

مطالعه ژنتیکی عملکرد و برخی صفات زراعی در جو با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها

Genetic Study of Yield and some Agronomic Traits in Barley using Generation Mean Analysis

محمد ضابط^۱، خداداد مصطفوی^۲، حامد کریمی^۳ و منوچهر خدارحمی^۴

۱- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند
۲ و ۳- به ترتیب دانشیار و دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، واحد کرج، دانشگاه آزاد اسلامی، کرج
۴- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۶/۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۱۱/۲۱

چکیده

ضابط، م.، مصطفوی، خ.، کریمی، ح. و خدارحمی، م. ۱۳۹۵. مطالعه ژنتیکی عملکرد و برخی صفات زراعی در جو با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها. مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۳۳: ۱۳۱-۱۰۹.

به منظور مطالعه نحوه توارث صفات کمی مختلف در جو، تلاقی‌های ارقام ریحان × ماکوئی و کویر × ماکوئی مورد بررسی قرار گرفتند. در هر دو تلاقی والدین به همراه نسل‌های F_1 ، F_2 ، BC_1 و BC_2 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج ارزیابی شدند. در طول دوره رشد، از صفات مهم زراعی و عملکرد دانه یادداشت برداری به عمل آمد. نتایج حاصل از تجزیه به واریانس نشان داد که بین نسل‌های مورد نظر از نظر تمامی صفات تفاوت قابل ملاحظه‌ای وجود داشت. تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که در توارث همه صفات علاوه بر اثر افزایشی و غالبیت، انواع اثر اپیستازی نیز نقش داشتند. در هر دو تلاقی در صفات ارتفاع بوته، قطر دانه، قطر ساقه، طول سنبله، طول ریشک، عملکرد دانه و وزن هزار دانه اثر غالبیت سهم بیشتری نسبت به اثر افزایشی داشت. در تلاقی ریحان × ماکوئی برای صفات وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله اثر غالبیت مهم‌تر از اثر افزایشی و در تلاقی کویر × ماکوئی اثر افزایشی مهم‌تر از اثر غالبیت بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی برای صفات قطر ساقه، تعداد دانه در سنبله، طول ریشک، طول سنبله و وزن سنبله و در تلاقی کویر × ماکوئی برای صفات ارتفاع بوته، قطر دانه، قطر ساقه، طول پدانکل، طول ریشک و عملکرد دانه واریانس ژنتیکی افزایشی بیشتر از واریانس غالبیت بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی وزن هزار دانه و در تلاقی کویر × ماکوئی وزن سنبله بیشترین وراثت پذیری عمومی و خصوصی را به خود اختصاص دادند. در این بررسی سه عامل به عنوان عوامل ژنتیکی کنترل کننده عملکرد دانه شناسایی شدند.

واژه‌های کلیدی: جو، تجزیه میانگین نسل‌ها، اثر افزایشی، غالبیت، اپیستازی.

مقدمه

جو به عنوان یک محصول با سازگاری بالا در اکثر مناطق دنیا کشت و کار می‌شود و سطح زیر کشت آن بعد از گندم، برنج و ذرت بیشتر از سایر گیاهان زراعی است (Anonymous, 2013). انتخاب مناسب‌ترین روش برای رسیدن به یک هدف به‌نژادی به بافت ژنتیکی توده گیاهی مورد نظر و به ساختار ژنتیکی صفت‌هایی که باید با این روش‌ها اصلاح شوند بستگی دارد. در شرایطی که به‌نژادگر تصمیم دارد چند صفت را به طور همزمان اصلاح کند، ضروری است که برای تصمیم‌گیری در مورد هر یک از صفات، ابتدا پارامترهای ژنتیکی مربوطه را تخمین زده و سپس بر اساس اطلاعات موجود، روش مناسب اصلاحی را برگزیند (Kang, 1994)؛ یکی از بهترین روش‌هایی که برای تعیین پارامترهای ژنتیکی به کار می‌رود تجزیه میانگین نسل‌ها است. در این روش برای محاسبه اثرهای ژنتیکی از میانگین نسل‌های مختلف استفاده می‌شود و قادر به برآورد اثر متقابل بین مکان‌های ژنی نیز هست (Kearsey and Pooni, 1996). از کاربردهای مهم تجزیه میانگین نسل‌ها می‌توان به بررسی توارث صفات کمی اشاره کرد. در این زمینه و در مورد گیاه جو کارهای اندکی انجام شده است. خلیفه (Khalifa, 1982) گزارش کرد که عملکرد و وزن کاه در جو با توارث‌پذیری عمومی ۰/۶۲ و ۰/۵۳ درصد بیشتر تحت تأثیر

واریانس افزایشی و غالبیت است. سینگ و همکاران (Singh et al., 1997) وراثت عملکرد دانه و اجزای آن را در جو شش ردیفه با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها ارزیابی و نتیجه گرفتند که اثرهای ژنی افزایشی و غیر افزایشی برای صفات تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه مهم است و برای اکثر صفات اپیستازی از نوع مضاعف وجود دارد. پراکش و همکاران (Prakash et al., 2004) نوع عمل ژن را برای صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، مساحت برگ پرچم، تعداد پنجه در گیاه، تعداد دانه در سنبله را بررسی کردند. آزمون مقیاس مشترک حضور اپیستازی را برای تمام صفات در سه تلاقی نشان داد و مشخص کرد که اثرهای افزایشی و غالبیت برای تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، مساحت برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله نقش دارند. در تحقیقی وراثت صفات تعداد روز تا سنبله‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، مساحت برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد پنجه بارور در گیاه، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت مورد بررسی قرار گرفت و نتیجه گرفته شد که در مورد بیشتر صفات اثرهای افزایشی و غالبیت معنی‌دار بوده و جزء غالبیت اهمیت بیشتری نسبت به جزء افزایشی دارد (Kularia and Sharma, 2005). در مطالعه‌ای روی برخی صفات کمی جو مشخص شد که میانگین مربعات نسل‌ها برای

تعداد پنجه، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه در گندم نقش داشتند؛ لیکن اثرهای غالبیت و اپیستازی تأثیر بیشتری در کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه در شرایط تنش خشکی و عملکرد دانه در هر دو شرایط داشتند. بالاترین مقدار وراثت پذیری برای تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال و تعداد پنجه در هر دو شرایط به دست آمد که نشان می‌دهد این صفات توسط اثرهای افزایشی کنترل می‌شوند.

نخجوان و همکاران (Nakhjavan *et al.*, 2008, 2012) با تلاقی بین دو ژنوتیپ مختلف جو و انجام تجزیه میانگین نسل‌ها روی صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، عملکرد دانه در بوته، وزن هزار دانه، شاخص برداشت، تعداد روز تا سنبله‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در دو شرایط نرمال و تنش خشکی نشان دادند که در شرایط آبیاری معمولی توارث بیشتر صفات به جز شاخص برداشت تحت کنترل اثرهای افزایشی، غالبیت و اپیستازی بود. در شرایط تنش خشکی نیز در توارث تمامی صفات اثرهای افزایشی، غالبیت و اپیستازی نقش داشتند. توارث پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی در شرایط آبیاری معمولی و تنش به ترتیب بین ۰/۳۴ تا ۰/۶۳ و ۰/۴۸ تا ۰/۷۷ و توارث پذیری خصوصی به ترتیب بین ۰/۲۵ تا ۰/۵۳ و ۰/۲۹ تا ۰/۶۲ متغیر بود. متوسط تعداد ژن برای صفات مورد بررسی در شرایط آبیاری معمولی بین ۱ تا ۷ ژن و در شرایط تنش خشکی

تمامی صفات معنی‌دار بود. نتایج همچنین نشان داد که در کنترل توارث همه صفات، علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت، اثرهای اپیستازی نیز نقش داشتند. همچنین در کنترل ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد پنجه، وزن هزار دانه، تعداد سنبله، تعداد سنبلچه، عملکرد بیولوژیکی بوته و عملکرد دانه واریانس غالبیت نقش بیشتری را داشت. متوسط توارث پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی بین ۰/۵۵ تا ۰/۸۹ و تعداد ژن برای صفات مذکور بین ۲ تا ۵ عدد متغیر اعلام شد (Baghizadeh *et al.*, 2008). فرشادفر و همکاران (Farshadfar *et al.*, 2008) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک نشان دادند که توارث ظهور سنبله، ارتفاع بوته، شاخص برداشت، عملکرد دانه، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت تحت کنترل اثرهای اپیستازی قرار دادند. در مطالعه انجام شده توسط لاریک و همکاران (Larik *et al.*, 1987) مشخص شد که صفات مربوط به سنبله دارای وراثت پذیری عمومی نسبتاً بالایی هستند. توارث پذیری عمومی صفات عملکرد بوته، تعداد سنبله در گیاه، تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله مقادیر بالایی گزارش شد.

عشقی و همکاران (Eshghi *et al.*, 2010) با تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها نشان دادند که اثرهای افزایشی و غیرافزایشی هر دو در کنترل ژنتیکی صفات ارتفاع بوته، روز تا بلوغ،

بین ۱ تا ۳ ژن متغیر بود.

دستیابی به این هدف از روش‌های مختلفی می‌توان استفاده و پارامترهای ژنتیکی را برآورد کرد که یکی از این روش‌ها تجزیه میانگین نسل‌ها است، لذا این تحقیق برای تعیین خصوصیات ژنتیکی ارقام جو با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها و برآورد اجزای ژنتیکی صفات مختلف در جو، تعیین وراثت‌پذیری صفات کمی مورد بررسی، تفکیک واریانس ژنتیکی به اجزاء مربوطه و برآورد تعداد ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورد بررسی انجام شد.

مواد و روش‌ها

به منظور شناخت نحوه توارث صفات مرتبط با عملکرد در جو از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها، پژوهشی در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج اجرا شد. در سال زراعی ۹۰-۱۳۸۹ سه رقم جوی زراعی ریحان، کویر و ماکوئی به صورت ریحان × ماکوئی و کویر × ماکوئی تلاقی و نتاج F_1 آن‌ها به دست آمد. در سال زراعی ۹۱-۱۳۹۰ نسل‌های F_2 ، BC_1 (ماکوئی × F_1) و BC_2 (ریحان × F_1) و کویر × F_1) این تلاقی‌ها تهیه شد. والدین و نسل‌های به دست آمده در سال بعد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کاشته و ارزیابی شدند. بذر هر کدام از والدین و نتاج F_1 به خاطر دارا بودن همگنی در چهار خط و بذرها F_2 ، BC_1 و BC_2 به خاطر دارا بودن هتروزیگوسیتی هر کدام در شش خط کاشته شدند. برای تمام تیمارها طول خط یک

در بررسی دیگری تجزیه اجزای واریانس ژنتیکی در جو نشان داد که اثرهای غالبیت و افزایشی مهم‌ترین عامل در وراثت‌پذیری طول ساقه و طول میانگره دوم بود. وراثت‌پذیری طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله بسته به نوع تلاقی از غالبیت ناقص تا غالبیت کامل و فوق‌غالبیت متغیر بود (Madic *et al.*, 2009, 2012). پال و کومار (Pal and Kumar, 2009) در مطالعه‌ای نشان دادند که در کنترل ژنتیکی روز تا ۵۰٪ گلدهی، ارتفاع گیاه و تعداد سنبله در سنبله جو اثرهای افزایشی مهم‌تر از اثرهای غالبیت بود. در تمامی صفات مورد مطالعه به استثنای روز تا ۵۰٪ سنبله‌دهی و تعداد پنجه اثرهای غیر افزایشی معنی‌دار بود.

در تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن در جو بدون پوشینه (لخت) مشاهده شد که اثرهای افزایشی ژن‌ها برای ارتفاع بوته، تعداد پنجه و تعداد روز تا بلوغ و اثرهای فوق‌غلبه برای تعداد دانه در سنبله وجود داشت (Eshghi and Akhundova, 2009). ریک‌وار (Raikwar, 2013) ساختار ژنتیکی صفات کمی و کیفی جو را در شرایط خاک‌های شور-قلیایی مورد مطالعه قرار داد. تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که برای تمامی صفات اثر غالبیت و اپیستازی نقش داشتند.

تعیین اثرهای ژن و اجزاء ژنتیکی از عوامل اصلی موفقیت در برنامه‌های به‌نژادی است. برای

مدل‌های دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتری آزمون و بهترین مدل انتخاب شد. تمام مدل‌ها به وسیله آزمون نیکویی برازش با استفاده از آزمون کای اسکوتر با چهار، سه، دو و یک درجه آزادی (آزمون مقیاس وزنی) مورد مقایسه قرار گرفتند (Kearsey and Pooni, 1996)؛ (Mather and Jinks, 1982). برای تکمیل اطلاعات تجزیه واریانس نسل‌ها انجام شد. اجزای واریانس افزایشی، غالبیت، اپیستازی و محیطی به روش حداقل مربعات وزنی طبق روش متر و جینکز به صورت زیر محاسبه شد (Mather and Jinks, 1982):

$$EW = 1/4(V_{P1} + V_{P2} + 2V_{F1})$$

$$D = 4V_{F2} - 2(V_{BC1} + V_{BC2})$$

$$H = 4(V_{BC1} + V_{BC2} - V_{F2} - EW)$$

$$F = V_{BC1} - V_{BC2}$$

در فرمول‌های فوق “EW” جزء غیر ژنتیکی تنوع، “D” جزء افزایشی تنوع، “H” جزء غالبیت تنوع، “F” جزء افزایشی \times غالبیت هستند. مقادیر $(H/D)^{1/2}$ و $F/(D \times H)^{1/2}$ به ترتیب نسبت غالبیت (Dominance ratio) و انحرافات غالبیت (Dominance deviations) در هر مکان ژنی را نشان می‌دهند (Kearsey and Pooni, 1996). میزان توارث‌پذیری عمومی و خصوصی مطابق روش وارنر (Warnner, 1952) برآورد شد:

$$H^2_b = V_{F2} - (\sqrt{V_{P1} \times V_{P2}}) / V_{F2} \quad H^2_n =$$

$$2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2}) / V_{F2}$$

در این فرمول‌ها H^2_b : وراثت‌پذیری

متر، فاصله خطوط ۳۰ سانتی‌متر و عمق کاشت حدود ۴ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. صفات وزن سنبله، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، ارتفاع بوته، طول ریشک، وضعیت ریشک، تعداد دانه در سنبله، شاخص برداشت، قطر ساقه، قطر دانه و عملکرد دانه در نسل‌های مذکور مورد اندازه‌گیری و بررسی قرار گرفتند. پس از جمع‌آوری داده‌ها در ابتدا از نظر یکنواختی واریانس و نرمال بودن داده‌ها مورد بررسی قرار گرفتند. تجزیه واریانس وزنی برای صفات اندازه‌گیری شده انجام شد تا وجود اختلافات بین نسل‌های مختلف آزمون شود. از عکس واریانس میانگین درون هر نسل به عنوان وزن استفاده شد. برای تجزیه میانگین نسل‌ها از مدل سه و شش پارامتری متر و جینکز (Mather and Jinks, 1977) استفاده شد:

$$Y = m + ad + \beta h + \alpha^2 i + 2\alpha\beta j + \beta^2 l$$

در این فرمول Y میانگین یک نسل، m میانگین همه نسل‌ها در یک تلاقی، [d] مجموع اثر افزایشی، [h] مجموع اثر غالبیت، [i] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی، [j] مجموع اثر متقابل بین آثار افزایشی و غالبیت و [l] مجموع اثر متقابل بین آثار غالبیت. $\beta, \alpha, 2\alpha\beta, \alpha^2$ و β^2 حاصل ضرب‌های پارامترهای ژنتیکی هستند. ضرایب اجزاء ژنتیکی از روش مترو جینکز (Mather and Jinks, 1982) گرفته شد. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداقل مربعات وزنی (Weighted Least square) به دست آمد. در این مطالعه هر شش نسل با

عمومی، H^2n : وراثت پذیری خصوصی، V_{F2} واریانس نسل F_2 ، V_{P1} و V_{P2} : واریانس والدین، V_{BC1} و V_{BC2} : واریانس نسل های بک کراس هستند. تعداد ژن های کنترل کننده صفات با روش های مختلف شامل روش کاسل، متر و جینکز (۱۹۸۲) و رایت (Mather and Jinks, 1982; Wright, 1968) برآورد شدند. برای محاسبات مورد نظر از نرم افزارهای SAS، Minitab و Excel استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس وزنی و ضریب تغییرات صفات

مختلف

بر اساس نتایج به دست آمده در این تحقیق (جدول های ۱ و ۲) بین ژنوتیپ های مورد مطالعه در دو تلاقی از نظر تمامی صفات تفاوت معنی داری وجود داشت. وجود تفاوت معنی دار بین تیمارها حاکی از وجود تنوع ژنتیکی در مواد مورد بررسی است. باقی زاده و همکاران (Baghizadeh et al., 2004, 2008) در بررسی انجام شده روی برخی صفات کمی جو، نشان دادند که میانگین مربعات نسل ها برای تمامی صفات معنی دار بود. بررسی ضرایب تغییرات صفات مختلف نشان داد که در تلاقی ریحان × ماکوئی صفات وزن سنبله، طول سنبله و طول پدانکل به ترتیب دارای بیشترین و صفات وزن هزار دانه، قطر دانه و قطر ساقه به ترتیب دارای کمترین ضریب تغییرات بودند. در تلاقی کویر × ماکوئی نیز صفات وزن سنبله و

طول پدانکل دارای بیشترین و صفات وزن هزار دانه، قطر دانه و طول ریشک دارای کمترین ضریب تغییرات بودند. در مجموع وزن سنبله دارای بیشترین و وزن هزار دانه دارای کمترین ضریب تغییرات در دو تلاقی بودند.

نتایج مقایسه میانگین بین نسل های مختلف در دو تلاقی مورد نظر در جدول های ۳ و ۴ ارائه شده است. در تلاقی ریحان × ماکوئی برای تمامی صفات به جز طول ریشک و قطر ساقه بین والدین تفاوت معنی داری وجود داشت. در این تلاقی عملکرد والدین بین ۱۹۶/۳۷ تا ۲۴۷/۲۵ گرم در مترمربع متفاوت بود. در تلاقی کویر × ماکوئی نیز به جز صفات طول پدانکل، قطر ساقه و ارتفاع بوته برای سایر صفات بین والدین تفاوت معنی داری مشاهده شد. در این تلاقی عملکرد دانه از ۲۰۴/۴۳ تا ۲۳۸/۳۵ گرم در مترمربع متفاوت بود.

برآورد اجزای ژنتیکی میانگین های صفات

مختلف

نتایج تجزیه میانگین نسل ها برای کلیه صفات مورد بررسی نشان داد که در دو تلاقی مورد نظر در اکثر صفات علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت، اثرهای متقابل غیر آلی (اپیستازی) نیز در کنترل این صفات نقش دارند (جدول های ۵ و ۶).

ارتفاع بوته و قطر دانه: در دو تلاقی مد نظر

مدل شش پارامتری (d, am, dh, i, j, l) بهترین

جدول ۱- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس وزنی صفات مختلف در تلاقی ارقام جو ریحان × ماکوئی

Table 1. Means of square based on weighted analysis of variance for different traits in Reyhan × Makuei barley cultivars cross

منابع تغییرات	درجه آزادی	عملکرد دانه	وزن هزار دانه	وزن سنبله	طول سنبله	طول ریشک	طول پدانکل	تعداد دانه در سنبله	قطر ساقه	قطر دانه	ارتفاع بوته	
S. O. V.	df.	Kernel yield	100 Kernel weight	Spike weight	Spike length	Awn length	Peduncle length	Kernel number per spike	Stem diameter	Kernel diameter	Plant height	
Block	بلوک	2	4321.3	76.6	5757.5	176.0	5757.5	176.01	56.1	7914.41	88097.0	195.8
Treatment Generations)	تیمار (نسل‌ها)	5	13256.5**	324.9**	376819.0**	4769.6**	376819.0**	4769.64**	26543.2**	2088277.7**	119673933.9**	8658.2**
Error	خطا	10	1232.6	25.2	698.3	70.4	698.3	70.46	55.6	2737.6	62252.3	56.0
CV (%)	درصد ضریب تغییرات		4.6	2.3	15.7	11.8	4.0	10.50	6.6	3.9	3.2	7.4

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

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

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس وزنی صفات مختلف در تلاقی ارقام جو کویر × ماکوئی

Table 2. Means of square based on weighted analysis of variance for different traits in Kavir × Makuei barley cultivars cross

منابع تغییرات	درجه آزادی	عملکرد دانه	وزن هزار دانه	وزن سنبله	طول سنبله	طول ریشک	طول پدانکل	تعداد دانه در سنبله	قطر ساقه	قطر دانه	ارتفاع بوته	
S. O. V.	df.	Kernel yield	100 Kernel weight	Spike weight	Spike length	Awn length	Peduncle length	Kernel number per spike	Stem diameter	Kernel diameter	Plant height	
Block	بلوک	2	3412.6	56.9	4254.3	199.7	2896.0	664.1	33.2	16206.3	11553.2	265.9
Treatment Generations)	تیمار (نسل‌ها)	5	13454.5**	412.8**	231184.1**	364275.4**	682132.7**	5317.2**	17053.4**	1165467.1**	56309143.9**	44999.8**
Error	خطا	10	1132.4	23.1	6654.0	931.3	1894.4	110.3	79.4	5697.6	84734.9	57.6
CV (%)	درصد ضریب تغییرات		5.5	3.1	12.89	5.35	5.09	11.71	8.5	6.13	3.71	5.85

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

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

برخی موارد نیز کاهش سهم اثرهای غلبه ژن‌ها را نسبت به افزایشی نشان می‌دهد (Nakhjavan et al., 2008, 2012)؛ (Eshgi et al., 2010).

وزن سنبله: در تلاقی ریحان × ماکوئی مدل شش پارامتری (m, d, h, i, j, l) و در تلاقی کویر × ماکوئی مدل پنج پارامتری (m, d, h, i, j) بهترین مدل برازش یافته بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی [h] منفی و بزرگتر از [d] مثبت بود، لذا اثرهای افزایشی در جهت افزایش و اثرهای غالبیت در جهت کاهش صفت عمل کرده و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری داشتند. کمتر بودن [i] + [d] نسبت به [h] مؤید تأثیر بیشتر اثرهای غالبیت و نشان دهنده امکان بهبود وزن سنبله در نسل‌های پیشرفته است. متضاد بودن علامت‌های h و l تأکید بر مضاعف بودن اثرهای متقابل و علامت مثبت l و علامت منفی h نشان‌دهنده مغلوب بودن آلل‌های افزایشی و وزن سنبله است. منفی و بالاتر بودن [l] + [h] نسبت به [i] + [-d] نشان از هتروزیس مثبت دارد، به عبارت دیگر هتروزیس باعث افزایش وزن سنبله دانه شده است. در تلاقی کویر × ماکوئی [d] + [i] بزرگتر از [h] بود. این امر مؤید تأثیر بیشتر اثرهای افزایشی نسبت به غالبیت است و لذا امکان اصلاح صفت در نسل‌های اولیه وجود دارد. از دو تلاقی مذکور چنین بر می‌آید که بسته به نوع تلاقی نوع کنترل ژنتیکی صفت تغییر کرده و گاهی اثرهای افزایشی و گاهی اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری دارند. در مطالعه

مدل برازش یافته بود. [h] منفی و بزرگتر از [d] مثبت بود، لذا اثرهای افزایشی در جهت افزایش و اثرهای غالبیت در جهت کاهش صفات عمل کردند و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری داشتند. کمتر بودن [i] + [d] نسبت به [h] مؤید تأثیر بیشتر اثرهای غالبیت و نشان دهنده امکان بهبود ارتفاع بوته و قطر دانه در نسل‌های پیشرفته می‌است. متضاد بودن علامت h و l نشان دهنده مضاعف بودن اثرهای متقابل و علامت مثبت l و علامت منفی h نشان دهنده مغلوب بودن آلل‌های افزایشی صفات است. بزرگتر بودن [h] نسبت به [d] نشان‌دهنده هتروزیس و منفی و بالاتر بودن [l] + [h] نسبت به [-d] + [i] نشان دهنده هتروزیس مثبت است. به عبارت دیگر هتروزیس باعث افزایش ارتفاع بوته و قطر دانه شده است. لازم به ذکر است که با استفاده از میانگین نسل‌ها امکان ندارد تا هم جهت غالبیت و هم درجه ارتباط بین ژن‌ها را مشخص کنیم، از این‌رو امکان ندارد تا نقطه دقیق هتروزیس را مشخص کرد. مثبت بودن [l] در هر دو صفت نشان می‌دهد که غالبیت در تمامی مکان‌های ژنی هم‌سو بوده است. مطالعات متعددی نشان داده است که در کنترل ژنتیکی ارتفاع بوته علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت، اثرهای اپیستازی نیز نقش دارد و اثرهای غالبیت نسبت به افزایشی برتری دارد (Eshgi and Akhundova, 2009)؛ (Farshadfar et al., 2008)؛ (Raikwar, 2013)؛ (Baghizadeh et al., 2004). نتایج مطالعات در

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مختلف در نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی ارقام جو ریحان × ماکوئی

Table 3. Mean comparison of different traits in different generations of Kavir × Makuei barley cultivars cross

نسل‌ها Generations	عملکرد دانه Kernel yield (gm ⁻²)	وزن هزار دانه 1000 Kernel weight (g)	وزن سنبله Spike weight (g)	طول سنبله Spike length (cm)	طول ریشک Awn length (cm)	طول پدانکل Peduncle length (cm)	تعداد دانه در سنبله Kernel number per spike	قطر ساقه Stem diameter (mm)	قطر دانه Kernel diameter (mm)	ارتفاع بوته Plant height (cm)
P1	196.37b	29.37b	2.42a	20.81d	13.34abc	25.99a	55.81c	3.73c	3.32a	96.69a
P2	247.25a	34.32a	2.02b	21.98c	12.88c	23.16b	65.38ab	3.95bc	3.05c	81.79d
F1	217.28ab	33.23a	2.33ab	23.27ab	13.79a	21.21b	65.73ab	4.37a	3.31a	85.26c
F2	221.65ab	31.27ab	2.32ab	21.13d	12.61c	21.87b	62.58b	3.86bc	3.26a	89.43b
BC1	235.45ab	33.21a	2.03b	23.68a	13.66ab	21.87b	67.61a	4.29a	3.14b	79.79d
BC2	211.26b	33.78a	2.16ab	22.80b	13.03bc	23.17b	64.61ab	3.99b	3.07bc	81.05d

In each column means with similar letters are not significantly different.

در هر ستون میانگین‌هایی که حداقل دارای یک حرف مشترک هستند تفاوت معنی‌داری ندارند.

جدول ۴- مقایسه میانگین صفات مختلف در نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی ارقام جو کویر × ماکوئی

Table 4. Mean comparison of different traits in different generations of Kavir × Makuei barley cultivars cross

نسل‌ها Generations	عملکرد دانه Kernel yield (gm ⁻²)	وزن هزار دانه 1000 Kernel weight (g)	وزن سنبله Spike weight (g)	طول سنبله Spike length (cm)	طول ریشک Awn length (cm)	طول پدانکل Peduncle length (cm)	تعداد دانه در سنبله Kernel number per spike	قطر ساقه Stem diameter (mm)	قطر دانه Kernel diameter (mm)	ارتفاع بوته Plant height (cm)
P1	204.43b	31.24b	2.48a	16.83d	11.23c	18.05b	60.28c	4.01b	3.38a	83.64ab
P2	238.35a	34.64a	2.02b	21.98b	12.88b	17.94b	65.38a	3.95b	3.04d	81.79b
F1	223.32ab	32.67ab	2.16b	23.12a	13.77a	21.76a	63.72ab	4.45a	3.22b	84.41ab
F2	231.76a	32.87ab	2.09b	20.51c	12.57b	19.74b	63.82ab	3.91b	3.26b	85.80a
BC1	215.27ab	34.25a	2.11b	21.45b	13.48a	18.49b	61.62bc	4.25a	3.12c	72.36c
BC2	212.37ab	32.12ab	2.15b	22.94a	13.58a	18.77b	63.93ab	4.43a	3.08cd	82.31ab

In each column means with similar letters are not significantly different.

در هر ستون میانگین‌هایی که حداقل دارای یک حرف مشترک هستند تفاوت معنی‌داری ندارند.

شدن آثار مثبت و منفی در مکان‌های ژنی متفاوت باشد. نتایج حاصل از هر دو تلاقی بیانگر تاثیر بیشتر جزء غالبیت در کنترل ژنتیکی صفت بود.

تعداد دانه در سنبله: در تلاقی

ریحان × ماکوئی مدل شش پارامتری (m, d, h, l, e, j, l) و در تلاقی کویر × ماکوئی مدل دو پارامتری (m و d) بهترین مدل برازش یافته بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی [h] مثبت و بزرگتر از [d] منفی بود، لذا اثرهای افزایشی در جهت کاهش و اثرهای غالبیت در جهت افزایش صفت عمل کرده و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری داشتند. [d] + [i] به مقدار قابل توجهی کمتر از [h] و مؤید تأثیر بیشتر اثرهای غالبیت نسبت به افزایشی بود و نشان دهنده امکان بهبود تعداد دانه در سنبله در نسل‌های پیشرفته است. مثبت و بزرگتر بودن [h] + [l] نسبت به [-d] + [i] حاکی از هتروزیس منفی است. علامت منفی I بیانگر متفاوت بودن غالبیت (منفی یا مثبت) در مکان‌های ژنی است. در تلاقی کویر × ماکوئی وجود تنها جزء [d] و منفی بودن آن نشانگر غالب بودن آلل‌های کاهش دهنده و تأثیر بیشتر این جزء در کنترل ژنتیکی صفت است. با در نظر گرفتن هر دو تلاقی می‌توان نتیجه گرفت که هر دو جزء افزایشی و غالبیت اهمیت یکسانی دارند. پراکش و همکاران (۲۰۰۴) نشان دادند که تعداد دانه در سنبله علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت، تحت تأثیر اثرهای اپیستازی نیز قرار دارد. نتایج به دست آمده از تلاقی

باقی‌زاده و همکاران (۲۰۰۸) مدل چهار پارامتری (m, d, h, l) بهترین مدل برای وزن سنبله تشخیص داده شد و همانند تلاقی کویر × ماکوئی اثرهای غالبیت نقش پررنگ تری نسبت به افزایشی داشت.

قطر ساقه: در هر دو تلاقی مدل شش

پارامتری (m, d, h, l, e, j, l) بهترین مدل برازش یافته بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی [h] مثبت و بزرگتر از [d] منفی بود، لذا اثرهای افزایشی در جهت کاهش و اثرهای غالبیت در جهت افزایش صفت عمل کرده‌اند و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری دارند. در تلاقی کویر × ماکوئی [h] مثبت و بزرگتر از [d] بود، لذا اثرهای افزایشی و غالبیت هر دو در جهت افزایش صفت و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری دارند. در هر دو تلاقی کمتر بودن [d] + [i] نسبت به [h] مؤید تأثیر بیشتر اثرهای غالبیت و نشان دهنده امکان بهبود قطر ساقه در نسل‌های پیشرفته است. متضاد بودن علامت‌های h و l نشان دهنده مضاعف بودن اثرهای متقابل و علامت مثبت h و علامت منفی l نشان دهنده غالب بودن آلل‌های افزایشی صفت است. مثبت و بزرگتر بودن [h] + [l] نسبت به [-d] + [i] نشان دهنده هتروزیس منفی است، یعنی هتروزیس باعث کاهش قطر ساقه شده است. علامت منفی I بیانگر متفاوت بودن غالبیت (منفی یا مثبت) در مکان‌های ژنی است. اثر متقابل افزایشی × غالبیت در تلاقی کویر × ماکوئی معنی دار نشده است که این موضوع ممکن است به علت خنثی

جدول ۵- برآورد اجزای ژنتیکی میانگین‌ها برای صفات مختلف در تلاقی ارقام جو ریحان × ماکویی

Table 5. Genetic components estimated for means of different traits in Reyhan × Makuei barley cultivars cross

صفت Trait	میانگین Mean (m)	اثر افزایشی Additive effect [d]	اثر غالبیت Dominant effect [h]	اثر افزایشی × افزایشی Additive × additive effect [i]	اثر افزایشی × غالبیت Additive × dominant effect [j]	اثر غالبیت × غالبیت Dominant × dominant effect [l]	کای اسکوئر Chi square (χ ²)
ارتفاع بوته Plant height (cm)	125.33±3.6**	7.45±0.69**	-107.96±9.10**	-36.09±3.60**	-17.43±2.60**	72.33±5.60**	0.00 ^{ns}
قطر دانه Kernel diameter (mm)	3.75±0.09**	0.17±0.01**	-1.52±0.22**	-0.59±0.08**	-0.23±0.06*	1.01±0.14**	0.00 ^{ns}
قطر ساقه Stem diameter (mm)	2.71±0.23**	-0.11±0.04 ^{ns}	2.96±0.59**	1.13±0.23**	0.82±0.18**	-1.29±0.38*	0.00 ^{ns}
تعداد دانه در سنبله Kernel number per spike	46.48±3.10**	-4.78±0.53**	45.14±7.90**	14.12±3.11**	15.56±2.30**	-25.89±5.10**	0.00 ^{ns}
طول پدانکل Peduncle length (cm)	22.89±0.99**	4.05±0.41**	-1.35±1.40 ^{ns}	-0.75±1.10 ^{ns}	-10.75±1.60**	-	3.15 ^{ns}
طول ریشک Awn length (cm)	10.13±0.72**	0.27±0.09*	6.24±1.70*	2.94±0.72**	0.74±0.47 ^{ns}	-2.58±1.10 ^{ns}	0.00 ^{ns}
طول سنبله Spike length (cm)	12.97±0.74**	-0.59±0.12**	22.36±1.80**	8.43±0.73**	2.94±0.51**	-12.06±1.20**	0.00 ^{ns}
وزن سنبله Spike weight (g)	3.12±0.29**	0.20±0.04**	-2.46±0.72*	-0.90±0.29*	-0.66±0.19*	1.61±0.45*	0.00 ^{ns}
وزن هزار دانه 1000 Kernel weight (g)	32.24±0.64**	2.23±0.56**	4.45±2.10**	3.22±2.4**0	-4.34±3.20**	-	1.23 ^{ns}
عملکرد دانه Kernel yield (gm ⁻²)	202.24±3.20**	-3.5±1.20**	12.24±4.80**	5.32±3.6**0	-10.25±3.30**	-	0.00 ^{ns}

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪؛ ns: غیر معنی‌دار؛ -: عدم کنترل صفت توسط این اثر است.

* and **: Significant in 5% and 1% probability levels, respectively; ns: Not significant; -: Do not control trait with this effect.

جدول ۶- برآورد اجزای ژنتیکی میانگین‌ها برای صفات مختلف در تلاقی ارقام جو کویر × ماکوئی
 Table 6. Genetic components estimated for means of different traits in Kavir× Makuei barley cultivars cross

Trait	صفت	میانگین Mean (m)	اثر افزایشی Additive effect [d]	اثر غالبیت Dominant effect [h]	اثر افزایشی × افزایشی Additive × additive effect [i]	اثر افزایشی × غالبیت Additive × dominant effect [j]	اثر غالبیت × غالبیت Dominant × Dominant effect [l]	کای اسکوئر Chi Square (χ^2)
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	116.60±3.22**	0.93±0.66 ^{ns}	-91.01±7.97**	-33.89±3.15**	-21.77±2.36**	58.82±5.00**	0.00
Kernel diameter (mm)	قطر دانه	3.81±0.08**	0.21±0.01**	-1.61±0.21**	-0.62±0.08**	-0.34±0.06**	1.02±0.14**	0.00
Stem diameter (mm)	قطر ساقه	2.22±0.23**	0.03±0.05 ^{ns}	4.51±0.58**	1.76±0.23**	-0.44±0.17 ^{ns}	-2.27±0.38**	0.00
Kernel number per spike	تعداد دانه در سنبله	63.14±0.31**	-2.52±0.50**	-	-	-	-	2.26 ^{ns}
Peduncle length (cm)	طول پدانکل	17.82±0.24**	0.02±0.32 ^{ns}	2.19±1.25 ^{ns}	-	-	1.38±1.38 ^{ns}	5.82 ^{ns}
Awn length (cm)	طول ریشک	8.23±0.49**	-0.83±0.09**	11.84±1.23**	3.83±0.48**	1.44±0.36*	-6.30±0.78**	0.00
Spike length (cm)	طول سنبله	12.04±0.91**	-1.99±0.13**	22.78±2.25**	6.78±0.90**	1.00±0.62 ^{ns}	-11.71±1.41**	0.00
Spike weight (g)	وزن سنبله	2.00±0.11**	0.23±0.04**	0.14±0.15 ^{ns}	0.24±0.12 ^{ns}	-0.69±0.17*	-	1.21 ^{ns}
1000 Kernel weight (g)	وزن هزار دانه	36.24±0.45**	-3.25±0.67**	6.65±1.70**	-	5.54±3.20**	-6.34±2.40**	1.23 ^{ns}
Kernel yield (gm ⁻²)	عملکرد دانه	205.34±1.40**	-2.5±0.89**	14.54±5.23**	-	-	-12.43±4.32**	0.00 ^{ns}

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪؛ ns: غیر معنی‌دار؛ -: عدم کنترل صفت توسط این اثر است.

* and **: Significant in 5% and 1% probability levels, respectively; ns: Not significant; -: Do not control trait with this effect.

(۲۰۰۸) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها و آزمون مقیاس مشترک نشان دادند که توارث طول سنبله علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت تحت کنترل اثرهای اپیستازی قرار دارد. باقی‌زاده و همکاران (۲۰۰۸) مدل پنج پارامتری (m, d, i, j) را بهترین مدل برازش یافته، و اپیستازی مضاعف را در کنترل ژنتیکی این صفت موثر دانستند. مطالعات متعددی نتایج صفت موثر را تأیید کرده و نشان داده است که برای این صفات اثرهای غالبیت مهم‌تر از افزایشی هستند (Baghizadeh *et al.*, 2008). Kularia and Sharma, 2005). نتایج به دست آمده با مطالعات نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) و (۲۰۱۲) مغایرت دارد.

طول ریشک: در هر دو تلاقی مدل شش پارامتری (m, d, h, i, j, l) بهترین مدل برازش یافته بود. پارامتر [h] مثبت، بزرگتر و هم‌علامت با [d] است، لذا اثرهای افزایشی و غالبیت هر دو در جهت افزایش صفت عمل کرده و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری داشتند. متضاد بودن علامت‌های h و l حاکی از مضاعف بودن اثرهای متقابل و علامت مثبت h و علامت منفی l نشان دهنده غالب بودن آلل‌های افزایشی طول ریشک است. مثبت و بالاتر بودن مقادیر [h]+[l] نسبت به [-d]+[i] نشان دهنده هتروزیس منفی است و این هتروزیس باعث کاهش طول ریشک شده است. علامت منفی l بیانگر متفاوت بودن غالبیت (منفی یا مثبت) در مکان‌های ژنی است. در تلاقی ریحان × ماکوئی

ریحان × ماکوئی با نتایج کولاریا و شارما (Kularia and Sharma, 2005)، مصطفوی و همکاران (Mostafavi *et al.*, 2004) عشقی و همکاران (Eshghi *et al.*, 2010) و ریک‌وار (Raikwar, 2013) مطابقت دارد. عشقی و آخوندوف (۲۰۰۹) با تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن در جوی لخت به این نتیجه رسیدند که اثرهای فوق غلبه برای تعداد دانه در سنبله وجود دارد.

طول سنبله: در هر دو تلاقی مدل شش پارامتری (m, d, h, i, j, l) بهترین مدل برازش یافته بود. مقدار [h] مثبت، بزرگتر و دارای علامت مخالف [d] داشت، لذا اثرهای افزایشی در جهت کاهش و اثرهای غالبیت در جهت افزایش صفت عمل کرده و اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری داشتند. کمتر بودن [d] + [i] نسبت به [h] نشان دهنده تأثیر بیشتر اثرهای غالبیت نسبت به افزایشی و نشان دهنده امکان بهبود افزایش طول سنبله در نسل‌های پیشرفته است. متضاد بودن علامت‌های h و l نشان دهنده مضاعف بودن اثرهای متقابل و مخالف بودن علامت h و l نشان دهنده غالب بودن آلل‌های افزایشی طول سنبله است. مثبت و بیشتر بودن [h]+[l] نسبت به [-d]+[i] نشان دهنده هتروزیس منفی است، یعنی هتروزیس باعث کاهش طول سنبله شده است. علامت منفی l بیانگر متفاوت بودن غالبیت (منفی یا مثبت) در مکان‌های ژنی است. در هر دو تلاقی اثرهای غالبیت تأثیر بیشتری نسبت به افزایشی داشتند. فرشادفر و همکاران

جهت مثبت و در راستای افزایش صفت عمل کرده است. با توجه به هر دو تلاقی هم اثرهای افزایشی و هم غالبیت در کنترل ژنتیکی صفت اهمیت دارند. گل آبادی و همکاران (Golabadi *et al.*, 2008) مدل چهار پارامتری (m, d, h, i) و اهمیت بیشتر واریانس غالبیت نسبت به افزایشی و فروزانفر و همکاران (Forozanfar *et al.*, 2009) دو مدل چهار پارامتری (m, d, h, i) و (m, d, h, j) و اهمیت یکسان واریانس غالبیت و افزایشی را برای طول پدانکل در گندم گزارش کردند.

عملکرد دانه: در تلاقی ریحان × ماکوئی مدل پنج پارامتری (m, d, h, i, j) و در تلاقی کویر × ماکوئی مدل چهار پارامتری (m, d, h, i) بهترین مدل برازش یافته بود. در هر دو تلاقی [d] کمتر از [h] و [i] + [d] کمتر از [h] بود و لذا جزء غالبیت تاثیر بیشتری از جزء افزایشی داشت. منفی بودن l بیانگر متفاوت بودن غالبیت (منفی یا مثبت) در مکان‌های ژنی کنترل کننده عملکرد دانه در تلاقی کویر × ماکوئی است. با توجه به اهمیت بیشتر جزء غالبیت امکان اصلاح عملکرد دانه در نسل‌های پیشرفته و با تولید هیبرید میسر است. فرشادفر (۲۰۰۸) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که توارث عملکرد دانه علاوه بر اثرهای افزایشی و غالبیت تحت کنترل اثرهای اپیستازی قرار دارد. پراکش و همکاران (۲۰۰۵) نشان دادند که در کنترل عملکرد دانه اثرهای غالبیت اهمیت بیشتری از اثرهای افزایشی و اثرهای افزایشی × افزایشی

اثرهای متقابل غیر آلی (j و l) غیر معنی دار است که علت این امر به خاطر خنثی کردن اثرهای مثبت و منفی با یکدیگر است. در هر دو تلاقی اثرهای غالبیت نقش پررنگ تری نسبت به اثرهای افزایشی داشتند. پراکش و همکاران (۲۰۰۵) نشان دادند که در کنترل طول ریشک اثرهای غالبیت اهمیت بیشتری از اثر افزایشی و اثرهای افزایشی × افزایشی × غالبیت × افزایشی دارد. باقی‌زاده و همکاران (۲۰۰۴) در بررسی انجام شده بر روی برخی صفات کمی جو نشان دادند که اپیستازی نقشی در کنترل صفت طول ریشک ندارد.

طول پدانکل: در تلاقی ریحان × ماکوئی مدل پنج پارامتری (m, d, h, i, j) و در تلاقی کویر × ماکوئی مدل چهار پارامتری (m, d, h, i) بهترین مدل برازش یافته بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی مثبت بودن [d] و منفی بودن [h] نشان می‌دهد که غالبیت در جهت کاهش و جزء افزایشی در جهت افزایش طول پدانکل عمل می‌کند. بالاتر بودن [d] نسبت به [h] و [i] + [d] نسبت به [h] حاکی از تاثیر به سزای اثرهای افزایشی نسبت به غالبیت بود، لذا در این صفت گزینش در شرایط خودگشنی قابل تثبیت است. در تلاقی کویر × ماکوئی معنی دار نشدن [d] و [h] و بالا بودن مقدار [h] نسبت [d] نشان دهنده نقش بیشتر اثرهای غالبیت و بهتر بودن گزینش در نسل‌های دیرتر است. مثبت بودن [l] نشان می‌دهد که غالبیت در تمامی مکان‌های ژنی در

برآورد اجزای واریانس صفات مختلف

در هر دو تلاقی عملکرد دانه بیشترین مقدار واریانس‌های افزایشی (D) و اثر متقابل ل افزایشی \times غالبیت (F) را به خود اختصاص داد. در تلاقی ریحان \times ماکوئی بیشترین مقدار واریانس غالبیت (H) را عملکرد دانه، بیشترین مقدار واریانس محیطی (E) را ارتفاع بوته، بیشترین نسبت غالبیت $((H/D)^{1/2})$ و انحرافات غالبیت $(F/(D \times H)^{1/2})$ را وزن هزار دانه به خود اختصاص دادند. در تلاقی کویر \times ماکوئی بیشترین مقدار واریانس غالبیت (F) و محیطی (E) را تعداد دانه در سنبله، بیشترین نسبت غالبیت $((H/D)^{1/2})$ را عملکرد دانه (۱۰/۲۲) و بیشترین انحرافات غالبیت $(F/(D \times H)^{1/2})$ را طول ریشک (۰/۸۵) به خود اختصاص دادند (جدول‌های ۷ و ۸).

در تلاقی ریحان \times ماکوئی در صفات قطر ساقه، تعداد دانه در سنبله، طول ریشک، طول سنبله، و وزن سنبله و در تلاقی کویر \times ماکوئی در صفات ارتفاع بوته، قطر دانه، قطر ساقه، طول پدانکل، طول ریشک و عملکرد دانه مقدار پارامتر D (واریانس ژنتیکی افزایشی) بیشتر از مقدار H (واریانس غالبیت) بود. مقدار D مجموع مربعات انحراف دو هوموزیگوت را از نقطه میانی والدین در لوکوس مورد نظر نشان می‌دهد، این نوع از تنوع قابل تثبیت است. تنوع قابل تثبیت تکامل لاین‌های اصلاحی را در گیاهان خودگشن امکان پذیر می‌سازد. با توجه به این که $D > H$ است، لذا تفاوت

اهمیت بیشتری از اثرهای غالبیت \times غالبیت و غالبیت \times افزایشی دارد. نتایج این مطالعه با نتایج باقی‌زاده و همکاران (۲۰۰۸)، عشقی و همکاران (۲۰۱۰)، نخجوان و همکاران (۲۰۱۲ و ۲۰۰۸) و ریک‌وار (۲۰۱۳) مطابقت دارد و بر خلاف نتایج عشقی و آخوندوف (۲۰۰۹) است.

وزن هزار دانه: در تلاقی ریحان \times ماکوئی

مدل پنج پارامتری (j, i, h, d, m) و در تلاقی کویر \times ماکوئی مدل پنج پارامتری (j, i, h, d, m) بهترین مدل برازش یافته بود. در تلاقی ریحان \times ماکوئی کمتر بودن [d] نسبت به [h] حاکی از تاثیر بیشتر اثرهای غالبیت نسبت به افزایشی بود. در تلاقی کویر \times ماکوئی منفی و کمتر بودن [d] نسبت به [h] مثبت نشان می‌دهد که جزء غالبیت با اهمیت‌تر از جزء افزایشی و در جهت افزایش صفت است. [d] نسبت به [h] و [i] + [d] نسبت به [h] کمتر بود و این نشان‌دهنده تأثیر بالای اثرهای غالبیت نسبت به افزایشی بود، لذا در این صفات گزینش در شرایط خودگشنی قابل تثبیت نیست. در هر دو تلاقی جزء غالبیت اهمیت بیشتری داشت. نتایج به دست آمده از این تحقیق با نتایج پراکش و همکاران (۲۰۰۵)، کولاریا و شارما (۲۰۰۵) و نخجوان و همکاران (۲۰۱۲ و ۲۰۰۸) تطابق دارد. مدیک و همکاران (۲۰۱۲ و ۲۰۰۹) اثر ژن را برای وزن دانه بسته به نوع تلاقی از غالبیت ناقص تا غالبیت کامل و فوق غالبیت متغیر برآورد کرد.

جدول ۷- اجزای واریانس در نسل‌های مورد بررسی برای صفات مختلف در تلاقی ارقام جو ریحان × ماکوئی

Table 7. Variance components in investigated generations for different traits of Reyhan × Makuei barley cultivars cross

Trait	صفت	واریانس افزایشی Additive variance (D)	واریانس غالبیت Dominant variance (H)	اثر متقابل اجزای افزایشی و غالبیت Additive × dominant effect (F)	واریانس محیطی Environment variance (E)	نسبت غالبیت Dominant ratio (H/D) ^{1/2}	انحرافات غالبیت Dominant deviations F/(D×H) ^{1/2}
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	14.95	17.03	1.80	70.91	1.07	0.11
Kernel diameter (mm)	قطر دانه	0.01	0.01	0.00	0.04	1.00	0.00
Stem diameter (mm)	قطر ساقه	0.08	0.02	-0.01	0.32	0.50	-0.25
Kernel number per spike	تعداد دانه در سنبله	12.77	10.98	0.61	46.36	0.93	0.05
Peduncle length (cm)	طول پدانکل	4.52	5.98	1.68	25.57	1.15	0.32
Awn length (cm)	طول ریشک	2.44	0.36	0.06	1.53	0.39	0.06
Spike length (cm)	طول سنبله	1.95	0.11	-0.02	2.34	0.24	-0.04
Spike weight (g)	وزن سنبله	0.48	0.02	0.02	0.23	0.20	0.20
1000 Kernel weight (g)	وزن هزار دانه	7.53	13.34	4.34	5.78	3.43	0.43
Kernel yield (gm ⁻²)	عملکرد دانه	23.25	43.14	-12.11	23.32	2.56	-0.38

جدول ۸- اجزای واریانس در نسل‌های مورد بررسی برای صفات مختلف در تلاقی ارقام جو کویر × ماکوئی

Table 8. Variance components in investigated generations for different traits of Kavir × Makuei barley cultivars cross

Trait	صفت	واریانس افزایشی Additive Variance (D)	واریانس غالبیت Dominant variance (H)	اثر متقابل اجزای افزایشی و غالبیت Additive × dominant effect (F)	واریانس محیطی Environment Variance (E)	نسبت غالبیت Dominant ratio (H/D) ^{1/2}	انحرافات غالبیت Dominant deviations F/(D×H) ^{1/2}
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	18.70	7.89	-4.31	54.30	0.65	-0.35
Kernel diameter (mm)	قطر دانه	0.02	0.01	0.01	0.04	0.70	0.71
Stem diameter (mm)	قطر ساقه	0.04	0.04	0.00	0.34	1.00	0.00
Kernel number per spike	تعداد دانه در سنبله	10.91	19.39	-0.56	59.89	1.34	-0.04
Peduncle length (cm)	طول پدانکل	9.47	6.36	-0.45	19.90	0.82	-0.06
Awn length (cm)	طول ریشک	0.51	0.07	0.16	1.37	0.37	0.85
Spike length (cm)	طول سنبله	0.96	3.05	0.12	2.54	1.79	0.07
Spike weight (g)	وزن سنبله	0.10	0.09	-0.01	0.30	0.95	-0.11
1000 Kernel weight (g)	وزن هزار دانه	6.67	8.35	-3.47	8.56	2.43	-0.46
Kernel yield (gm ⁻²)	عملکرد دانه	33.24	12.75	10.22	19.18	3.44	0.50

آن‌ها پراکنده نیست. باقی‌زاده و همکاران (۲۰۰۸) برای کلیه صفات مورد مطالعه مقدار پارامتر H را بزرگتر از D برآورد کردند که با نتایج به دست آمده برای صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در تلاقی ریحان × ماکوئی و صفات تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن سنبله و وزن هزار دانه در تلاقی کویر × ماکوئی مطابقت دارد. نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) برای ارتفاع بوته و طول سنبله واریانس افزایشی را مؤثرتر از غالبیت و برای عملکرد دانه و وزن هزار دانه واریانس غالبیت را مؤثرتر از اثر افزایشی گزارش کردند.

علامت F که تابع خطی غالبیت است در اکثر صفات مثبت بود. لذا می‌توان استنتاج کرد که در این صفات آلل‌های مربوط به والد با میانگین بزرگتر نسبت به آلل‌های مربوط به والد با میانگین کمتر غالب است. به عبارت دیگر ژن‌های غالب اکثراً در والدی هستند که مقدار بیشتری را از نظر صفت اندازه‌گیری شده دارد و ژن‌های مغلوب اکثراً در والدی هستند که مقدار کمتری از نظر آن صفت دارد. به عنوان مثال در تلاقی ریحان × ماکوئی (ارتفاع بوته به ترتیب ۹۶/۶ و ۸۳/۷) ژن‌های غالب اکثراً در والد ریحان هستند.

در تلاقی ریحان × ماکوئی و در صفات ارتفاع بوته، قطر دانه و وزن سنبله و در تلاقی کویر × ماکوئی تنها در صفت قطر دانه مثبت و هم علامت با h بود، لذا می‌توان استنتاج کرد

هوموزیگوت‌ها بیشتر از انحراف هتروزیگوت‌ها از میانگین دو هوموزیگوت بوده و در نتیجه بهبود صفت از طریق روش‌های به‌نژادی سنتی مانند روش توده‌ای نیز امکان پذیر است. در تلاقی ریحان × ماکوئی در صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن هزار دانه و عملکرد دانه و در تلاقی کویر × ماکوئی در صفات تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن سنبله و وزن هزار دانه مقدار پارامتر مقدار H (واریانس غالبیت) بیشتر از D (واریانس ژنتیکی افزایشی) بود. H مجموع مربعات انحراف هتروزیگوت در هر لوکوس از نقطه میانی والدین را نشان می‌دهد و غیر قابل تثبیت است. این تنوع به وسیله تولید هیبریدهای تجاری قابل به‌کارگیری است. با توجه به این که $D < H$ است، لذا در این صفات سهم واریانس غالبیت بیشتر از افزایشی بوده و در نتیجه بهبود این صفات از طریق آمیزش‌های دو والدینی و به دست آوردن هیبرید امکان‌پذیر خواهد بود. در تلاقی ریحان × ماکوئی در تمامی صفات به استثنای صفات قطر دانه و قطر ساقه و در تلاقی کویر × ماکوئی نیز در اکثر صفات به استثنای قطر دانه، طول ریشک، طول سنبله و وزن سنبله پارامتر واریانس افزایشی (D) بزرگتر از پارامتر اثرهای افزایشی (d) بود. این موضوع نشان می‌دهد که ژن‌های کنترل‌کننده این صفات به صورت پراکنده است و این امر باعث کوچک‌تر شدن اثرهای افزایشی نسبت به واریانس افزایشی شده است. در صفاتی که مقدار D کمتر از d باشد ژن‌های کنترل‌کننده

در صفات ارتفاع بوته، قطر دانه، طول پدانکل، طول ریشک و وزن سنبله مقدار پارامتر $(H/D)^{1/2}$ کمتر از یک بود که این پارامتر مجدداً سهم بیشتر واریانس ژنتیکی افزایشی را در این صفات مورد تاکید قرار می‌دهد. در تلاقی ریحان × ماکوئی در صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن هزار دانه و عملکرد دانه و در تلاقی کویر × ماکوئی در صفات تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه مقدار پارامتر $(H/D)^{1/2}$ بیشتر از یک بود که این نشان‌دهنده وجود فوق‌غالبیت در این صفات است. قطر دانه در تلاقی ریحان × ماکوئی و قطر ساقه در تلاقی کویر × ماکوئی دارای پارامتر $(H/D)^{1/2}$ برابر با یک بود که این نشان‌دهنده غالبیت کامل در این صفات است. نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) مقدار پارامتر $(H/D)^{1/2}$ را برای ارتفاع بوته و طول سنبله کمتر از یک و برای عملکرد دانه و وزن هزار دانه بیشتر از یک گزارش کردند. این نتایج برای ارتفاع بوته مطابق با تلاقی کویر × ماکوئی، برای طول سنبله مطابق با تلاقی ریحان × ماکوئی و برای عملکرد دانه و وزن هزار دانه مطابق با هر دو تلاقی است.

متفاوت بودن مقدار پارامتر $F/(H \times D)^{1/2}$ از یک برای کلیه صفات نشان می‌دهد که در کلیه صفات انحراف‌های غالبیت از یک مکان به مکان دیگر متفاوت است. این نتایج با نتایج نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) مطابقت دارد.

که در این صفات ژن‌های با اثرهای مثبت یا افزایش‌دهنده صفت غالب هستند. در تلاقی ریحان × ماکوئی در صفات تعداد دانه در سنبله و طول ریشک و در تلاقی کویر × ماکوئی در صفات ارتفاع بوته، قطر ساقه، طول پدانکل، طول ریشک، طول سنبله و عملکرد دانه علامت F متضاد با علامت h است، لذا استنتاج می‌شود که در این صفات تعدادی از ژن‌ها با اثر مثبت (افزایش‌دهنده) و تعدادی از ژن‌ها با اثر منفی (کاهش‌دهنده) غالب بوده‌اند. در تلاقی ریحان × ماکوئی در صفات قطر ساقه و طول سنبله و در تلاقی کویر × ماکوئی برای صفت وزن هزار دانه علامت F و h هر دو منفی بود، بنابراین در این صفات ژن‌های با اثرهای منفی (کاهش‌دهنده) غالب هستند. در تلاقی کویر × ماکوئی و در صفت وزن سنبله پارامترهای F و h تقریباً برابر با صفر است، در نتیجه در این صفت غالبیت وجود ندارد. در این حالت اگر مقدار d برابر با صفر باشد به علت مساوی بودن میانگین دو والد است (Dabholker, 1992). نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) مقدار پارامتر F را مثبت و هم علامت با h برای عملکرد دانه؛ مثبت و متضاد با علامت h برای ارتفاع بوته، منفی و متضاد با علامت h برای صفات طول سنبله و وزن هزار دانه گزارش کردند.

در تلاقی ریحان × ماکوئی در صفات قطر ساقه، تعداد دانه در سنبله، طول ریشک، طول سنبله و وزن سنبله و در تلاقی کویر × ماکوئی

وراثت پذیری عمومی و خصوصی صفات

مختلف

بررسی توارث پذیری عمومی نشان داد که در تلاقی ریحان × ماکوئی وزن هزار دانه و در تلاقی کویر × ماکوئی وزن سنبله بیشترین و در هر دو تلاقی قطر ساقه کمترین توارث پذیری را داشتند. در تلاقی ریحان × ماکوئی قطر دانه و وزن هزار دانه بیشترین و قطر ساقه کمترین و در تلاقی کویر × ماکوئی وزن سنبله بیشترین و طول پدانکل کمترین توارث پذیری خصوصی را به خود اختصاص دادند. به طور کلی اکثر صفات، دارای توارث پذیری عمومی نسبتاً بالایی بودند. مقایسه توارث پذیری عمومی و خصوصی نشان می‌دهد که تأثیر محیط در اکثر صفات نسبتاً کم بوده و لذا می‌توان به بهبود آن‌ها امیدوار بود. به طور کلی با توجه نقش بیشتر اثرهای غالبیت و واریانس غالبیت در کنترل ژنتیکی عملکرد و صفات وابسته با آن می‌توان به ایجاد ارقام با عملکرد بیشتر از طریق ایجاد تلاقی‌های مؤثر، تولید هیبرید و انتخاب در نسل‌های پیشرفته اقدام کرد.

در هر دو تلاقی بیشترین تعداد ژن کنترل کننده صفت برای عملکرد دانه به دست آمد (۳ عدد). کمترین تعداد ژن کنترل کننده برای طول ریشک و وزن سنبله (یک عدد) در تلاقی ریحان × ماکوئی و قطر ساقه و طول پدانکل (یک عدد) در تلاقی کویر × ماکوئی به دست آمد. باقی‌زاده و همکاران (Baghizadeh et al., 2004) نشان دادند که

متوسط توارث پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی بین ۰/۵۵ تا ۰/۸۹ و تعداد ژن برای صفات مذکور بین ۲ تا ۵ عدد متغیر بود. مقادیر وراثت پذیری و تعداد ژن کنترل کننده صفات در این مطالعه مقادیر کمتری نسبت به مطالعه فوق داشت. عشقی و همکاران (۲۰۱۰) بالاترین مقدار وراثت پذیری را برای تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال و تعداد پنجه در هر دو شرایط نرمال و تنش خشکی گزارش کردند، در حالی که در این تحقیق بالاترین مقادیر برای وزن سنبله به دست آمد. نخجوان و همکاران (۲۰۰۸) توارث پذیری عمومی برای صفات مورد بررسی در شرایط آبیاری معمولی ۰/۳۴ تا ۰/۶۳ و تنش بین ۰/۴۸ تا ۰/۷۷ و توارث پذیری خصوصی را به ترتیب بین ۰/۲۵ تا ۰/۵۳ و ۰/۲۹ تا ۰/۶۲؛ متوسط تعداد ژن در شرایط آبیاری معمولی بین ۱ تا ۷ و در شرایط تنش خشکی بین ۱ تا ۳ ژن گزارش کردند که تا حدودی با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. عشقی و آخوندوف (۲۰۰۹) مقدار وراثت پذیری خصوصی عملکرد دانه را پایین برآورد کردند که با نتایج مطالعه اخیر مطابقت دارد. در مطالعه انجام شده توسط لاریک و همکاران (Larik et al., 1987) مشخص شد که عملکرد بوته، تعداد سنبله در گیاه، تعداد سنبله‌چه و تعداد دانه در سنبله دارای وراثت پذیری عمومی نسبتاً بالایی هستند (Madic et al., 2012).

در مجموع، در این تحقیق برای اکثر صفات مدل افزایشی - غالبیت مدل مناسبی نبود که این

واریانس افزایشی بزرگتر از واریانس غالبیت بود (از قبیل طول ریشک و وزن سنبله) با توجه به این که نسبت غالبیت کمتر از یک بود، نشان دهنده غالبیت نسبی است. در مورد این صفات وراثت‌پذیری خصوصی نزدیک به وراثت‌پذیری عمومی بود و گزینش در نسل‌های اولیه می‌تواند مؤثر باشد. در مورد سایر صفات که واریانس غالبیت بزرگتر از واریانس افزایشی بود با توجه به این که میانگین درجه غالبیت بیشتر از یک بوده، در این خصوص با توجه به تفاوت وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی که ناشی از نقش بیشتر واریانس غالبیت است، انتخاب در نسل‌های اولیه مشکل بوده و در این مورد تلاقی دو والد به همراه گزینش دوره‌ای یا تلاقی دای‌آلل جهت یافتن والدین برتر در نسل‌های بعدی قابل توصیه است.

موضوع می‌تواند به خاطر وجود آثار اپیستاتیک باشد. در مورد این صفات می‌توان فرض کرد که نه تنها ژن‌های بیشتری در کنترل آن‌ها دخالت دارند بلکه در نتیجه افزایش تعداد ژن‌ها تعداد عواملی که با هم اثر متقابل دارند، افزایش می‌یابد. وجود اپیستازی دوگانه که در مورد صفات قطر دانه، وزن سنبله و قطر ساقه مشاهده شد، نشان می‌دهد که گزینش برای این صفات در نسل‌های ابتدایی مناسب نخواهد بود و لازم است تا رسیدن به خلوص بیشتر در نسل‌های پیشرفته‌تر گزینش به تأخیر بیفتد. بزرگتر بودن مقادیر [d] نسبت به [h] که در مورد برخی صفات از قبیل قطر ساقه و طول پدانکل دیده می‌شود همبستگی ژن‌ها را نشان می‌دهد. به عبارت دیگر ژن‌های افزایش دهنده صفت در یک والد و ژن‌های کاهش دهنده در والد دیگر جمع شده‌اند. در مورد صفاتی که مقدار

References

Anonymous 2013. FAOSTAT. <http://faostat.fao.org>.

Baghizadeh, A., Talei, A. R., Naghavi, M. R., and Haji Rezaei, M. 2008. Estimating the number and inheritance of controlling genes for grain yield and some of related traits in Barley (*Hordeum vulgare* L.) Afzal/Radical Cross. Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 12 (43): 57-63 (in Persian).

Baghizadeh, A., Talei, A. R., Naghavi, M. R., and Zeinali Khanghah, H. 2004. An evaluation of inheritance for some quantitative traits in barley using generation mean analysis. Iranian Journal of Agricultural Sciences 35 (4): 851-857 (in Persian).

Dabholker, A. R. 1992. Elements of Biometrical Genetics. Published and Printed by Ashok Kumar Mittal. Concept Publishing Company, New Delhi, India.

- Eshghi, R., and Akhundova, E. 2009.** Genetic analysis of grain yield and some agronomi ctraits in hulless barley. African Journal of Agricultural Research 4 (12): 1464-1474.
- Eshghi, R., Ojaghi, J., Rahimi, M., and Salayeva. S. 2010.** Genetic characteristics of grain and its components in Barely (*Hordeum vulgare* L.) under normal and drought conditions. American- Eurasian Journal of Agriculture and Environment Science 9 (5): 519-528.
- Farshadfar, E., Aghaie Sarbarzeh, M., Sharifi, M., and Yaghotipoor, A. 2008.** Assessment of salt tolerance inheritance in barley via generation mean analysis. Journal of Biological Sciences 8 (2): 461-465.
- Forozanfar, M., Bihamta, M. R., Peyghambari, S. A., and Zeinali, H. 2009.** Inheritance of some traits associated with yield in bread wheat using generation mean analysis. Seed and Plant Improvement Journal 25-1 (3): 419-431 (in Persian).
- Golabadi, M., Arzani, A., and Mirmohamadi Maibodi, S. A. M. 2008.** Genetic analysis of some morphological traits in durum wheat by generation mean analysis under normal and drought stress conditions. Seed and Plant 24 (1): 99-116 (in Persian).
- Kang, M.S. 1994.** Applied Quantitative Genetics. Baton Rouge, LA 70810-6966, USA.
- Kearsey, M. J., and Pooni, H. S. 1996.** The Genetical Analysis of Quantitative Traits. Chapman & Hall, London, UK.
- Khalifa, M. A. 1982.** The inheritance of harvest index in barley. Barley Genetics Newsletter 9: 52-54.
- Kularia, R. K., and Sharma, A.K. 2005.** Generation mean analysis for yield and its component traits inbarley (*Hordeum vulgare* L.). Indian Journal of Genetics and Plant Breeding 65 (2): 129-130.
- Larik, A. S., Hafiz, H. M. I., and Al – Saheal, Y. A. 1987.** Genetic analysis of some yield parameters in barley. Journal of College of Science of King Saud University 18(2): 129-135.
- Madic, M., Knežević, D., and Paunovic, A. 2009.** Inheritance of stem height and second- Internode length in barely hybrids. Genetika 41(3): 229-236.
- Madic M., Knežević, D., Paunovic, A., and Durovic, D. 2012.** Genetic analysis of spike traits in two-and multi-rowed barely crosses. Genetika 44 (3): 475-482.

- Mather, K., and Jinks, J. L. 1977.** Introduction to Biometrical Genetics. Cornell University Press, Ithaca, USA.
- Mather, K., and Jinks, J. 1982.** Biometrical Genetics. The Study of Continuous Variation. Chapman and Hall, New York, USA. 279 pp.
- Mostafavi, K., Hosseinzadeh, A., and Zeinali Khanghah, H. 2004.** Gene action for some quantitative traits in bread wheat: Sardari × Line No. 14 Cross. Iranian Journal of Crop Sciences 6(2): 159-170.
- Nakhjavan, S. H., Bihamta, M. R., Darvish, F., Sorkhi, B., and Zahravi, M. 2008.** Mode of some of barely quantitative inheritance traits in normal irrigation and terminal drought stress conditions using generation mean analysis. New Findings in Agriculture 2 (10): 203-222.
- Nakhjavan, S. H., Bihamta, M. R., Darvish, F., Sorkhi, B., and Zahravi, M. 2012.** Heritability of agronomic traits in the progenies of a cross between two drought tolerant and susceptible barley genotypes in terminal drought stress conditions. Iranian Journal of Crop Sciences 14 (2): 136-154 (in Persian).
- Pal, D., and Kumar, S. 2009.** Genetic analysis of forage yield and other traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Barley Genetics Newsletter 39: 13-19.
- Prakash, V., Saini, D. D. and Singh, R.V. 2004.** Estimation of gene effects for grain yield and its components in barley (*Hordeum vulgare* L.). Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 64 (1): 69-70.
- Prakash, V., Singh, R. V., and Saini, D. D. 2005.** Gene action for grain yield and its related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Crop Improvement 32 (1): 40-43.
- Raikwar, R. S. 2013.** The nature and magnitude of gene effects for yield and its quality traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) under saline -sodic soil. Scholarly Journal of Agricultural Science 3 (5): 154-166.
- Singh, G., Nanda, C., and Sohu, V. 1998.** Gene effects for grain per spike, grain weight and grain per spikelet in a set of nineteen crosses of wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding 58 (1): 83-89.
- Warnner, J. N. 1952.** A method for estimating heritability. Agronomy Journal 44: 427-430.
- Wright, S. 1968.** Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 1. Genetic and Biometric Foundation. The University of Chicago Press, Chicago, USA.