث، ظهور سنبله، ارتفاع بوته، شاخص برداشت، عملکرد دانه، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت تحت کنترل اثرات ایستازی قرار دارد (۵). در تحقیق دیگری مشخص گردید که صفات مربوط به سنبله دارای وراثت پذیری عمومی نسبتا بالایی

استفاده شد. در این روش میانگین کلی هر صفت به صورت زیر نشان داده می‌شود.

$$y = m + \alpha[d] + \beta[h] + \alpha^2[i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l]$$

اجزای فرمول عبارتند از y : میانگین یک نسل، m : میانگین تمام نسلها، $[d]$: مجموع اثرات افزایشی، $[h]$: مجموع اثرات غالبیت، $[i]$: مجموع اثرات متقابل بین اثرات افزایشی، $[l]$: مجموع اثرات متقابل بین اثرات غالبیت، $[j]$: مجموع اثرات ضرایب هر یک از پارامترهای مدل می‌باشند، پارامترهای مختلف ژنتیکی با استفاده از نسل‌های P_1, P_2, F_1, F_2, F_3 و با استفاده از روش حداقل توان‌های دوم تخمین زده شدند. از مدل‌های دو، سه، چهار و پنج پارامتری در تبیین میانگین‌های مشاهده شده استفاده گردید. این مدل‌ها به کمک آزمون مقیاس مشترک (χ^2)، مورد بررسی قرار گرفته و بهترین مدل برای هر یک از صفات مشخص گردید (۴، ۱۷). سپس مقادیر واریانس گیاهان F_2 ، یعنی V_{F_2} واریانس میانگین‌های نتاج F_2 یا $V_{\bar{F}_2}$ کوواریانس بوته‌های F_2 و میانگین نتاج F_3 آنها، W_{F_2/F_3} میانگین واریانس‌های نتاج F_3 ، \bar{V}_{F_3} میانگین واریانس نسل‌های تفرق‌ناپذیر E_1 و واریانس میانگین‌های نسل‌های تفرق‌ناپذیر E_2 محاسبه گردیدند و به کمک این مقادیر و با توجه به فرمول‌های زیر:

$$V_{F_2} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E_1$$

$$V_{\bar{F}_2} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{16}H + E_2$$

$$W_{F_2/F_3} = \frac{1}{2}D + \frac{1}{8}H$$

$$\bar{V}_{F_3} = \frac{1}{4}D + \frac{1}{8}H + E_1$$

اجزاء واریانس ژنتیکی و همچنین واریانس اثرات محیطی یعنی مقادیر D, H, E_1, E_2 با ایجاد چهار معادله نرمال، بر طبق روش کمترین توان‌های دوم برای هر صفت برآورد گردیدند (۴، ۱). سپس برای محاسبه توارث پذیری عمومی (h^2_{bs}) از

هستند (۱۱). توارث پذیری عمومی صفات عملکرد بوته، تعداد سنبله در گیاه، تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله بین ۰/۷۸ تا ۰/۸۸ متغیر بود (۱۵). در سال ۱۹۸۳ با استفاده از تجزیه میانگین نسلها و مدل‌های ۵ و ۶ پارامتری همین ماهیت عمل‌زن برای عملکرد و اجزاء آن مورد مطالعه قرار گرفت و مشخص شد که عمل‌ایستازی ژن در کنترل این صفات نقش دارد، علاوه بر این مشخص شد که غالبیت ژن‌ها در کنترل عملکرد و اجزاء عملکرد نقش مهمتری نسبت به اثرات افزایشی ژن‌ها دارند (۵).

در این تحقیق در راستای تعیین روشهای اصلاحی مناسب برای صفات کمی مهم در جو با استفاده از روش تجزیه میانگین نسلها به تخمین و تعیین پارامترهای ژنتیکی-اصلاحی (میزان اثرات غالبیت، میزان اثرات افزایشی و اثرات ایستازی) پرداخته و همچنین میزان توارث‌پذیری عمومی برای هر صفت را تخمین زده و با برآورد تعداد ژن کنترل کننده هر صفت نهایتاً بهترین شیوه اصلاحی را برای هر صفت مشخص کرده و پیشنهاد داده‌ایم.

مواد و روش‌ها

بذر والدین (P_1 و P_2) و نسل‌های F_1, F_2, F_3 مربوط به تلاقی $\text{Radical} \times \text{Afzal}$ در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه زرنند کرمان کشت گردید، به این ترتیب که در هر تکرار ۴۰ ردیف کاشت ۲ متری وجود داشت که شامل ۲ ردیف مربوط به والدین یک ردیف مربوط به F_1 هفت ردیف مربوط به F_2 و ۳۰ ردیف مربوط به F_3 فامیل F_3 بودند و در هر ردیف ۲۰ بذركشت گردید، کلیه مراقبت‌های لازم در طول مرحله داشت صورت پذیرفت و صفات ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد خوشه، تعداد پنجه، تعداد سنبلچه، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیکی هر بوته و عملکرد دانه در بوته یادداشت‌برداری گردید. در ابتدا نسل‌های موجود برای صفات مختلف مورد تجزیه واریانس وزنی قرار گرفتند و با مشاهده تفاوت معنی‌دار در بین نسلها، تجزیه میانگین نسلها برای هر هشت صفت فوق‌الذکر انجام شد. برای تجزیه و تحلیل میانگین نسلها از روش مدر و جینکز (۱۷)

تعداد سنبلچه و ارتفاع بوته مدل پنج پارامتری مشتمل بر m ، $[d]$ ، $[h]$ ، $[i]$ ، $[l]$ بهترین برازش را داشتند. جدول ۳ نشان می‌دهد که برای سه صفت تعداد خوشه، عملکرد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیکی بوته عمدتاً اثرات غالبیت به همراه اثر متقابل افزایشی × افزایشی نقش عمده را در کنترل توارث ایفاء می‌کنند. برای صفات تعداد پنجه، وزن هزار دانه، طول خوشه، تعداد سنبلچه و ارتفاع بوته عمدتاً اثرات غالبیت به همراه اثر متقابل افزایشی × افزایشی و اثر متقابل غالبیت × غالبیت در کنترل توارث نقش دارند. نکته قابل توجه دیگر اینکه در مورد صفات اخیر، اثرات غالبیت $[h]$ و اثرات متقابل غالبیت × غالبیت $[l]$ دارای علامت‌های مخالف بودند، از این رو احتمال وجود اپیستازی از نوع دو گانه^۱ وجود دارد (۸). در همه صفات مورد بررسی مقدار اثر غالبیت $[h]$ از مقدار اثر افزایشی $[d]$ به مراتب بیشتر بود و اگر مدل برازش یافته دارای جزء $[l]$ نیز بوده (پنج صفت) در این موارد اثر متقابل غالبیت × غالبیت نیز از اثر افزایشی $[d]$ به مراتب بزرگتر بوده ضمن اینکه اثرات افزایشی در اکثر صفات غیر معنی‌دار می‌باشد لذا می‌توان نتیجه گرفت در توارث کلیه صفات اثر غالبیت نقش تعیین کننده‌ای دارد و نتیجه ثانویه اینکه برای صفات مورد بررسی گزینش تحت شرایط خود گشنی قابل تثبیت نمی‌باشد (۱، ۴، ۵).

مقادیر واریانس‌ها و کوواریانس‌های مختلف برای تمامی صفات مورد بررسی در جدول ۴ آمده است. مقادیر E_2 ، E_1 ، H ، D برای هر هشت صفت مورد بررسی محاسبه شد که اعداد حاصل در جدول ۵ آورده شده است. جدول ۵ نشان می‌دهد که در کلیه صفات مورد بررسی مقدار واریانس افزایشی از واریانس غالبیت کمتر می‌باشد که این مطلب نشان می‌دهد که گزینش تحت شرایط انتخاب قابل تثبیت نمی‌باشد و انجام هیبریداسیون در جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود.

جدول ۶ برآوردهای توارث‌پذیری عمومی بر مبنای فرمول‌های متفاوت را نشان می‌دهد (۱۰، ۱۶، ۲۱). تقریباً تمامی صفات

روش‌های محمود و کرامر (۱۶)، وارنر (۲۱) و آلارد (۱۰) به ترتیب بر طبق فرمولهای زیر استفاده شد.

$$h^2_{bs} = \frac{V_{F_2} - \sqrt{V_{p_1} \times V_{p_2}}}{V_{F_2}}$$

$$h^2_{bs} = \frac{V_{F_2} - \sqrt{V_{F_1} \times V_{p_1} \times V_{p_2}}}{V_{f_2}}$$

$$h^2_{bs} = \frac{V_{F_2} - \frac{(V_{p_1} + V_{p_2} + V_{F_1})}{3}}{V_{F_2}}$$

در انتها به منظور محاسبه تعداد ژن‌های کنترل کننده هر صفت (n) از روش پانس (۱۸، ۱۹) با فرمول زیر استفاده شد.

$$n = \frac{F_3 \text{ میانگین واریانس‌های ژنتیکی فامیل‌های } F_3}{F_3 \text{ واریانس ژنتیکی واریانس‌های فامیل‌های } F_3}$$

$$= \frac{E_1 - \text{میانگین واریانس‌های فامیل‌های } F_3}{E_2 - \text{واریانس، واریانس‌های فامیل‌های } F_3}$$

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس (جدول ۱) نشان داد که تفاوت معنی داری بین نسل‌های مختلف برای صفات مورد بررسی وجود دارد، لذا تجزیه ژنتیکی و بررسی نحوه توارث برای این صفات امکان پذیر بود.

جدول ۲ میانگین و خطای معیار هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در نسل‌های مختلف را نشان می‌دهد. میزان برتری نتایج نسبت به میانگین والدین، (جدول ۲) می‌تواند مؤید وجود آثار غالبیت در کنترل این صفات باشد.

نتایج تجزیه میانگین برای همه صفات در جدول ۳ ارائه شده است، برای صفات تعداد خوشه، عملکرد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیکی بوته مدل چهار پارامتری مشتمل بر m ، $[d]$ ، $[h]$ ، $[i]$ و برای صفات تعداد پنجه، وزن هزار دانه، طول خوشه،

فرض‌های خاصی دارد از جمله عدم وجود لینکاژ و اثرات اپیستازی و غیره، لذا وجود احتمالی هر یک از موارد فوق، باعث برآورد تعداد کمتر از حد واقع ژن‌های در حال تفرق خواهد گردید (۷،۱).

توارث‌پذیری عمومی نسبتاً بالایی را نشان دادند. تعداد ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت بر طبق روش پانس (۱۸) برآورد شد. که نتایج آن در جدول ۶ آمده است ذکر این نکته ضروری است که از آنجا که برآورد تعداد ژن به روش پانس نیاز به پیش

جدول ۱- میانگین مربعات صفات مختلف در نسل‌های حاصل از تلاقی

منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	تعداد پنجه (گرم)	وزن هزار دانه (گرم)	تعداد خوشه (سانتی‌متر)	طول خوشه (سانتی‌متر)	تعداد سنبلیچه (بوته گرم)	عملکرد بیولوژیکی عملکرد دانه در بوته (گرم)
تکرار	۲	۹۸/۱	۸۹/۶	۲۱/۳	۵۶/۹	۲/۱۱	۱۶/۵	۷۹/۲
نسلها	۴	۱۳۰/۱۱**	۱۹۶۷/۳**	۶۰۶/۱**	۹۹۹**	۸۳/۳۴**	۴۹۲/۶**	۶۱۸۹/۹**
خطای آزمایش	۸	۱۰۱	۷۷/۳	۲۴/۹	۵۲/۴	۱/۸۸	۱۷/۷	۸۷/۶

** : معنی دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۲- میانگین‌ها و خطای معیار صفات در نسل‌های مختلف

نسل	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	تعداد پنجه (گرم)	وزن هزار دانه (گرم)	تعداد خوشه (سانتی‌متر)	طول خوشه (سانتی‌متر)	تعداد سنبلیچه (گرم)	عملکرد بیولوژیکی بوته (گرم)	عملکرد دانه در بوته (گرم)
P ₁	۶۱/۴۵±۳/۲۱	۱۸/۴۱±۴/۲۵	۳۳/۸۵±۲/۰۵	۲۰/۲±۳/۱	۷/۹۷±۰/۸۷	۱۷/۸۳±۴/۶	۶۱/۶۷±۱۱/۱	۲۱/۸۴±۵/۳
P ₂	۵۳/۱۴±۲/۸۹	۲۲/۱±۴/۲۶	۳۰/۵۲±۳/۱۸	۱۶/۷±۲/۸	۶/۹۱±۰/۸۵	۱۴/۱±۴/۹۱	۵۰/۱۵±۱۰/۹	۱۸/۰۹±۶/۲۱
F ₁	۶۰/۱۵±۲/۷۸	۲۷/۴۷±۵/۱	۳۴/۲۱±۳/۲۶	۲۲/۵±۳/۹	۸/۲۹±۰/۹۳	۱۸/۰۸±۵/۵	۷۵/۵۳±۱۲/۵۳	۳۱/۷۳±۵/۸۱
F ₂	۶۳/۱۴±۹/۷۹	۲۵/۶۹±۱۲/۵۹	۳۴/۱±۶/۸۱	۱۸/۶±۹/۸۵	۷/۷۱±۱/۹۶	۱۸±۷/۲۵	۶۲/۷۸±۳۳/۰۵	۲۳/۰۸±۱۴/۰۶
F ₃	۵۶/۱۵±۶/۰۸	۱۸/۶۱±۱۱/۰۴	۲۹/۲۹±۵/۷	۱۴/۱±۶/۵۲	۶/۲۹±۱/۳۳	۱۴/۳۳±۴/۰۵	۴۹/۷۱±۱۹/۸۵	۱۳/۶۵±۸/۶

جدول ۳- برآورد اجرای ژنتیکی مختلف برای صفات مورد بررسی

χ^2	[l]	[j]	[l]	[h]	[d]	m	
۰/۰۰	-۴۵/۲۵±۹/۴۱**	—	۱۳/۷۹±۲/۵۵**	۶۱/۹±۱۱/۶۴**	۴/۱۵±۰/۸۸**	۴۳/۵±۲**	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
۰/۰۰	-۳۳/۰۱±۱۲/۵۸**	—	۱۲/۸۵±۳/۴۸**	۵۳/۰۸±۱۵/۴۰**	-۱/۸۴±۱/۲۲ ^{ns}	۷/۴±۳/۲۵*	تعداد پنجه
۰/۰۰	-۲۵/۳۶±۶/۹۲**	—	۱۰/۸۷±۱/۸۱**	۳۸/۲۶±۸/۳۶**	۱/۶۶±۰/۷۷*	۲۱/۳۱±۱/۷۵**	وزن هزار دانه (گرم)
۱/۹۵۷۳۹	—	—	۷/۲۱±۱/۰۱**	۱۱/۷۵±۱/۵**	۱/۷۵±۰/۸۵*	۱۱/۲۳±۰/۵۵**	تعداد خوشه
۰/۰۰	-۶/۰۲±۱/۹۷**	—	۳/۸۲±۰/۵۴**	۱۰/۲±۲/۳۷**	۱/۰۳±۰/۲۴**	۴/۱۱±۰/۴۹**	طول خوشه (سانتی‌متر)
۰/۰۰	-۱۹/۳۶±۷/۹۸*	—	۰/۷۲±۲/۲۸**	۲۹/۲±۹/۰۸**	۱/۸۶±۱/۳۷**	۸/۲۴±۱/۸۲**	تعداد سنبلیچه
۱/۲۱۴۲۱	—	—	۱۴/۹۹±۳/۶**	۳۵/۷۹±۴/۸۲**	۵/۷۶±۳/۱۷**	۴۰/۹۱±۱/۷۲**	عملکرد بیولوژیکی بوته (گرم)
۲/۵۳۲۹۸	—	—	۱۲/۸۸±۲/۴۹**	۲۶/۷۴±۳/۵۶**	۱/۸۷±۲/۲۹**	۷/۰۸±۱/۱۱**	عملکرد دانه در بوته (گرم)

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

جدول ۴- پارامترهای اندازه‌گیری شده در نسل‌های F₂ و F₃

ارتفاع بوته	تعداد پنجه	وزن هزار دانه	تعداد خوشه	طول خوشه	تعداد سنبلیچه	عملکرد بیولوژیکی بوته عملکرد دانه در بوته
۹۵/۸۴	۱۵۸/۵	۴۶/۴	۹۷/۰۲	۳/۸۴	۵۲/۵۶	۱۹۷/۷
۶۰/۲۱	۴۸/۲	۱۰/۲۵	۳۸/۲۱	۱/۲	۱۲/۲۸	۲۱۱/۲۱
-۱۵/۳۳	-۲/۷۳	-۳/۴۳	-۷/۱۲	۰/۰۲۵	-۶/۴۹	-۲۰/۱۵
۴۴/۲۵	۲۲/۸	۷/۶۳	۱۹/۲۸	۰/۷۶	۹/۸۳	۹۸/۲۹
۸/۷۹	۲۰/۷۳	۸/۳۱	۱۰/۸۸	۰/۷۸	۲۵/۱۷	۱۳۳/۰۱
۱۱/۴۷	۲۳/۸	۷/۱	۷/۸۳	۰/۶۳	۱۹/۸۱	۱۰۵/۸

واریانس F₂(VF₂)
واریانس میانگین نتاج F₃(VF₃)
کوواریانس F₂ با F₃(WF₂/F₃)
میانگین واریانس‌های نتاج F₃(VF₃)
میانگین واریانس نسل‌های تفرق‌ناپذیر (E₁)
واریانس میانگین نسل‌های تفرق‌ناپذیر (E₂)

جدول ۵- اجزاء واریانس برآورد شده برای صفات مختلف

اجزاء	ارتفاع بوته	تعداد پنجه	وزن هزار دانه	تعداد خوشه	طول خوشه	تعداد سنبلچه	عملکرد بیولوژیکی هر بوته	عملکرد دانه در بوته
D	۸۷/۶	-۱۲۲/۴	-۴۳/۷	-۵۶/۴	-۲/۵۱	-۵۶/۰۳	-۱۰۴۵/۱	-۱۷۱/۵
H	۴۹۸/۱	۷۱۳/۹۶	۲۱۶/۸	۳۸۲/۲	۱۵/۴	۲۱۱/۳	۵۳۳۸/۳	۸۸۰/۸
E ₁	۹/۱۷	۸/۴۸	۴/۶۸	۸/۶۶	۰/۴۷	۱۶/۷	۳۳/۸۱	۱۷/۲۸
E ₂	۴۲/۱۱	۴۴/۲۸	۱۲/۸۶	۲۵/۳	۱/۰۵	۲۳/۴۴	۲۵۲/۹	۵۱/۸

جدول ۶- برآورد توارث پذیری عمومی و تعداد ژن برای صفات مختلف

صفات ارتفاع بوته	تعداد پنجه	وزن هزار دانه	تعداد خوشه	طول خوشه	تعداد سنبلچه	عملکرد بیولوژیکی عملکرد دانه در		روش
						هر بوته	بوته	
محمود و کرامر	۰/۹	۰/۸۶	۰/۹۱	۰/۸	۰/۵۷	۰/۸۹	۰/۸۳	
وارنر	۰/۸۷	۰/۸۳	۰/۸۹	۰/۸	۰/۵۳	۰/۸۸	۰/۸۳	
آلارد	۰/۸۷	۰/۸۲	۰/۸۸	۰/۸	۰/۵۲	۰/۸۸	۰/۸۳	
تعداد ژن	۲/۳	۱/۷	۵/۱	۲/۵	۲/۴	۲/۸	۴/۴	۳/۸

REFERENCES

مراجع مورد استفاده

- احمدی، م. ۱۳۷۱. ارزیابی صفات کمی در اصلاح نباتات (ترجمه). انتشارات سازمان تحقیقات کشاورزی، تهران، وزارت کشاورزی.
- رضایی، ع. و س. هوشمند. ۱۳۷۶. نحوه عمل ژن و وراثت پذیری برخی صفات زراعی در ۱۷ تلاقی سورگوم دانه‌ای. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۲۸(۳): ۶۹-۷۸.
- زهراوی، م. ۱۳۷۹. روشهای تعیین مکان ژنهای کنترل کننده صفات کمی (QTL). سمینار ژنتیک جمعیت دوره دکتری اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی کرج دانشگاه تهران.
- طالعی، ع. ۱۳۷۹. مقدمه‌ای بر ژنتیک بیومتریک (ترجمه) انتشارات نشر علوم کشاورزی. ۲۴۹ صفحه.
- فرشاد فر، ع. ۱۳۷۷. کاربرد ژنتیک کمی در اصلاح نباتات. جلد اول انتشارات دانشگاه رازی کرمانشاه ۵۲۷ صفحه.
- قنادها، م. ر. ۱۳۷۷. مطالعه نحوه توارث طول دوره کمون در چهار رقم گندم نسبت به زنگ زرد. مجله علوم زراعی ایران جلد ۱(۱): ۷۱-۵۳.
- نقوی، م.، م. ر. قنادها، ب. یزدی صمدی، و م. ترابی. ۱۳۸۰. نحوه توارث مقاومت به بیماری سفیدک پودری جو در مرحله گیاه بالغ. مجله نهال و بذر جلد ۱۷ شماره ۲: ۱۵۰-۱۴۰.
- نقوی، م.، م. ر. قنادها و ب. یزدی صمدی. ۱۳۸۱. تجزیه ژنتیکی مقاومت به سفیدک سطحی در جو. مجله علوم کشاورزی ایران جلد ۳۳(۲): ۱۹۷-۲۰۴.
- واعظی، ش.، س. عبد میثانی، ب. یزدی صمدی و م. ر. قنادها. ۱۳۷۸. تجزیه ژنتیکی برخی از خصوصیات کمی در ذرت. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳، (۴).

- Allard, R.W. 1960. Principles of plant breeding. John Wiley and Sons. New York.
- Gaj. M. & M. Maluszynski. 1985. Genetic analysis of spike characters of barley mutants. Barley Genetics Newsletter, Vol.15,II. Researchnotes. PP 32-33
- Kang, M.S. 1994. Applied Quantitative Genetics. Baton Rouge, LA 70810-6966 USA
- Kearsey, M. J. & H. S. Pooni. 1996. The Genetical Analysis of Quantitative Traits. Chapman & Hall. London.
- Khalifa, M.A. 1982. The inheritance of harvest index in barley. Barley Genetics Newsletter, Vol.9.II. Reserchnotes PP.52-54

15. Larik, A. S., H. M. I. Hafiz, & Y. A. Al – Saheal. 1987. Genetic analysis of some yeild parameters in barley. *J. Coll. Sci. King Saud Univ.* 18(2): 129-135
16. Mahmud. I. & H.H. Karmer. 1951. Segregation for yeild, height and maturity following a soybean cross. *Agron. J.* 43:605-609
17. Mather, K. & J. L., Jinks. 1982. *Biometrical Genetics*. Methuen, London,162PP.
18. Panse, V.G.1940. Application of genetics to plant breeding. *Genetics* 40: 283-302
19. Thompson, J.N.1975.Quantitative variation and gene number. *Nature* 258:665-668.
20. Vander Veen, J. H. 1995. Tests of non- allelic interaction and linkage for quantitative characters in generation derived from two diploid pure lines. *Genetics* 30:201-232.
21. Warnner, J. N. 1952. A method for estimating heritability- *Agron. J.*44:427-430

An Evaluation of Inheritance for Some Quantitative Traits in Barley Using Generation Mean Analysis

**A. BAGHIZADEH¹, A. TALEEI², M. R. NAGHAVI³
AND H. ZEINALY⁴**

**1, 2, 3, 4, Ph.D. Scholar, Professor, Assistant Professor and Associate Professor,
Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran**

Accepted, Jan. 7, 2004

SUMMARY

In order to evaluate heritability and gene action for some of the important quantitative traits in barley, two cultivars, Afzal and Radical were crossed with each other. Parents with F₁, F₂ and F₃ generations were planted in a randomized complete block design three replications. Plant height, head length, number of tiller, 1000 grain weight, number of heads, number of spikelets, and biological as well as grain yield were recorded. The results obtained from analysis of variance indicated that mean squares in generations were statistically significant for all traits. The generation mean analysis was performed for all traits. The results showed that although, additive, dominance and effects of epistasis were important for all traits but the dominance gene effects were the most important for inheritance of all traits. Average broadsense heritabilities were between 55% and 89% for all traits. The approximate number of genes were estimated to be between two and five.

Key words: Barley, Generation mean analysis, Joint scaling test, Broadsense heritability, Gene number