مجله علوم کشاورزی ایران
جلد ۳۲، شماره ۲، سال ۱۳۸۰ (۳۶۵-۳۵۵)

کروموزومها و تعداد ژنهای کنترل کننده تاریخ خوشه‌دهی و وزن هزار دانه با استفاده از رگه‌های جایگزین در گندم

حسین دشتی [۱]، بهمن یزدی صمدی [۲]، محمدرضا قنادها [۳]، سیروس عبدمیشانی [۴] و احمد صرافی [۵]
۱الی ٤ – به ترتیب دانشجوی سابق دوره دکتری، استاد، استادیار و استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات
دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران ۵- استاد دانشگاه تولوز فرانسه

تاریخ پذیرش مقاله ۷۹/۸/۱۱

خلاصه

برای شناسایی ژنها در گندم نان، گام اول شناسایی کروموزوم حامل صفات مورد نظر است. در این بررسی به منظور شناسایی کروموزوم‌های موثر در تاریخ ظهور خوشه و وزن هزار دانه از رگه‌های جایگزین کروموزومی متقابل بین دو واریته شاین و ویچیتا بصورت دو گانه استفاده شد. آزمایش در دو طرح بلوک کامل تصادفی هر کدام با دو تکرار برای هر گروه در جوار یکدیگر اجرا گردید. تاریخ خوشه‌دهی تا ظهور ۵۰٪ خوشه‌ها بر اساس دو خط وسط از چهار خط موجود در هر کرت محاسبه شد. پس از برداشت دو خط وسط، وزن هزار دانه با وزن کردن ۲۵۰ دانه از هر ژنوتیپ در هر تکرار محاسبه گردید. برای برآورد حداقل تعداد ژنهای موثر در ظهور خوشه، جمعیت‌های P_1 ، P_2، F_1 و F_2 حاصل از تلاقی بین ویچیتا و شاین در مزرعه با فاصله کشت شده و تاریخ ظهور خوشه اصلی برای هر بوته ثبت گردید. ویچیتا دارای ژنهایی روی کروموزومهای ۳A ، ۳D و ۱D می‌باشد که باعث زودرسی می‌شوند. شاین روی کروموزومهای ۳A، ۳D، ٦A ۱D و ٤D دارای ژنهایی است که باعث دیررسی می‌شوند. همچنین ویچیتا روی کروموزومهای ۳A، ۳D، ٦A و ۲A دارای ژنهایی است که باعث افزایش وزن هزار دانه می‌شوند، و شاین روی کروموزومهای ۳ A ، ۳D، ٦A و۷B دارای ژنهایی است که باعث کاهش وزن هزار دانه می‌شوند. حداقل تعداد ژنهای موثر در تاریخ خوشه‌دهی در شرایط مزرعه (۲/۳۸) با اشتباه معیار استاندارد (۰/۹۱) برآورد گردید که با توجه به برآورد نقصانی تعداد ژن توسط فرمولهای موجود، می‌توان تعداد ژن را تقریباً ۳ در نظر گرفت، که کم و بیش با نتایج بدست آمده از آزمایش‌های کروموزومی مطابقت دارد.

واژه‌های کلیدی : تعداد ژنها، کروموزوم، تاریخ خوشه‌دهی، وزن دانه، رگه‌های جایگزین، گندم

مقدمه

برای شناسایی ژن‌ها در گندم و دستیابی به مکان آنها در روشهای متداول، گام اول شناسایی کروموزوم حامل ژن یا ژن‌های کنترل کننده صفت مورد نظر است. از طرفی این موضوع خدمت بزرگی به روشهای بیوتکنولوژیکی و سرعت بخشیدن به مکان‌یابی و تهیه نقشه ژنها در گندم نموده است (۴ و ۱۱). به طور کلی دو روش اساسی برای تعیین کروموزوم حامل ژنهای خاص بکار گرفته می‌شود: یک روش مطالعه جمعیتهای F_2 حاصل از تلاقی بین یک واریته و ۲۱ منوسومیک واریته دیگر و مشاهده تفرق غیر طبیعی است، که

مکاتبه کننده: بهمن یزدی صمدی

بطور گسترده‌ای برای تعیین کروموزوم حامل ژن‌های صفات کیفی استفاده شده است. روش دیگر استفاده از جایگزینی ۲۱ کروموزوم از یک واریته بخشنده به جای همولگ آن در واریته گیرنده (رگه جایگزین[1]) می‌باشد. اگر چه این روش به زمان زیادی برای تولید رگه جایگزین نیاز دارد، ولی یکی از کارآترین روشها برای مطالعه صفات کمی در گندم است (۶).

برای این منظور یک رگه جایگزین با والد دریافت کننده مورد مقایسه قرار می‌گیرد و از این طریق کروموزوم حا ی ژن یا ژن‌های صفات کمی و یا کیفی تعیین خواهد شد. با استفاده از رگه‌های جایگزین کروموزومی واریته تاچر[2] و هوپ[3] در چاینیز سپرینگ[4] کروموزومهای کنترل کننده صفاتی مثل عملکرد، تعداد دانه در خوشه و وزن هزار دانه و ارتفاع را تعیین کرده اند (اقتباس از منبع ۸).

با استفاده از ۲۱ منوسومی واریته برسی[5] در شرایط مزرعه معلوم شده است، که کروموزومهای ۱A ، ۳B ، ۲A ، ۵A ، ۷A و ۷D در وزن هزار دانه موثرند و در آزمایش دیگری با استفاده از رگه‌های جایگزین واریته هوپ در چاینیز سپرینگ، کروموزومهای ۱B ، ۳A ، ۵B،۴A ، ۶A و ۷B حامل ژنهای موثر در وزن هزار دانه شناخته شدند (۷و۸). از رگه‌های جایگزین بین واریته‌ای همچنین در تعیین کروموزومهای حامل ژن‌های مقاومت به تنشهای محیطی استفاده زیادی شده است (۱۳). علاوه بر صفات عملکرد و اجزای آن و تنشهای محیطی یکی از صفات مهم در گندم که همبستگی آن با صفات فوق ثابت شده است، تاریخ ظهور خوشه است. بطور کلی این صفت تحت کنترل دو سیستم ژنتیکی است، سیستم ورنالیزاسیون و سیستم فتوپریود و این دو سیستم در سازگاری گندم به مناطق مختلف جغرافیایی اهمیت زیادی دارند. ماسایا فوجیتا و همکاران (۱۹۹۲) در بررسی رابطه مقاومت به سرما و تکامل طرح اولیه[6] گل و تاریخ ظهور خوشه به این نتیجه رسیدند که با افزایش نیاز ورنالیزاسیون در مناطقی که زمستان طولانی دارند، تشکیل طرح اولیهٔ گل به تاخیر می‌افتد و از خسارت سرما اجتناب می‌کند و با غیر حساس بودن گیاه به فتوپریود، از روزهای کوتاه اول بهار استفاده کرده و سریع به خوشه رفته و از خشکی آخر فصل فرار می‌کند (۹). کروموزومهایی که حامل ژنهای تاریخ خوشه‌دهی‌اند، در ارقام مختلف متفاوتند و بطور کلی نزدیک به تمام ۲۱ کروموزوم در ارقام مختلف مرتبط با این صفت گزارش شده‌اند. در واریته برسی ژنهای خوشه‌دهی روی کروموزومهای ۲A،۲B، ۳A،۴B، ۵D و ۷A قرار دارند (۸).

لاو (۱۹۶۵) با استفاده از رگه جایگزین کروموزوم ۷B از واریته هوپ در چاینیزسپرینگ و تلاقی این رگه با والد دریافت کننده ثابت کرد دو ژن روی کروموزوم ۷B وجود دارند که در ظهور خوشه موثرند. این کروموزوم دارای ژن دیگری به نام Pc است که باعث رنگ ارغوانی ساقه در هوپ می‌شود. در آزمایش دیگری لاو (۱۹۶۷) رابطه بین کروموزوم ۷B در چاینیزسپرینگ و هوپ را با وزن دانه کشف و یک ژن کنترل کننده وزن دانه را روی کروموزوم ۷B مشخص و فاصله آن را با ژنهای Pc,e_1 ، ارتفاع و تعداد پنجه تعیین کرد (۶و۷).

زمترا (۱۹۸۶)، رگه‌های جایگزین متقابل ویچیتا[7] و شاین[8] را از نظر تاریخ خوشه‌دهی بررسی کرد و نشان داد که ویچیتا روی کروموزومهای ۳D و۳A دارای ژنهایی است که باعث زودرسی می‌شوند و شاین نیز روی این کروموزومها و همچنین ۶A ژنهایی دارد که باعث دیررسی می‌گردند (۱۶). دشتی و همکاران ۱۳۷۷، در آزمایشی که با یک سری از این مواد انجام دادند نتایج مشابهی بدست آوردند (۱).

در مطالعات کروموزومی معمولاً از رگه‌های دو گانه[9] برای بررسی یکنواختی زمینه ژنتیکی رگه جایگزین استفاده می‌شود، یعنی از هر رگه دو عدد رگه جایگزین در برنامه جایگزینی کروموزوم انتخاب می‌شود. این رگه‌ها از نظر کروموزوم جایگزین شده یکسان بوده ولی از نظرسایر کروموزوم‌ها (زمینه ژنتیکی[10])، ممکن است یکنواخت نباشند و این عدم یکنواختی بستگی به نوع صفت و تعداد ژنهای کنترل کننده آن صفت دارد. در

1. Substitution line
2. Thatcher
3. Hope
4. Chinese spring
5. Bersee
6. Primorida
7. Wichita
8. Cheyenne
9. Duplicate
10. Background

مطالعه صفات کمی اگر این دو رگه دو گانه تفاوت معنی‌داری نشان بدهند، نشان دهنده این است که زمینه ژنتیکی برای صفت تحت مطالعه یکنواخت نیست و نیاز به تلاقی برگشتی بیشتری با والد دریافت کننده می‌باشد (۸ و ۱۴).

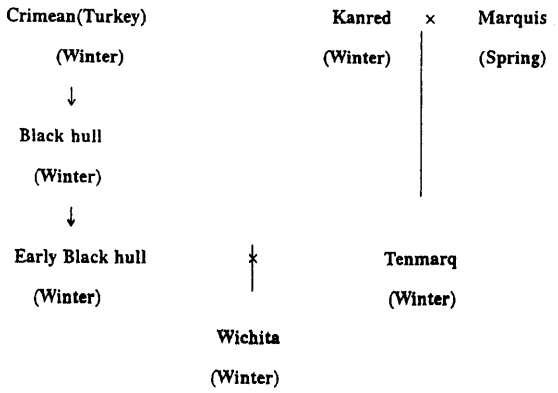
برآورد تعداد ژنهایی که در بروز یک صفت کمی دخالت دارند، اغلب مورد علاقه متخصصین ژنتیک و اصلاح نباتات می‌باشد (۸). تئوری چند فاکتوری وراثت و تکامل صفات کمی بر این اساس است که واریانس ژنتیکی در صفات کمی داخل جمعیتها ناشی از تفرق فاکتورهای چندگانه است. فرمولهای زیادی برای برآورد حداقل تعداد ژن موثر در یک صفت کمی ارائه شده است، که تحت فرضیاتی استفاده می‌شوند. این فرضیات عبارتند از اینکه، تمام واریانس اندازه‌گیری شده افزایشی است، مکان‌های ژنی دیپلوئیدند، ژنها دارای اثر مساوی‌اند، لینکاژ بین ژنها وجود ندارد و توزیع فنوتیپی در تمام جمعیتها نرمال است. این فرضیات بندرت فراهم می شوند (۱۰ و ۱۲). در این فرمولها از جمعیتهای P_1 ، P_2، F_1، F_2 و (در بعضی BC) استفاده شده است. پاور (۱۹۴۲) دو واریته گوجه فرنگی را که در وزن میوه تفاوت بسیار زیادی داشتند تلاقی داد و بعد رایت در سال ۱۹۶۸ با تبدیل لگاریتمی اعداد، جهت نرمال شدن توزیع فنوتیپی داخل جمعیتها، تعداد ژنهای موثر در وزن میوه را حدود ده ژن برآورد کرد. (به نقل از منبع ۱۲).

مواد و روشها

مواد ژنتیکی استفاده شده در این مطالعه سری رگه‌های جایگزین متقابل بین دو واریته شاین و ویچیتا بصورت دوگانه بود که در دانشگاه نبراسکا[1] تهیه شده‌اند. شاین واریته‌ای است زمستانه که از واریته کریمین[2] انتخاب شده است (۵). شاین حامل آللهای مغلوب vrn در تمامی مکانهای vrn می‌باشد. ویچیتا دارای شجره زیر بوده، و روی کروموزوم ۳B دارای ژن غالب Vrn است، که احتمالاً از مارکوئیس دریافت کرده ولی این ژن در زمینه ژنتیکی ویچیتا بیان نمی‌شود (۱۵).

1 . Nebraska

2 . Crimean



برای تهیه رگه‌های جایگزین، ابتدا سری منوسومیک‌های شاین و ویچیتا برای ۲۱ کروموزوم از طریق تلاقی برگشتی (۹ تلاقی برگشتی) با منوسومیک‌های رقم چاینیزسپرینگ بدست آمده‌اند. سپس منوسومیک به عنوان دریافت کننده کروموزوم مورد نظر بادی سومیک به عنوان بخشنده تلاقی برگشتی داده شده است تا رگه‌های با زمینه ژنتیکی یکنواخت بدست آیند (نقل از منبع ۳). لازم به ذکر است که برای همه رگه‌های جایگزین تعداد تلاقی برگشتی مساوی نبوده است (۱۵). در این مقاله علائم Cnn(WI) و WI(Cnn) برای نشان دادن رگه‌های جایگزین استفاده شده است. مثلاً رگه جایگزینی که کروموزوم ۵A را از ویچیتا دارد، بصورت Cnn(WI۵A) و رگه جایگزین متقابل آن بصورت WI(Cnn۵A) نشان داده می‌شود و چون از هر رگه جایگزین دو عدد بصورت دوگانه وجود دارد، هر یک از آنها با اندیسهای y,x نشان داده می‌شوند. مثلاً از Cnn(WI۵A) دو عدد داریم Cnn(WI۵A)x و Cnn(WI۵A)y . بنابراین ۴۲ رگه جایگزین متقابل در گروه x و ۴۲ رگه جایگزین متقابل در گروه y داریم که همراه با والدین در دو طرح بلوک کامل تصادفی جداگانه با ۲ تکرار یکی برای x ها همراه با والدین (۴۴ ژنوتیپ) و یکی برای y ها همراه با والدین (۴۴ ژنوتیپ) در جوار یکدیگر پیاده شد. در هر آزمایش علاوه بر ژنوتیپ‌های فوق دو رقم قدس (بهاره) و سبلان (زمستانه) به عنوان شاهد، برای مقایسه با ویچیتا و شاین کاشته شدند. بنابراین در هر آزمایش ۴۶ ژنوتیپ و در هر کرت آزمایشی چهار خط با فاصله ۲۵ سانتی‌متر بطول ۲ متر و ۶۰ عدد بذر روی هر ردیف در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی کرج در مهرماه ۱۳۷۷ کشت گردید. بذرهای کشت شده بذرهایی بودند که در سال ۱۳۷۶ تکثیر شده بودند. بر اساس دو

خط وسطی وقتی که ریشک‌های ۵۰٪ از بوته‌ها از غلاف خوشه خارج شدند، تاریخ خوشه‌دهی بر حسب روز اول فروردین ۱۳۷۸ محاسبه شد. پس از برداشت دو خط وسط، با وزن کردن ۲۵۰ عدد بذر از هر کرت وزن هزار دانه محاسبه شد.

تجزیه آماری: ابتدا تجزیه واریانس برای هر یک از آزمایشهای y,x انجام گرفت و با مقایسه میانگین رگه‌های جایگزین با والد دریافت کننده کروموزوم مورد نظر با روش LSD، کروموزومهای موثر در هر یک از صفات، در دو آزمایش تعیین گردید. برای آزمون یکنواختی زمینه ژنتیکی رگه‌های جایگزین، LSD جداگانه‌ای محاسبه شد، که در آن واریانس ادغام شده[1] S^2_p حاصل از مجموع مربعات خطای آزمایش‌های y,x و خطای آزمایش حاصل از تجزیه مرکب تیمارهای مشابه (شاین، ویچیتا، قدس، سبلان) بدست می‌آید. سپس میانگین‌های ژنوتیپ‌ها در دو آزمایش نسبت به اثر آزمایش تصحیح شد (۲) و مقایسات دو بدوی دوگانه‌های y,x انجام گرفت. در مورد تاریخ خوشه‌دهی، نتایج بدست آمده در حالت تصحیح و عدم تصحیح میانگین‌ها یکسان بود. ولی در مورد وزن هزار دانه نتایج متفاوت بود که برای این کار از میانگین‌های تصحیح شده استفاده شد.

برای برآورد تعداد ژنهای موثر در تاریخ خوشه‌دهی، از F_2 حاصل از تلاقی بین شاین و ویچیتا استفاده گردید. تعداد ۱۳۹ بوته F_2 همراه با ۱۷ بوته F_1 و از والدهای ویچیتا و شاین هر یک به ترتیب ۷ و ۸ بوته در مزرعه روی خطوطی با فاصله ۲۵ سانتی‌متر و فاصله روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر کشت شدند. زمانی که خوشه ساقه اصلی از غلاف خارج شد، به عنوان تاریخ خوشه‌دهی برای هر بوته ثبت گردید. برای برآورد تعداد ژنهای موثر در تاریخ خوشه‌دهی، واریانس‌های داخل والدین و F_1 و F_2 محاسبه گردید و سپس همگنی واریانس‌های P_1 و P_2 و F_1 و نرمال بودن توزیع فنوتیپی داخل جمعیتها آزمون شد و با استفاده از فرمول‌های زیر تعداد ژنها تخمین زده شد (۱۲).

$$nE = (\mu p_1 - \mu p_2)^2 / 8\sigma_s^2 \le n$$

$$\sigma_s^2 = \sigma_{F2}^2 - [\frac{1}{2}\sigma_{F1}^2 + \frac{1}{4}\sigma_{p1}^2 + \frac{1}{4}\sigma_{p2}^2]$$

$$SE.n = \left[n^2 E\left(\frac{4[\sigma_{p1}^2 / Np_1 + \sigma_{p2}^2 / Np_2]}{(\mu p_1 - \mu p_2)} + \frac{\mathrm{var}(\sigma_s^2)}{(\sigma_s^2)^2} \right) \right]^{\frac{1}{2}}$$

$$\mathrm{var}(\sigma_s^2) = 2\sigma_{f2}^4 / NF_2 + \frac{1}{2}\sigma_{F1}^4 / Nf_1 + \frac{1}{8}\sigma_{p1}^4 / Np_1 + \frac{1}{8}\sigma_{p2}^4 / Np_2$$

در این فرمولها:

μ = میانگین　　σ^2_s = واریانس ناشی از تفرق

N = تعداد　　nE = تعداد ژن برآورد شده

$\le n^2$ = برآوردنقصانی[2]　　SE.n = اشتباه استاندارد برآورد

نتایج و بحث

تجزیه واریانس جداگانه هر یک از آزمایش‌های y,x و تجزیه مرکب دو آزمایش برای والدین، رگه‌های جایگزین و شاهدهای قدس و سبلان (جداول ۱و۲) نشان داد که اولا ژنوتیپ‌ها از نظر تاریخ ظهور خوشه و وزن هزار دانه متفاوتند. قدس زودرس‌ترین و شاین دیررس‌ترین می‌باشد. قدس واریته‌ای است بهاره و زودرس. ویچیتا بطور متوسط ۱۵ روز زودرس‌تر از شاین بوده ولی با سبلان که رقمی زمستانه است تفاوت معنی‌دار ندارد.

با توجه به تفاوت بین شاین و ویچیتا از نظر تاریخ ظهور خوشه، شاین دارای ژنهایی است که باعث دیررسی آن نسبت به ویچیتا می‌شود، و ژنهای ویچیتا باعث زودرسی آن نسبت به شاین (جداول ۳ و۴). جایگزینی کروموزومهای ۳A و ۳D از شاین در ویچیتا و متقابلاً از ویچیتا در شاین در هر دو گروه y,x اثر معنی‌داری روی والد دریافت کننده داشته‌اند. این نتیجه با آزمایش قبلی که فقط با گروه y در گلدان در خارج از گلخانه انجام گرفت (۱)، همچنین با نتایج زمترا ۱۹۸۶ مطابقت دارد (۱۵). جایگزینی ۶A از شاین در ویچیتا باعث دیررسی آن بطور معنی‌داری نسبت به ویچیتا در هر دو گروه y,x شده، یعنی شاین روی این کروموزوم دارای ژن یا ژنهایی است که باعث دیررسی می‌شوند. ولی جایگزینی متقابل آن از ویچیتا به شاین اثر معنی‌داری روی زودرس کردن شاین نداشته، بنظر می‌رسد که ویچیتا روی این کروموزوم برای ظهور خوشه فاقد ژن بوده و یا اینکه اثر آنها کم است. رگه‌هایی وجود دارند که فقط در یکی از گروه‌های x و یا y با والد دریافت کننده تفاوت معنی‌دار نشان داده‌اند و این رگه‌ها در دو گروه قرار می‌گیرند. یک گروه شامل WI(Cnn۴D)، WI(Cnn۱D) و Cnn(WI۱D) که فقط در

1. Pooled

2. Understimate

گروه y تفاوت معنی‌دار با والد دریافت کننده دارند. ولی y,x برای این رگه‌ها تفاوت معنی‌دار ندارند (جدول ۵). بنابراین که زمینه ژنتیکی در آنها یکنواخت است و چنین نتیجه‌گیری می‌شود ویچیتا روی 1D و شاین روی کروموزومهای 4D و 1D دارای ژنهایی است که اثر کوچکی دارند. گروه دیگر شامل WI(Cnn2A) می‌باشد که باز هم فقط در گروه y تفاوت معنی‌داری با والد دریافت کننده نشان داده، ولی y,x برای این رگه تفاوت معنی‌دار دارند. یعنی زمینه ژنتیکی یکنواخت نیست و در اینجا مشکل است اظهار نظر کرد که این رگه‌ها اثر کروموزوم جایگزین شده زا نشان می‌دهند. بنابراین گفته می‌شود که از نظر این صفت تعداد تلاقی برگشتی با والد دریافت کننده کافی نبوده است. این نتایج با نتایج زمترا ۱۹۸۶ مشابه است. کروموزوم 1B در این آزمایش موثر شناخته نشد که با نتایج آزمایش قبل، دشتی و همکاران (۱۳۷۷) در این مورد مطابقت ندارد (۱). بطور کلی با توجه به نتایج بدست آمده از این آزمایش در شرایط مزرعه و آزمایش قبل در شرایط گلدان خارج از گلخانه می‌توان با قاطعیت گفت که ویچیتا روی کروموزومها 3A و 3D دارای ژنهای موثر و قوی در ظهور خوشه بوده و باعث زودرسی می‌شوند. و شاین روی کروموزومهای 3A ، 3D و 6A دارای ژنهای موثر و قوی است که باعث دیررسی می‌شوند.

علاوه بر این شاین روی کروموزوم‌های 1D و 4D دارای ژنهای با اثر کوچک می‌باشد. اگر حداقل روی هر کروموزوم یک ژن در رابطه با این صفت وجود داشته باشد می‌توان گفت که این دو واریته حداقل در ۳ مکان ژنی با اثر زیاد متفاوتند و سایر ژنها اثرات کوچکی دارند.

مراحل برآورد تعداد ژنهای متفاوت و موثر در تاریخ ظهور خوشه بین ویچیتا و شاین با استفاده از جمعیت‌های P_1 ، P_2 ، F_1 و F_2 در جداول ۶، ۷، ۸ و ۹ آورده شده است. جدول ۸ نشان می‌دهد که والدین تفاوت بسیار معنی‌داری دارند ولی میانگین F_1 با میانگین دو والد تفاوت معنی‌دار ندارد. بنابراین عمل ژنها افزایشی است. بر اساس فرمول‌های ارائه شده در مواد و روشها حداقل تعداد ژنهای موثر (n.E=۲/۳۸) با انحراف معیار استاندارد (S.nE=۰/۹۱) برآورد گردید (جدول ۹). چون این فرمول برآورد نقصانی دارد می‌توان گفت که تعداد ژنهای موثر تقریباً برابر ۳ می‌باشد که کم و بیش با نتایج بدست آمده از آزمایش‌های کروموزومی مطابقت می‌کند، و نتیجه اینکه استفاده از رگه‌های جایگزین اطلاع دقیقتری از حداقل تعداد ژنهای موثر در یک صفت کمی بین دو واریته، نسبت به استفاده از P_2 ، P_1، F_1 و F_2 بدست می‌دهد.

کروموزوم‌های موثر در وزن هزار دانه

ژنوتیپ‌ها از نظر این صفت تفاوتی معنی‌دار دارند (جدول ۱ و ۲). بطور متوسط قدس دارای بیشترین وزن هزار دانه (۴۴/۵) گرم و شاین دارای کمترین وزن هزار دانه (۲۷/۲۳) گرم و ویچیتا با وزن هزار دانه (۳۵/۱۷۵) گرم، دارای تفاوت معنی‌داری با شاین است، یعنی ویچیتا دارای ژنهایی است که باعث افزایش در وزن هزار دانه می‌شوند، و شاین دارای ژنهایی است که باعث کاهش در وزن هزار دانه می‌شوند. جایگزینی کروموزوم‌های 3A و 3D از ویچیتا در شاین و همچنین متقابلاً جایگزینی همین کروموزوم‌ها از شاین در ویچیتا در هر دو گروه y,x باعث تفاوت معنی‌دار نسبت به والد دریافت کننده از نظر وزن هزار دانه شده‌اند (جداول ۱۰ و ۱۲). جایگزینی متقابل 6A بین شاین و ویچیتا یعنی WI(Cnn6A) و Cnn(WI6A) و همچنین رگه‌های WI(Cnn7B) و Cnn(WI2A) فقط در یکی از دو گانه‌های y,x تفاوت معنی‌دار با والد دریافت کننده نشان داده، ولی دو گانه‌های y,x با یکدیگر تفاوت معنی‌دار ندارند (زمینه ژنتیکی یکنواخت است)، (جدول ۱۱). در این حالت گفته می‌شود که کروموزوم جایگزین شده دارای ژن و یا ژنهای با اثر کوچک روی این صفت می‌باشد (۱۵). پس ویچیتا روی کروموزومهای 3A ، 3D دارای ژنهای با اثر زیاد برای افزایش وزن هزار دانه است و ژنهایی با اثر کمتر روی کروموزومهای 6A و 2A دارد و شاین روی کروموزومهای 3A و 3D دارای ژنهای با اثر بزرگ در جهت کاهش وزن هزار دانه و ژنهایی با اثر کوچکتر روی کروموزومهای 6A و 7B است. کروموزومهای 3A ، 6A، 7B، 2A در واریته‌های دیگر نیز مرتبط به این صفت گزارش شده‌اند (۸).

با توجه به مشترک بودن دو صفت وزن هزار دانه و تاریخ ظهور خوشه در چند کروموزوم، و از طرفی مشاهده ارتباط معکوس این دو صفت، یعنی ویچیتا زودرس‌تر و وزن هزار دانه بیشتر و شاین دیررس‌تر وزن هزار دانه کمتر و همینطور کروموزوم‌هایی که باعث زودرسی شده‌اند وزن هزار دانه بیشتری تولید کرده‌اند، بنظر می‌رسد که یا ژنهای این دو صفت پیوستگی[1] شدیدی داشته و عکس یکدیگر عمل می‌کنند و یا اینکه ژنهای تاریخ ظهور خوشه چند اثری[2] بوده و ظهور خوشه

1 . Linkage

2 . Peliotropic

زودتر باعث طولانی‌تر شدن دوره پر شدن دانه شده باشد. ولی برای روشن شدن باید زمان رسیدگی دانه را نیز مطالعه کرد و ژنوتیپ‌ها را از نظر مدت زمان پر شدن دانه مقایسه نمود و بعد اظهار نظر کرد. گام بعدی که می‌تواند جوابگوی سوال فوق نیز باشد، تلاقی رگه‌های جایگزین متقابل کروموزومهای موثر در این دو صفت با والد دریافت کننده می‌باشد.

جدول ۱- خلاصه تجزیه واریانس آزمایش‌های y,x و تجزیه مرکب (والدین + شاهدها) برای صفت تاریخ خوشه‌دهی و وزن هزار دانه

صفت	آزمایش:	میانگین مربعات ژنوتیپ		تجزیه مرکب:	میانگین مربعات		
		x	y		آزمایش	ژنوتیپ	آزمایش × ژنوتیپ
تاریخ خوشه‌دهی		۷۷/۳**	۹۴/۰۶۳**		۰/۰۶۳ns	۳۶۳/۲۹۹**	۶/۲۲۹ns
وزن هزار دانه		۳۰/۲۱۱**	۳۶/۱۰۶**		۱/۱۰۲ns	۱۹۳/۲۴۴**	۱۳/۷ns

** معنی‌دار در سطح ۰/۰۱

جدول ۲- میانگین والدین رگه‌های جایگزین و شاهدها در آزمایشهای x,y و تجزیه مرکب برای صفت تاریخ خوشه‌دهی و وزن هزار دانه

ژنوتیپ	تاریخ خوشه‌دهی (روز)		میانگین	وزن هزار دانه (گرم)		میانگین
	x	y		x	y	
شاین	۴۶/۵a	۴۵/۵۵a	۴۶a	۲۸/۰۵d	۲۷/۴c	۲۷/۷۲۳d
ویچیتا	۳۲/۵c	۳۴b	۳۳/۲۵ b	۳۴/۱۵c	۳۶/۲b	۳۵/۱۷۵c
قدس	۲۱D	۲۳/۵c	۲۲/۲۵c	۴۵/۴a	۴۳/۶a	۴۴/۵a
سبلان	۳۶/۵b	۳۴b	۳۵/۲۵ b	۴۰/۸b	۳۹/۲ b	۴۰/۰۰ b
میانگین کل	۳۴/۱۲۵	۳۴/۲۵	۳۴/۱۸۷۵	۳۷/۱	۳۶/۶	۳۶/۸۴۵
LSD٪۵	۳/۵۷۰	۱/۸۵۷	۲/۹۵۴	۳/۹۸۱	۳/۹۲۸	۳/۳۸۸
CV٪	۴/۵۵	۲/۳۷	۵	۵/۸۷	۵/۸۶	۴/۶۴

جدول ۳- تفاوت در تاریخ خوشه رفتن (روز) بین رگه‌های جایگزین کروموزمی گروه x و والد دریافت کننده

کروموزوم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده	
	WI	Cnn		WI	Cnn		WI	Cnn
۱A	۰	۲	۱B	۱	-۳	۱D	۳/۵	-۲
۲A	-۱	-۳	۲B	۲/۵	-۱/۵	۲D	۰/۵	-۲/۵
۳A	۵**	-۱۲**	۳B	۱	-۳/۵	۳D	۱۱/۵**	-۶/۵**
۴A	۳	-۰/۵	۴B	۰	-۰/۵	۴D	۲	-۰/۵
۵A	۳	-۲/۵	۵B	-۲	-۲	۵D	۲/۵	-۱
۶A	۴*	۳/۵	۶B	۱/۵	-۰/۵	۶D	-۱	-۳
۷A	۱	۱	۷B	۱	-۳	۷D	-۰/۵	-۲
Cnn	۴۶/۵							
WI	۳۲/۵							
Cnn-WI	۱۴**							
LSD۵/۰۵	۳/۵۵							
LSD۰/۰۱	۴/۷۵							

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

جدول۴- تفاوت در تاریخ خوشه رفتن (روز) بین رگه‌های جایگزین گروه y و والد دریافت کننده

کروموزم	دریافت کننده		کروموزم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده	
	WI	Cnn		WI	Cnn		WI	Cnn
۱A	۰	۱/۵	۱B	-۱	۰	۱D	۲/۵*	-۵
۲A	۳/۵**	-۱	۲B	۰	۰	۲D	-۱	۱/۵
۳A	۲/۵**	-۸/۵**	۳B	-۱	۰	۳D	۱۰**	-۹/۵**
۴A	۱/۵	۰	۴B	-۰/۵	۰/۵	۴D	۲*	-۰/۵
۵A	-۱	۰	۵B	-۱/۵	۱/۵	۵D	۰/۵	۰
۶A	-۲*	-۱	۶B	۰	۱/۵	۶D	-۱/۵	۱
۷A	-۱/۵	۰/۵	۷B	۰	-۰/۵	۷D	-۱/۵	۱/۵
Cnn	۴۵/۵							
WI	۳۴							
Cnn-WI	۱۱/۵**							
LSD۰/۰۵	۱/۸۵۱							
LSD۰/۰۱	۲/۴۷۱							

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

جدول ۵- میانگین دوگانه‌های رگه‌های جایگزین و تفاوت آنها برای صفت تاریخ خوشه‌دهی

رگهٔ Cnn(WI)	میانگین X	میانگین Y	تفاوت	رگهٔ جایگزین WI/(Cnn)	میانگین X	میانگین Y	تفاوت
۱A	۴۸/۵	۴۷	۱/۵	۱A	۳۲/۵	۳۴	۱/۵
۲A	۴۳/۵	۴۶/۵	-۳	۲A	۳۱/۵	۳۷/۵	-۶**
۳A	۳۴/۵	۳۷	-۲/۵	۳A	۳۷/۵	۳۶/۵	۱
۴A	۴۶	۴۵/۵	۰/۵	۴A	۳۵/۵	۳۳/۵	۲
۵A	۴۴	۴۶/۵	-۲/۵	۵A	۳۵/۵	۳۳	۲/۵۲
۶A	۴۳	۴۴/۵	-۱/۵	۶A	۳۷	۳۵	۰/۵
۷A	۴۷/۵	۴۶	۱/۵	۷A	۳۳/۵	۳۳	۰/۵
۱B	۴۳/۵	۴۵/۵	-۲	۱B	۳۳/۵	۳۳	۱
۲B	۴۵	۴۵/۵	-۰/۵	۲B	۳۵	۳۴	۲/۵
۳B	۴۳	۴۵/۵	-۲/۵	۳B	۳۳/۵	۳۱	۰
۴B	۴۶	۴۶	۰	۴B	۳۲/۵	۳۲/۵	-۲
۵B	۴۴/۵	۴۷	-۲/۵	۵B	۳۰/۵	۳۲/۵	۰
۶B	۴۶	۴۷	-۱	۶B	۳۴	۳۴	-۰/۵
۷B	۴۳/۵	۴۵	-۱/۵	۷B	۳۳/۵	۳۴	-۱/۵
۱D	۴۴/۵	۴۱/۵	۳	۱D	۳۶	۳۶/۵	-۰/۵
۲D	۴۶	۴۷	-۱	۲D	۳۳	۳۳	۰
۳D	۴۰/۵	۳۷/۵	۳	۳D	۴۴	۴۴	-۱/۵
۴D	۴۶	۴۶	۰	۴D	۳۴/۵	۳۶	-۰/۵
۵D	۴۵/۵	۴۵/۵	۰	۵D	۳۵	۳۳/۵	-۰/۵
۶D	۴۳/۵	۴۶/۵	-۳	۶D	۳۱/۵	۳۲	-۱/۵
۷D	۴۴/۵	۴۷	-۲/۵	۷D	۳۲	۳۲/۵	-۰/۵
Cnn	۴۶/۵	۴۵/۵	۱	WI	۳۲/۵	۳۴	-۱/۵
LSD۰/۰۱			۳/۹۸۵	LSD۰/۰۵			۳/۰۵

** معنی دار در سطح ۰/۰۱

جدول ۶- آزمون نرمال بودن توزیع داخل جمعیتها

	والدین		F1	F2	میانگین والدین $[\frac{(Cnn+WI)}{2}]$
	$WI(P_1)$	$Cnn(P_2)$			
تعداد	۷	۸	۱۷	۱۳۹	
میانگین	۳۳/۸۵۷۱	۴۹/۲۵	۴۳/۲۹۴۱	۴۲/۰۲۸۸	۴۱/۵۵
انحراف معیار	۲/۲۶۷۱	۲/۸۱۸۵	۴/۶۴۷۱	۵/۱۵۴۱۴	
سطح معنی دار	۰/۹۱۷	۰/۵۳۳	۰/۹۶۲	۰/۲۴۲	

جدول ۷- آزمون همگنی واریانس‌های داخل F_1 ، P_1 و P_2

گروه	آماره لون[1]	درجه آزادی بین گروه‌ها	درجه آزادی داخل گروه‌ها	احتمال
۳	۲/۱۵۴	۲	۲۹	۰/۱۳۴

جدول ۸- تجزیه واریانس یک طرفه برای F_1 ، P_1 و P_2

منابع تغییر	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات
بین گروه‌ها	۲	۸۹۶/۸۵۲	۴۴۸/۲۹۱**
(P2,P1) در مقابل F1	۱	۱۲/۰۰۶	۱۲/۰۰۶ns
P1 در مقابل P2	۱	۸۸۴/۵۷۵	۸۸۴/۵۷۵**
داخل گروه ها	۲۹	۴۳۱/۸۸۷	۱۴/۸۹۳

جدول ۹- تعداد ژنهای برآورد شده

حداقل تعداد ژن (n.E)	انحراف معیار استاندارد S.nE
۲/۳۸	۰/۹۱

جدول ۱۰- تفاوت در وزن هزار دانه (گرم) بین رگه‌های جایگزین کروموزومی گروه x و والد دریافت کننده

کروموزوم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده	
	WI	Cnn		WI	Cnn		WI	Cnn
۱A	۱/۰۵	۰/۳۵	۱B	۳/۰۵	۳/۵۵	۱D	۱/۸۵	۱/۷۵
۲A	۳/۸۵	۰/۳۵	۲B	۰/۱۵	۳/۵۵	۲D	۲/۴۵	۱/۱۵
۳A	-۴/۱۵*	۴/۳۵*	۳B	۳/۲۵	۲/۵۵	۳D	-۵/۷۵**	۷/۱۵**
۴A	۰/۹۵	۰/۹۵	۴B	۱/۴۵	۲/۹۵	۴D	۱/۶۵	۲/۵۵
۵A	-۰/۱۵	۲/۳۵	۵B	-۰/۷۵	۳	۵D	۱/۲۵	-۰/۲۵
۶A	۱/۸۵	۲/۵۵	۶B	۱/۴۵	۳/۴۵	۶D	۳/۰۵	۱/۹۵
۷A	-۰/۳۵	۲/۹۵	۷B	۱/۵۵	۴/۰۵	۷D	۱/۰۵	۱/۹۵
WI-Cnn	۶/۱**							
LSD۰/۰۵	۳/۹۰۹							
LSD۰/۰۱	۵/۳۰۱							

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

1 . Leven

جدول ۱۲- میانگین های دوگانه‌های رگه‌های جایگزین و تفاوت آنها بعد از تصحیح میانگین برای صفت وزن هزار دانه

رگهٔ جایگزین Cnn/(Wl)	میانگین X	میانگین Y	میانگین تصحیح شده X	میانگین تصحیح شده Y	تفاوت	رگهٔ جایگزین Wl/(Cnn)	میانگین X	میانگین Y	میانگین تصحیح شده X	میانگین تصحیح شده Y	تفاوت
۱A	۲۸/۴	۲۸/۴	۲۸/۱۳۸	۲۸/۶۶۲	-۰/۵۲۴	۱A	۳۵/۲	۳۵/۲	۳۴/۹۳۸	۳۵/۴۶۲	-۰/۵۲۴
۱B	۳۱/۶	۳۰/۶	۳۱/۳۳۸	۳۰/۸۶۲	۰/۴۶۷	۱B	۳۹/۲	۳۷/۸	۳۸/۹۳۸	۳۸/۰۶۴	۰/۸۷۶
۱D	۲۹/۸	۳۰/۸۵	۲۹/۵۳۸	۳۱/۱۱۲	۱/۵۷۴	۱D	۳۶	۳۶/۲	۳۵/۷۳۸	۳۶/۴۶۲	-۰/۷۲۴
۲B	۲۸/۴	۳۱/۴	۳۸/۱۳۸	۳۱/۶۶۲	-۳/۵۲۴	۲A	۳۸	۳۷/۶	۳۷/۷۳۸	۳۷/۸۶۲	۱/۰۷۶
۲A	۳۱/۶	۲۹/۱	۳۱/۳۳۸	۲۹/۳۶۲	۱/۹۷۶	۲B	۳۴	۳۴/۸	۳۳/۷۳۸	۳۵/۰۶۲	-۱/۳۲۴
۲D	۲۹/۲	۲۸/۸	۲۸/۹۳۸	۲۹/۰۶۲	-۰/۱۲۴	۲D	۳۶/۶	۳۵/۶	۳۶/۳۳۸	۳۵/۸۶۲	۰/۴۷۶
۳A	۳۲/۴	۳۵/۲	۳۲/۱۳۸	۳۵/۴۶۲	-۳/۳۲۴	۳A	۳۰/۰	۳۲/۴۵	۳۸/۳۸۸	۳۹/۷۱۲	-۱/۳۷۴
۳B	۳۰/۴	۲۷/۴	۳۰/۱۳۸	۲۷/۶۶۲	۲/۴۶۷	۳B	۳۷/۴	۳۶/۶	۳۷/۱۳۸	۳۶/۸۶۲	-۰/۲۷۶
۳D	۳۵/۲	۳۴/۰	۳۴/۹۳۷	۳۴/۸۶۲	۰/۰۷۶	۳D	۲۸۰۴	۳۱	۲۸/۱۳۸	۳۱/۲۶۲	-۳/۱۲۴
۴A	۲۹	۲۸/۸	۲۸/۷۸۳	۲۹/۰۶۲	-۰/۳۲۴	۴A	۳۹/۶	۳۵/۱	۳۹/۳۳۸	۳۵/۳۶۲	۳/۷۶
۴B	۳۱	۲۶/۲	۳۰/۷۳۸	۲۶/۴۶۲	۳/۲۷۶	۴B	۳۵/۶	۳۵/۶	۳۵/۳۳۸	۳۵/۸۶۲	-۰/۵۲۴
۴D	۳۰/۶	۲۸	۳۰/۳۳۸	۲۸/۲۶۲	۲/۰۷۶	۴D	۳۵/۸	۳۷/۲	۳۵/۵۳۸	۳۷/۴۶۲	-۱/۹۲۴
۵A	۳۰/۴	۲۹/۲	۳۰/۱۳۸	۲۹/۴۶۲	۰/۶۷۶	۵A	۳۴/۰	۳۶/۰	۳۳/۷۳۸	۳۶/۲۶۲	-۲/۵۲۴
۵B	۳۵	۳۲/۶	۳۴/۷۳۸	۳۲/۸۶۲	۱/۸۷۶	۵B	۳۳/۴	۳۵/۰	۳۳/۱۳۸	۳۵/۲۶۲	۲/۱۴
۵D	۲۷/۸	۲۸	۲۷/۵۳۸	۲۸/۲۶۲	-۰/۷۲۴	۵D	۳۵/۴	۳۵/۰	۳۵/۱۳۸	۳۵/۲۶۲	۰/۱۲۴
۶A	۳۰/۶	۳۲/۶	۳۰/۳۳۸	۳۲/۸۶۲	-۲/۲۵۴	۶A	۳۶/۰	۳۲/۲	۳۵/۷۳۸	۳۲/۴۶۲	۳/۲۷۶۲
۶B	۳۱/۵	۲۶/۲	۳۱/۲۳۸	۲۶/۸۶۲	۳/۳۷۶	۶B	۳۵/۶	۳۷/۴	۳۵/۳۳۸	۳۷/۶۶۲	-۲/۳۴
۶D	۳۰	۲۹/۸	۲۹/۷۳۸	۳۰/۰۶۲	-۰/۳۲۴	۶D	۳۷/۲	۳۶/۸	۳۶/۹۳۸	۳۷/۰۶۲	-۰/۱۲۴
۷A	۳۱	۲۹/۸	۳۰/۷۳۸	۳۰/۰۶	۰/۶۷۴	۷A	۳۳/۸	۳۶/۸	۳۳/۵۳۸	۳۷/۰۶۲	-۳/۵۲۴
۷B	۳۲/۱	۲۹	۳۱/۸۳۸	۲۹/۲۶۲	۲/۵۷۶	۷B	۳۵/۷	۳۱/۸	۳۵/۴۳۸	۳۲/۰۶۲	۳/۳۷۶
۷D	۳۰	۲۸/۲	۲۹/۷۳۸	۲۸/۴۶۲	۱/۲۷۶	۷D	۳۵/۲	۳۷/۰	۳۴/۹۳۸	۳۷/۲۶۲	-۲/۳۲۴
LSD ٪۵					۴/۰۳۳						۴/۰۳۳

جدول۱۲- تفاوت در وزن هزار دانه (گرم) بین رگه‌های جایگزینی کروموزومی گروه Y و والد دریافت کننده

کروموزم	دریافت کننده		کروموزم	دریافت کننده		کروموزوم	دریافت کننده	
	WI	Cnn		WI	Cnn		WI	Cnn
۱A	-۱	۱	۱B	۱/۶	۳/۲	۱D	۰	۲/۴۵
۲A	۱/۴	۴*	۲B	-۱/۴	۱/۷	۲D	-۰/۶	۱/۴
۳A	-۴/۱*	۷/۸**	۳B	۰/۴	۰	۳D	-۵/۲**	۷/۲**
۴A	۳/۴	۱/۴	۴B	-۰/۶	-۱/۲	۴D	۱	۰/۶
۵A	-۰/۲	۱/۸	۵B	-۱/۲	۲/۲	۵D	-۱/۲	۰/۶
۶A	-۴*	۵/۲*	۶B	۱/۲	-۰/۸	۶D	۰/۶	۲/۴
۷A	۰/۶	۲/۴	۷B	-۴/۴*	۱/۶	۷D	۰/۸	۰/۸
WI-Cnn	۸/۸**							
LSD۰/۰۵	۳/۹۱۷							
LSD۰/۰۱	۵/۲۳۱							

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

مراجع مورد استفاده

REFERENCES

۱.دشتی. ح، ب. یزدی صمدی. ا، صرافی. (۱۳۷۷). تعیین کروموزمهای حامل ژنهای کنترل کننده تاریخ خوشه‌دهی بااستفاده از رگه‌های جایگزین کروموزمی متقابل در گندم زمستانه. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۲۹، شماره ۳، (۴۸۲-۴۷۶).

۲.یزدی صمدی، ب. ع. رضائی، م. ولی زاده. (۱۳۷۶). طرحهای آماری در پژوهشهای کشاورزی. انتشارات دانشگاه تهران.

3.Ghaemi, M. A., Sarrafi. A. and R. Morris. 1998. Reciprocal substitution analysis of embryo induction and plant regeneration from anther culture in wheat. Genome 38: 158-165.

4.Galiba. G., S. A. Quarrie, J. Sutka, A. Morgovnov, and J. W. Snape. 1995. RFLP mapping of the vernalization (vrnl) and frost resistance (Fr) genes on chromosome 5A of Wheat. Theor Appl Genet 90: 1174-1179.

5.Laverne. M. P., and R. P. Pfeifer. 1959. The effect of cotrolled limited moisture seeding growth of Cheyenne winter wheat selection. Agronomy. J.51: 555-557.

6.Law. C. N. 1965. The location of genetic factors affecting a quantitative character in wheat. Genetics, 53: 487-498.

7.Law. C. N. 1967. The location of genetic factors controlling a number of quantitative characters in wheat. Genetics 55: 445-461.

8.Lupton. F. G. H. 1987. Wheat Breeding. Chapman and Hall. London.

9.Masya. F., N. Kawada and Muhammad Tahir. 1992. Relationship between cold resistance, heading traits and ear primordia development of wheat cultivars. Euphytica 64: 123-130.

10.Poehlman J. M., and D. A. Sleper 1996 Breeding field crops. Panima Publishing Corporation/ New Delhi/ Bangalore.

11.Quarrie, S. A., M. Guli, C. Calestani, and A. Steed. 1994. Location of a gene regulating drought – induced abscisic acid production on long arm of chromosome 5A of wheat. Theor Appl Genet 89: 794-800.

12.Russell. L., 1981. The minimum number of genes contributing quantitative variation between and within populations. Genetics 69: 541-553.

13.Snape. J. W., C. N. Law. B. B. Parker and A. J. Worland. 1985. Genetical analysis of chromosome 5A of wheat and influence on important agronomic characters. Theor Appl Genet, 71: 518-526.

14.Zemetra. R. S. and R. Morris. 1988. Effects of an intercultivaral chromosome substitution on winter hardiness and vernalization in wheat. Genetics. 79: 453-456.

15. Zemetra. R. S., and J. W. Schmidt. 1986. Gene location for heading date using reciprocal chromosome substitutions In winter wheat. Crop. Sci. 26: 531-533.

Iranian, J. Agric. Sci. Vol,32, No.2, 2001

Gene Locations and Number of Genes for Heading Date and Grain Weight in Wheat, Using Reciprocal Chromosome Substitution Lines

H.DASHTI[1], B.YAZDI-SAMADI[2], M.R.GHANADHA[3], C. ABD-MISHANI[4] AND A.SARAFI[5]
1-4, Former Ph.D Student , Professor , Assistant Professor and Professor
5- Professor of Tolouz University` France
Accepted, Nov. 1, 2000

SUMMARY

To identify genes in wheat (*T. aestivum* L.), The first step is detecting chromosomes that carry interesting traits. In order to search out chromosomes involved in heading date and grain weight, reciprocal sets of chromosome substitiution lines in duplicate between two winter wheat cultivars, Cheyenne and Wichita, were used. Two experiments were sown in adjacent in complete block designs with two replications for each duplicate. Heading dates recorded when 50% of plants in a plot had their spikes emerged. Heading date was considered as the number of days from an arbitrary date to the time of heading. Grain weight was determind by weighing 250 grains for each genotype in two replications.The populations of P1 , P2, F1 and F2 derived from the cross of Wichita ×Cheyenne were sown in field for estimating the minimum number of effective genes contributing heading date. Heading date was recorded for each plant when the main spike had emerged. Results showed that Wichita carries major genes on 3A, 3D that accelerate heading date and Cheyenne had major genes on 3A, 3D and 6A that delay heading date. In addition, Cheyenne carries genes for heading date with minor effects on 1D and 4D. Wichita carries genes with major effects on 3A and 3D and genes with minor effects on 2A and 6A that increase grain weight. However, Cheyenne carries genes with major effects on 3A and 3D and genes with minor effects on 6A and 7A that decrease grain weight. The minimum number of effective genes contributing to heading date in field conditions was estimated (2.38) and standard error of this estimate was (0.91), that almost coincide with results obtained from chromosomal experiments.

Key words: No. of genes, Chromosome, Heading date, Seed weight, Substitution lines, Wheat.