

الفعل المورثي وتحديد كمية الجينات السائدة والمتنحية في الحنطة (*Triticum aestivum* L.)

ياسر حمد حمادة¹ جاسم محمد عزيز الجبوري²

- ¹ كلية العلوم - جامعة كركوك
- ² كلية الزراعة - جامعة تكريت
- البحث مستل من أطروحة الدكتوراه للباحث الأول
- تاريخ استلام البحث 2018/10/11 وقبوله 2018/11/15

الخلاصة

زرعت تسعة اصناف من الحنطة وهجائنها التبادلية دون العكسية باستخدام تصميم القطاعات العشوائية الكاملة (RCBD) وبثلاث مكررات في قضاء الحويجة - محافظة كركوك بتاريخ 15 - تشرين الثاني - 2012، لتقدير بعض المعلمات الوراثية للتعرف على طبيعة عمل المورثات وفقاً لطريقة Hayman (1954) وتقدير نسب الجينات السائدة والمتنحية في كل اب أوضح تحليل التباين للتراكيب الوراثية ان هناك اختلافات معنوية بينها وان المكونات الوراثية الاضافية والسيادية كانت معنوية لجميع الصفات ، وكانت قيمة التباين الوراثي السيادةي أكثر أهمية من الاضافي لجميع الصفات ، وكانت قيم (h^2) معنوية لصفات عدد الحبوب في السنبله وعدد السنابل والحاصل البيولوجي، ويتبين ان معدل درجة السيادة زاد عن الواحد الصحيح لجميع الصفات دليلاً على وجود السيادة الفائقة ، كما ان قيمة KD / KR زادت عن الواحد الصحيح لجميع الصفات مشيراً الى زيادة الجينات السائدة في الاء ، وان قيم pq اقل من (0.25) لجميع الصفات مما يدل على توزيع غير منتظم للليلات ، اما التوريث بمعناه الضيق فكان منخفضاً في جميع الصفات وكان التحسين الوراثي المتوقع كنسبة مئوية متوسطة لصفة الحاصل البيولوجي و واطناً لبقية الصفات ، وكان الاب (1-25) أعلى الاء في متوسطة وكبر درجة سيادته لصفة عدد الحبوب في السنبله ، لوحظ ان الابوين (1-25) و(الرشيد) كانا من اكثر الاء وقوعاً في الجزء الاول الذي يحتوي من (75-100%) من الجينات السائدة.

الكلمات المفتاحية: اصناف الحنطة ، الفعل المورثي ، نسبة الجينات السائدة والمتنحية.

The Genetic Action and Determine the Amount of Dominant and Recessive Genes in The Wheat (*Triticum aestivum* L.)

Yasir Hamad Hummada¹

Jasim Mohammed Aziz²

¹ College of Sciences – Kirkuk University

² College of Agriculture – Tikrit University

Abstract

Nine cultivars of wheat and its reciprocal crosses with un verse by RCBD design with three replicates to estimate some genetic parameters to know the nature genetic action by Hayman (1954) method and to estimate ratio of dominant and recessive genes in every parent . Analysis of variance of genotypes was showed significantly differences between them and the additive, dominance genetic components were significant for all the traits ,and the value of dominant genetic variance was more important from the additive for all the traits ,the average degree of dominance increased on one for all traits, which caused over dominance, and KD/KR value increased on one for all the traits which refers to increasing in dominance genes in the parents, and values of pq were less than (0.25) for all the traits , while (h^2) was significant in number of spike/plant, biological yield and number of grains per spike, and the expected genetic advance as a percentage was moderate for biological yield, ,and was lower for other traits . It was shown from the sequence of parents according to their means and degree of dominance, that parent (1 - 25) was higher in grains of spike. the parents 1 – 25 and AL-Rashed were parent among situates in one part for content from (75-100%) from dominance genes in for most studied characters.

Key words: Wheat varieties , Genetic Action , Dominant and Recessive Genes

المقدمة

تعد الحنطة (*Triticum spp.*) من المحاصيل الاستراتيجية التي تركزت عليها الدراسات الوراثية لأنها الغذاء الأساسي للإنسان ولأن الحاجة إليها تزداد ولضمان الاحتياج السكاني المتزايد مستقبلاً أصبح من الضروري الاهتمام ببرامج الوراثة لاستنباط تراكيب وراثية جديدة تمتاز بزيادة إنتاجيتها في وحدة المساحة وبمواصفات النوعية الجيدة وذلك عن طريق الانتخاب في الأجيال الانعزالية المتعاقبة وتقييم أداء المنتخبات لاعتماد المتفوق منها في حاصل الحبوب على الآباء والأصناف المحلية وتحت الظروف البيئية السائدة في القطر لأطلاقها كأصناف جديدة بدلاً من المحلية التي تتعرض صفاتها إلى التدهور نتيجة للخلط الوراثي أو الميكانيكي. وتعد طريقة التهجينات التبادلية بأنظمتها المختلفة واحدة من أهم ما توصل إليه الباحثون في تربية هذا المحصول وغيره من المحاصيل الأخرى التي يمكن من خلالها التعرف على السلوك الوراثي لصفات هذا المحصول الحقلية والإنتاجية. (الحمادي ويوسف، 2006). إن أهمية الفعل الجيني الذي عرفه حسن (2005) بأنه طريقة تعبير الجينات عن ذاتها في العشيرة الوراثية، يعد وجود التباين الوراثي أساسياً لانتخاب تراكيب وراثية متفوقة في صفاتها، حيث إن التباين هو الأداة الفاعلة والمؤثرة على كفاءة الانتخاب، يعد (Fisher 1918) أول من جزأ التباين الوراثي إلى التباين الوراثي الإضافي (A) والتباين الوراثي السادي (D) إذ توصل العديد من الباحثين ومنهم Akram وآخرون (2009) الذين وجدوا أن التباين الإضافي (D) والتباين السادي (H1 و H2) ذات معنوية في صفات ارتفاع النبات وعدد السنابل/نبات وعدد الحبوب/ سنبله ووزن 1000 حبة وتباين الدراسات في أهمية الفعل الجيني الإضافي وغير الإضافي في توريث الصفات. إن متوسط التكرار النسبي للجينات (F) كانت معنوية في صفات ارتفاع النبات وعدد السنابل/نبات ووزن 1000 حبة وهذا ما أكدته الحمادي (2006) والنعمي (2006)، وفي درجة السيادة وجد كل من Ozberk و Coskun (2008) سيادة فائقة لصفتي حاصل الحبوب وعدد الحبوب/ سنبله، ووجد الطويل (2009) سيادة فائقة لعدد السنابل وارتفاع النبات ووزن 1000 حبة وعدد الحبوب/ سنبله، وتوصل يوسف وحمادون (2013) على السيادة الفائقة لعدد السنابل/نبات وعدد الحبوب وارتفاع النبات، كما إن قيم H2/4H1 كانت أقل من 0.25 لجميع الصفات والتي تدل على أن التوزيع غير متساوي لتكرار الأليلات الموجبة والسالبة في الإباء (الطويل، 2009، و Nazeer و آخرون، 2011). وإن قيمة التوريث تراوحت من منخفضة إلى متوسطة للصفات المدروسة وهذا ما أكدته نتائج الليلة وناميدي، (2008) و الطويل، (2009) والبدراني وآخرون، (2012) و يوسف وحمادون (2013)، وقدم Kempthorne (1969) معادلة لتقدير التحسين الوراثي المتوقع بوصفه نسبة مئوية من المتوسط وتراوحت قيمها بين منخفضة ومتوسطة، درس عزيز (2012) تحديد نسبة الجينات السائدة والمتحيزة في الآباء في محصول قطن الأبلند، وكذلك حدد العبيدي (2014) نسبة الجينات السائدة والمتحيزة في الآباء في حنطة الخبز.

المواد وطرائق البحث

استعملت في هذه الدراسة تسعة تراكيب وراثية من حنطة الخبز (*Triticum aestivum* L.) كآباء وهي: (انتصار و شام 6 و تموز 2 و أبأ 99 و 11-1 و 25-1 و 3-1 و العراق و الرشيد) والتي تم الحصول عليها من قسم المحاصيل الحقلية كلية الزراعة جامعة تكريت، زرعت البذور بموعدين في حقول كلية الزراعة / جامعة تكريت الأولى بتاريخ 15 تشرين الثاني - 2012 والثاني بتاريخ 25 تشرين الثاني 2012 وذلك لضمان الحصول على فترة كافية من التوافق في التزهير بين التراكيب الوراثية لإجراء أكبر عدد ممكن من التهجينات، وتم أعداد الأرض جيداً من حرثها وتسوية وتقسيم الحقل. أجري التهجين التبادلي باتجاه واحد (من دون التهجينات العكسية) إذ بلغ عدد الهجن الناتجة ستة وثلاثون، حصدت بذور كل تهجين مع آباءها عند النضج بصورة منفصلة ثم خزنت للموسم اللاحق، زرعت بذور الأصناف الأبوية التسعة وهجنها التبادلية النصفية والبالغة ستة وثلاثون هجيناً في حقل أحد المزارعين في قضاء الحويجة في منتصف تشرين الثاني للموسم 2013 باستخدام تصميم القطاعات العشوائية الكاملة Randomized Complete Block Design وبثلاثة مكررات، احتوى كل مكرر على خمسة وأربعين خطاً طول كل منها مترين (كل خط لنمط وراثي واحد) وزرع في كل خط عشرين نبات بمسافة 10 سم بين نبات وآخر، و60 سم بين خط وآخر، واخذت البيانات على أساس النباتات الفردية لصفات (المدة إلى طرد السنابل / يوم) وعدد الحبوب / سنبله ووزن الف حبة (غم) وعدد السنابل / نبات وحاصل النبات الفردي / (غم) والحاصل البيولوجي (غم)، أجري التحليل للبيانات حسب طريقة Jinks-Hayman للهجن التبادلية المقترحة من جنكز Jinks (1954) وهايمان Hayman (1954 و 1958) إذ إن هذا التحليل يعطي قدراً كبيراً من المعلومات عن مجموعة السلالات النقية، ونسلها بعد التأكد من تحقق الفرضيات اللازمة. ومنها تقدير المعلمات الإحصائية الآتية: MP (MLO) متوسط الآباء و VP ($VoLo$) تباين الآباء و $\bar{M}F$ ($ML1$) متوسط الأجيال الأولى و Vri تباين الأب i ونسله و $\bar{V}r$ ($VIL1$) متوسطات تباين أعمدة array الجيل الأول و Vf ($VoL1$) تباين متوسطات أعمدة الجيل الأول و Wri التباين المشترك بين النسل (الجيل الأول) والآباء و $\bar{W}r$ ($WoL1$) متوسط التباين المشترك لأعمدة الجيل الأول. واستخدمت جميع هذه الإحصائيات في حساب المكونات الوراثية في الصفات جميعها ومنها: E المكون البيئي للتباين المتوقع و D وهو التباين العائد إلى التأثير الإضافي للجينات و H1 التباين العائد إلى التأثيرات السائدة للجينات ينتج عن مجموع h^2 التي تمثل مجموع التأثيرات السائدة للمواقع الخليطة و H2 التباين السادي الذي ينتج عن زيادة h^2 في جميع الجينات الانعزالية والذي يساوي H1 عندما يكون التكرار الجيني يساوي 1/2 و F الذي يعطي تقدير التكرار النسبي للأليلات السائدة إلى المتحيزة في الآباء، وتم حساب النسب الوراثية $(H1/D)^{1/2}$ التي تعبر عن معدل درجة السيادة، وتدل قيمتها المساوية للصفر على عدم وجود سيادة، وبين الصفر والواحد على سيادة جزئية، أما إذا زادت على الواحد تدل على السيادة الفائقة، و H2/4H1، وتدل على نسبة الجينات بالتأثيرات الموجبة والسالبة في الآباء، وعندما تكون النسبة مساوية 0.25 تدل على التوزيع المتماثل للجينات الموجبة والسالبة. والنسبة $F/(4DH1)^{1/2} + F$ التي تدل على نسب الجينات السائدة والمتحيزة في الآباء، فإذا كانت قيمتها مساوية للواحد تدل على تساوي نسب

الجينات السائدة والمتنحية في الآباء، والأقل من الواحد تدل على زيادة في الجينات المتنحية، في حين الأعلى من الواحد تدل على زيادة في الجينات السائدة. والنسبة $h^2/H2$ تشير إلى عدد مجاميع الجينات التي تسيطر على الصفة ولها سلوك سيادي. وكذلك قدر التوريث بالمعنى الضيق والتحسين الوراثي المتوقع لكل صفة كما شرحها Mather و Jinks (1982) و Singh و Chaudhary (2007)، وتم اعتماد حدود التوريث بالمعنى الضيق بحسب ما ذكره (العذاري، 1999) وكما يأتي: أقل من 20% منخفض ومن 20% - 50% متوسطة وأكثر من 50% عالية. واعتمدت الحدود التي أشار إليها Robinson (1966)، Ahmad و Agarwal (1982) للتحسين الوراثي المتوقع أقل من 10% منخفضة ومن 10%-30% متوسطة وأكثر من 30% عالية. تم تحديد الجينات السائدة والمتنحية بالاعتماد على الطريقة الموصوفة من قبل عزيز (2012) إذ تم رسم منحنى القطع المكافئ تم تقدير قيم Wr^* المتنبئ بها وفقاً للمعادلة $Wr^*=(Volo*Vr)$ من خلال قيم Vr ويرسم المنحنى من قيم (Vr, Wr^*) ولكي تكون قيم Vr مناسبة تم اختيار مسافات ضيقة في البداية ثم تزداد في النهاية. أما خط الانحدار $Wr=a+bVr$ فيقدر على اعتبار ان قيم Vr هي متغير مستقل وقيم Wr متغير تابع وتقدير مجموع مربعاتها وحاصل الضرب بينهما وفق للمعادلات التالية

$$S_{Vv} = \sum V^2 r - (\sum vr)^2 / n$$

$$S_{Ww} = \sum w^2 r - (\sum wr)^2 / n$$

$$S_{Vw} = \sum VrWr - (\sum vr)(\sum wr) / n$$

ويحسب معامل الانحدار $b = S_{Vw}/S_{Vv}$ وتقدر قيمة a حيث $a = w' - bv'$ وتقدر منها قيم Wr المتنبئ بها من المعادلة $Wr = a + bVr$ = عندما تكون قيمة $Vr = 0$ وأخرى من بين القيم الكيفية الكبيرة التي تم اختيارها وفقاً لحدود قيم Vr للصفة المدروسة ويرسم خط الانحدار بين هاتين النقطتين. ولإيجاد معادلة $Wr' = a' + Vr$ حيث ان قيمة a' تقدر من المعادلة $a' = w'r - v'r$ ولايجاد النقاط التي يقطع فيها خط انحدار هذا المنحنى للقطع المكافئ يتم تحديد قيم Vx_0 و Vx_s من المعادلات التالية كما

بينها Efe (1995)

$$Vx_0 = 0.5\{Volo - [Volo(Volo - 4a')]\}^{0.5} - a'$$

$$Vx_s = 0.5\{Volo + [Volo(Volo - 4a')]\}^{0.5} - a'$$

ويلاحظ ان $Wr' = Wr^*$ وهذا يعتمد عليه في ان الباحث في الاتجاه الصحيح

$$Wr' = Wr^* = a' + Vr = [Volo * Vr]^{0.5}$$

ان خط الانحدار يقطع منحنى الخط المكافئ عند هاتين النقطتين .

تم تقسيم خط الانحدار الى اربعة اقسام متساوية والمحصورة بين نقطتين Vx_0 و Vx_s والتي من خلالها يمكن تحديد نسبة الجينات السائدة و الجينات المتنحية لكل اب، حيث ان الجزء الاول القريب من نقطة الاصل يحتوي على كميات من الجينات السائدة من 75 - 100 % وفي الجزء الثاني من 50-75% وان الجزء الثالث من 25-50% وفي الجزء الرابع من 0-25% (Singh و Chaudhary، 2007) وبالاعتماد على Efe (1996) إذ تم تحديد مسافة نقطتي تقاطع خط الانحدار و منحنى الخط المكافئ من خلال المعادلة التالية

$$m = Vx_s - Vx_0$$

وهذه المسافة تم تجزئتها الى اربعة اقسام متساوية باستعمال المعادلات التالية.

$$Vx_1 = Vx_0 + 1m/4$$

$$Vx_2 = Vx_0 + 2m/4$$

$$Vx_3 = Vx_0 + 3m/4$$

وبالاعتماد على المعادلة $W' = a' + Vr$ يتم التنبؤ بالقيم $w'x_1, w'x_2, w'x_3$ واعتماد على النقاط الثلاثة $(W'x_1, Vx_1)$ و $(W'x_2, Vx_2)$ و $(W'x_3, Vx_3)$ والتي تقع على خط OS والتي ستقسمه الى اربعة اقسام متساوية من خلال رسم خط يمر من خلالها باتجاه المحور السيني والمحور الصادي بزواوية 90.

ولتقدير قيمة الجينات السائدة والمتنحية في كل اب يتم وفقاً للمعادلات التالية :

$$W'r = a' + Vr$$

$$ef = Wr - W'r$$

$$Vrr = Vr + ef/2$$

$$mr = Vrr - Vx_0$$

$$m = Vx_s - Vx_0$$

ولتقدير نسبة الجينات المتنحية الكلية في كل اب (r) من المعادلة

$$\%Rr = (mr/m) * 100$$

أما تقدير نسبة الجينات السائدة الكلية في كل اب (r) فتحسب من $\%Dr = 100 - \%Rr$.

النتائج والمناقشة

يبين الجدول (1) أن التراكيب الوراثية اختلفت معنوياً في جميع الصفات المدروسة عند مستوى احتمال 1%، مما يستدعي الاستمرار في دراسة السلوك الوراثي لها، ومعرفة الفعل الجيني الذي يتحكم في وراثته هذه الصفات، وهذا ما شار إليه، الصواف (2012) والجبوري (2014).

جدول (1) نتائج تحليل التباين للتراكيب الوراثية (آباء + هجانن) وتجزئتها الى القدرتين العامة والخاصة في الاتحاد

متوسط المربعات M.S						درجات الحرية	مصادر الاختلاف
الحاصل البيولوجي	حاصل النبات الفردي (غم)	عدد السنابل	وزن 1000 حبة (غم)	عدد الحبوب بالسنبلة	فترة طرد السنابل (يوم)		
45,887	62,605	40,096	58,270	56,663	58,066	2	المكررات
**711,329	**73,002	**11,874	**92,569	**256,847	**35,978	44	التراكيب الوراثية
1,373	0,541	0,083	1,885	2,455	1,596	88	الخطا التجريبي

يبين الجدول (2) بيانات الثوابت الاحصائية التي تم حسابها وهي تقدير متوسط الاباء (\bar{P}) ومتوسط الهجن ($\bar{F1}$) و تباين الاباء (vp) ومتوسط تباين الأعمدة (\bar{vr}) وتباين متوسط الأعمدة ($v\bar{r}$) ومتوسط التباين المشترك لأعمدة الجيل الاول (\bar{wr}) التي استخدمت في تقدير المكونات الوراثية للصفات الحقلية والحاصل ومكوناته.

جدول (2) تقدير قيم بعض الثوابت الاحصائية للصفات الحقلية والحاصل ومكوناته

الحاصل البيولوجي	حاصل النبات الفردي (غم)	عدد السنابل	وزن 1000 حبة (غم)	عدد الحبوب بالسنبلة	فترة طرد السنابل (يوم)	الصفات
						الثوابت الوراثية
61,79	19,79	9,28	35,47	61,03	126,33	\bar{P}
50,80	18,72	7,95	36,33	65,47	127,36	$\bar{F1}$
526,04	33,52	3,69	42,29	106,76	14,38	VP
195,44	24,06	3,90	29,97	80,97	10,63	\bar{Vr}
25,17	1,85	0,34	2,98	9,93	2,33	\bar{Vr}
38,85	2,30	0,35	2,16	17,01	4,33	\bar{Wr}

يبين الجدول (3) مكونات التباين المظهري وبعض المعالم الوراثية، وفيه يتضح ان التباين الاضافي (D) كان معنوياً عن الصفر لمعظم الصفات وهي وعدد السنابل و والفترة الى طرد السنابل والحاصل البيولوجي وعدد الحبوب في السنبلة وحاصل النبات الفردي ووزن الف حبة و وهذا تأكيد على ان دور التأثير الوراثي الإضافي بارز في تحديد هذه الصفات وهو يتماشى مع : الحمداني (2006). اما التباين السياتي بالمكونين $H1$ و $H2$ كان معنوياً في جميع الصفات المدروسة، ويظهر أن قيم $H2$ كانت أقل من $H1$ فيها، وهذا يشير الى ان التكرارات الاليلية غير متساوية لهذه الصفات، وعند الاخذ بنظر الاعتبار قيم كلا التباينين الاضافي (D) والسياتي ($H1$ و $H2$) يتضح ان التباين الوراثي السياتي $H1$ و $H2$ كان اكبر في قيمته من التباين الاضافي لجميع الصفات، وهذا يتفق مع والنعمي (2006) والعبيدي (2014). اما بالنسبة لقيم F و (\bar{wr}) تمثل متوسط التكرار النسبي للجينات السائدة والمتنحية في الآباء فاذا كانت موجبة فأنها تدل على زيادة في الجينات السائدة، واذا كانت سالبة فأنها تدل على زيادة في الجينات المتنحية) فكانت معنوية موجبة في كل الصفات. وقد عززت هذه النتيجة قيم (KD/KR) التي كانت اكبر من واحد لهذه الصفات. وهذا يتماشى مع الحمداني (2006) و الحمداني و يوسف (2006) والعبيدي (2014). اما بالنسبة لقيم (h^2) التي (تعبّر عن مجموع التأثيرات السيادة للمواقع الخليطة) فقد كانت معنوية في صفات عدد السنابل والحاصل البيولوجي وعدد الحبوب في السنبلة وهذا دليل على وجود تأثيرات سيادية للمواقع الخليطة لهذه الصفات، اما بقية الصفات لم تصل حد المعنوية. اما بالنسبة للتباين البيئي (E) فكان غير معنوي ولجميع الصفات وهذا يدل على ان التأثير البيئي قليل التحكم في هذه الصفات. يبين الجدول (4) نسب الثوابت الوراثية للصفات المدروسة ويلاحظ ان معدل درجة السيادة (\bar{a}) ($H1/D$) وهي تمثل النسبة السيادة الاضافية ويلاحظ ان قيمتها اكبر من الواحد الصحيح ولجميع الصفات وهذا يدل على ان السيادة الفائقة هي التي تتحكم بوراثته هذه الصفات وهذا يتفق مع Rahman و اخرون (2003) و Habib و Khan (2003) Ahmed و اخرون (2007) و Ozberk و Coskun (2008). وبالنسبة للاليلات السائدة الى المتنحية (KD/KR) فكانت قيمها اكبر من الواحد الصحيح لجميع الصفات هذا دليل على زيادة الجينات السائدة في التراكيب الوراثية للصفات المدروسة، و يتماشى مع Kashif و اخرون (2003) والنعمي (2006).

جدول (3) المكونات الوراثية للصفات الحقلية والحاصل ومكوناته

الصفات الثابتة الوراثية	فترة طرد السنابل	عدد الحبوب بالسنبلة	وزن 1000 حبة (غم)	عدد السنابل	حاصل النبات الفردي (غم)	الحاصل البيولوجي
D	13,44	105,53	41,25	3,90	32,89	525,25
S.E	± 3,58	± 37,14	± 16,32	± 1,34	± 10,09	± 108,09
H1	36,95	359,185	150,64	18,01	118,80	1150,251
S.E	± 7,91	± 81,98	± 36,02	± 2,96	± 22,28	± 238,57
H2	31,30	281,73	105,89	14,12	87,56	679,54
S.E	± 6,7	± 70,48	± 30,97	± 2,54	± 19,15	± 205,09
F	9,97	143,54	74,32	6,44	56,86	895,47
S.E	± 8,36	± 86,65	± 38,07	± 3,13	± 32,54	± 252,16
h ²	2,96	66,21	1,86	5,52	3,37	381,57
S.E	± 4,56	± 47,21	± 20,74	± 1,70	± 12,83	± 137,39
E	0,950	1,220	1,046	0,057	0,640	0,787
S,E	± 1,133	± 11,746	± 16,5	± 0,423	± 3,19	± 34,18

اما قيم ($K = \frac{h^2}{H^2}$) فكانت أقل من الواحد الصحيح ولجميع الصفات هذا يدل على ان مجموع واحدة من المجاميع الجينية التي تتحكم في هذه الصفات لاتظهر لسيادته. وكانت قيم التكرار الجيني للاليلات السائدة الى المتتحة ($\bar{p}\bar{q}$) أقل من (0,25) لجميع الصفات المدروسة وهذا يشير الى ان توزيع هذه الاليلات بين الاباء كان غير منتظم وهذا يتماشى مع النتائج التي وجدها واخرون و Nazeer و اخرون (2011) والعبيدي (2014) ، اما التوريث بمعناه الضيق فكان منخفضاً في جميع الصفات عدا الفترة الى طرد السنابل كانت متوسطة ، وتروحت قيمته من 14,00% لحاصل النبات الفردي و 34,00% للفترة الى طرد السنابل وهذا يعود الى انخفاض قيمة التباين الوراثي الاضافي وارتفاع قيمة التباين الوراثي السيادة في هذه الصفات . وهذا يتماشى مع عزيز(2012) و الليله وثاميدي (2008) والعبيدي (2014). وكان التحسين الوراثي المتوقع كنسبة مئوية متوسطة (10-30%) لصفة الحاصل البيولوجي واطناً (أقل من 10%) لبقية الصفات وهذا ناتج عن انخفاض قيم درجة التوريث بالمعنى الضيق في هذه الصفات المدروسة الناتج من ارتفاع قيم التباين السيادة مقارنة بالتباين الاضافي لها ، وهذا يتماشى مع Kole (2006) و Kumar (2008) و Brothe (2010) . يبين الجدول (5) تسلسل الاباء حسب متوسطات قيمها ودرجة سيادتها للصفات المدروسة ، لمعرفة الاباء التي تجمع بين متوسط الصفة العالي وكبير درجة السيادة للاستفادة منها في برامج التربية اذ يلاحظ ان الأب (6) كان اعلى الاباء في متوسطة وكبير درجة سيادته لصفة عدد الحبوب في السنبلة وكان تسلسل الاب (9) بحسب متوسط قيم الاباء الاول في صفات المدة الى طرد السنابل والحاصل البيولوجي وحاصل النبات الفردي ووزن الف حبة والاب (2) بحسب متوسط قيم الاباء الاول في صفة عدد السنابل ، كانت الاباء تختلف في تسلسل متوسطات والاب (3) كان تسلسله الأول بحسب كبير درجة سيادته في وعدد السنابل والحاصل البيولوجي ووزن الف حبة والأب(8) بحسب كبير درجة سيادته الأول في صفة المدة الى طرد السنابل والاب (1) كان تسلسله الأول بحسب كبير درجة سيادته في صفة حاصل النبات الفردي وهذا يدل على وجود مؤثرات أخرى غير السيادة لها أثرها في إنتلاف ترتيب قيم هذه الاباء وهذا ما لاحظته أيضا العبيدي (2014)

جدول (4) نسب المكونات الوراثية للصفات الحقلية والحاصل ومكوناته

الصفات الثابتة الوراثية	فترة طرد السنابل	عدد الحبوب بالسنبلة	وزن 1000 حبة (غم)	عدد السنابل	حاصل النبات الفردي (غم)	الحاصل البيولوجي
$\bar{a} = \sqrt{\frac{H1}{D}}$	1,65	1,8	1,9	2,15	1,9	1,47
$\frac{KD}{KR}$	1,58	2,2	2,8	2,24	2,7	3,71
$K = \frac{h^2}{H^2}$	0,09	0,2	0,02	0,4	0,04	0,6
$\bar{p}\bar{q}$	0,21	0,20	0,18	2,20	0,18	0,15
heritability	0,34	0,22	0,18	0,16	0,14	0,23
E.G.A	2,282	3,924	2,003	0,55	1,415	9,1632
E.G.A(%)	1,799	6,211	5,57	6,38	7,28	16,27

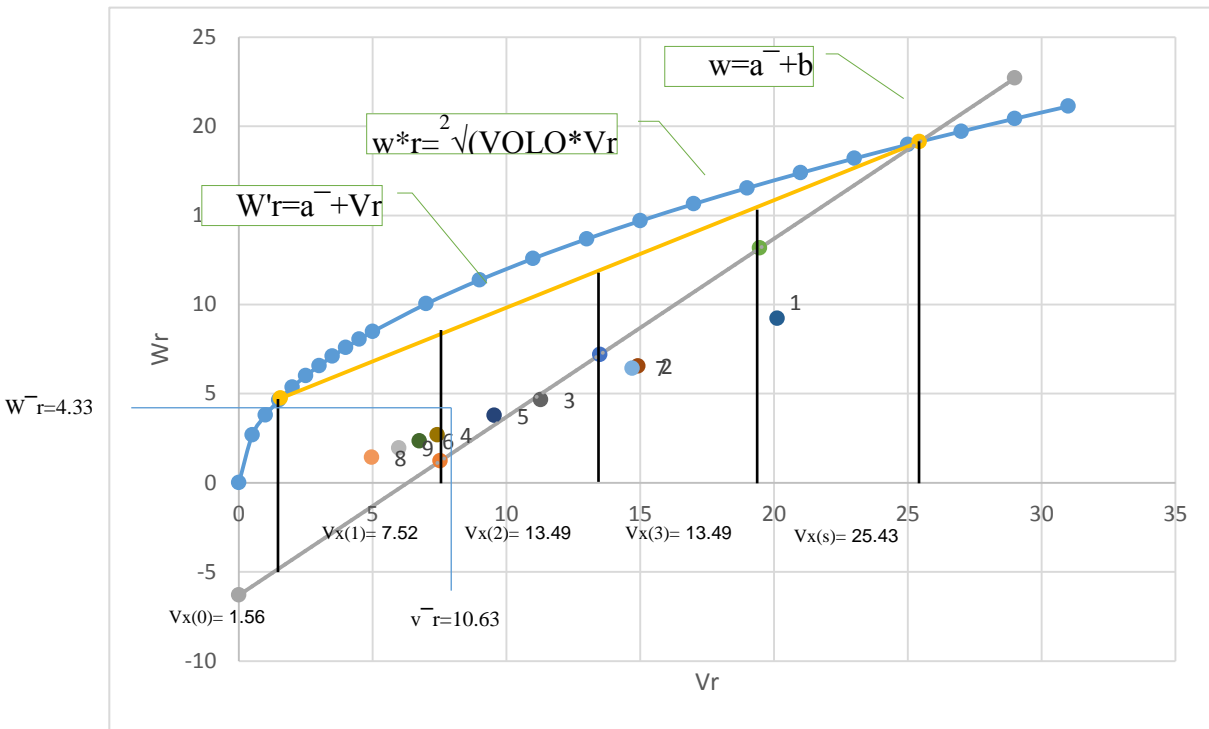
جدول (5) تسلسل الآباء حسب متوسطات قيمها ودرجة السيادة لجميع الصفات المدروسة

الصفات	تسلسل الآباء حسب متوسطات قيمها yi اعلى ← اقل	تسلسل الآباء حسب درجة السيادة xi سائد ← متحي
عدد السنابل	4,5,3,8,6,9,1,7,2	7,5,1,4,2,6,9,8,3
فترة طرد السنابل	5,1,7,3,4,8,2,6,9	1,2,7,3,5,4,6,9,8
الحاصل البايولوجي	5,3,1,4,7,6,8,2,9	9,2,5,8,1,7,4,6,3
عدد الحبوب بالسنبلة	1,2,7,5,8,9,3,4,6	2,1,3,8,4,5,7,9,6
حاصل النبات الفردي	5,3,4,1,6,8,2,7,9	7,9,5,4,1,2,8,3,1
وزن 1000 حبة	6,3,4,5,2,1,7,8,9	2,6,8,4,7,9,1,5,3

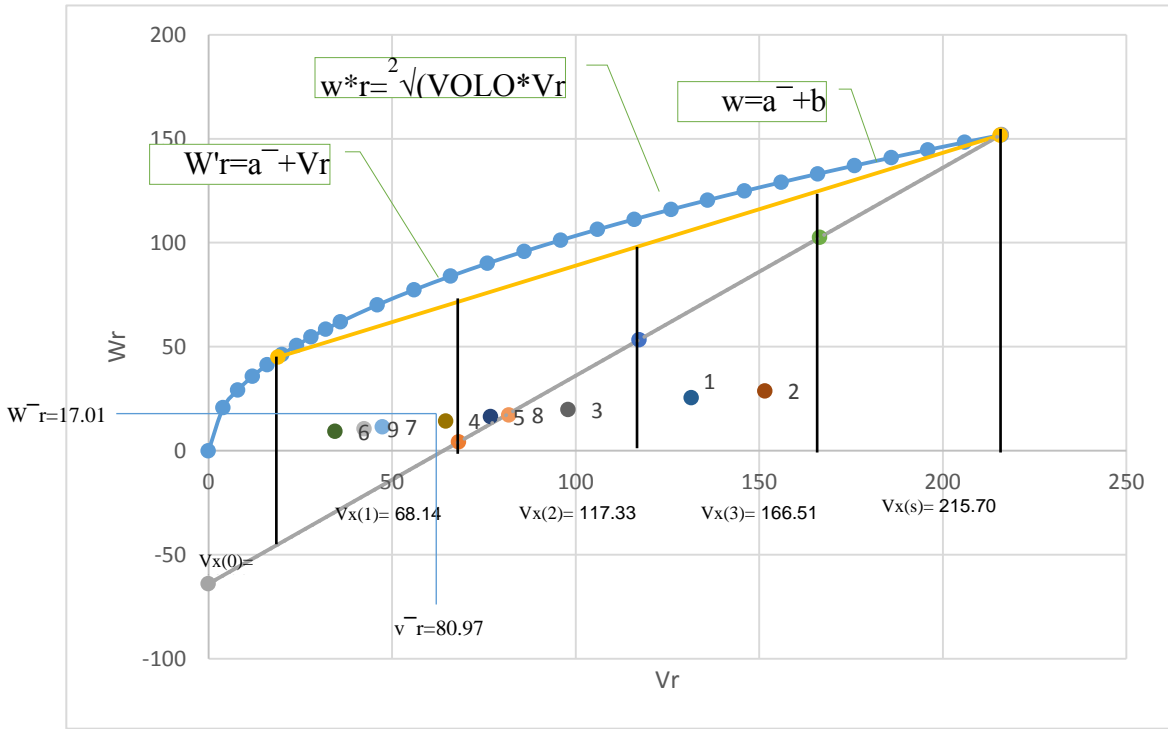
من خلال نتائج الجدول (6) والاشكال من (1 الى 6) يلاحظ ان خط الانحدار قطع المحور (vr) اسفل نقطة الأصل ولجميع الصفات وهذا يدل على ان السيادة فائقة لهذه الصفات وهذه النتائج تتفق مع نتائج تحليل هابمان الواردة في الجدول (4) والذي يظهر بأن درجة السيادة كانت قيمتها أكثر من الواحد ولجميع الصفات . اما موقع الآباء اعتمادا على نسبة الجينات السائدة والمتنحية ففي صفة المدة الى طرد السنابل فيلاحظ من الشكل (1) والجدول (6) ان الابوين (8) و(9) قد وقعا في الجزء الأول الذي يحتوي على (75-100%) من الجينات السائدة وقد بلغا (80,0%) في الاب (8) و (76,7%) في الاب (9) . اما الآباء (3) و(4) و(5) و(6) فكانت في الجزء الثاني والذي يحتوي من (50-75%) من الجينات السائدة وتراوحت من (74,3%) في الاب (6) و (59,9%) في الاب (3) ، ووقعت الآباء (1) و(2) و(7) في الجزء الثالث الذي يحتوي من (25-50%) من الجينات السائدة وتراوحت من (31,9%) في الاب (1) و (49,1%) في الاب (7) وهذه الآباء التي تحتوي على نسبة اقل من الجينات السائدة في هذه الصفة يمكن اعتمادها في تطوير اصناف مبكرة في طرد السنابل، اما صفة عدد الحبوب في السنبلة فيلاحظ من الشكل (7) والجدول (13) ان الآباء (6) و(7) و(9) قد ظهوروا في الجزء الأول والذي يحتوي على (75-100%) من الجينات السائدة وقد تراوحت بين (82,3%) في الاب (6) و (78,4%) في الاب (7) ووقع الآباء (1) و(3) و(4) و(5) و(8) في الجزء الثاني الذي يحتوي من (50-75%) من الجينات السائدة وقد تراوحت بين (73,3%) في الاب (4) و (53,5%) في الاب (1) بينما كان الاب (2) يمتلك اقل نسبة من الجينات السائدة إذ بلغ (47,5%) إذ وقع في الجزء الثالث من تقسيمات خط الانحدار، اما صفة وزن 1000 حبة فيلاحظ من الشكل (9) والجدول (12) ان الآباء (1) و(3) و(5) و(7) و(9) وقعت في الجزء الأول الذي يحتوي (75-100%) من الجينات السائدة إذ تراوحت بين (79,8%) في الاب (3) و (76,8%) في الاب (7) ، اما الآباء (2) و(4) و(6) و(8) وقعت في الجزء الثاني الذي يحتوي (50-75%) من الجينات السائدة وقد تراوحت بين (74,4%) في الاب (4) و (65,0%) في الاب (2) ، اما صفة عدد السنابل فيلاحظ من الشكل (3) والجدول (6) ان الآباء (3) و(6) و(8) و(9) وقع في الجزء الأول والذي يحتوي من (75-100%) من الجينات السائدة وكانت نسبة الجينات في هذا الآباء تتراوح بين (95,8%) ، في الأب (3) و (78,1%) في الأب (6) اما الآباء (1) و(2) و(4) و(5) فكانت في الجزء الثاني والذي يحتوي من (50-75%) من الجينات السائدة ، و لصفة حاصل النبات الفردي ومن الشكل (8) و الجدول (6) يلاحظ ان الابوين (3) و(6) قد وقعا في الجزء الأول الذي يحتوي (75-100%) من الجينات السائدة وقد بلغت (85,1%) في الاب (3) و (86,3%) في الاب (6) . اما بقية الآباء فقد وقعت في الجزء الثاني الذي يحتوي من (50-75%) من الجينات السائدة وقد تراوحت بين (73,9%) في الاب (8) و (63,3%) في الاب (7) ، اما صفة الحاصل البايولوجي فيلاحظ من الشكل (6) والجدول (6) ان الآباء (1) و(3) و(4) و(6) و(7) و(8) قد وقعت في الجزء الأول الذي يحتوي على نسبة الجينات السائدة من (75-100%) وقد تراوحت من (92,4%) في الأب (3) و (78,8%) في الاب (1) ، اما الآباء (2) و(5) و(9) فكانت في الجزء الثاني والذي يحتوي من (50-75%) من الجينات السائدة وتراوحت من (69,3%) في الاب (5) و (53,2%) في الاب (9).

جدول (6) يبين نسبة الجينات السائدة (D%) والمنتحية (R%) لكل اب

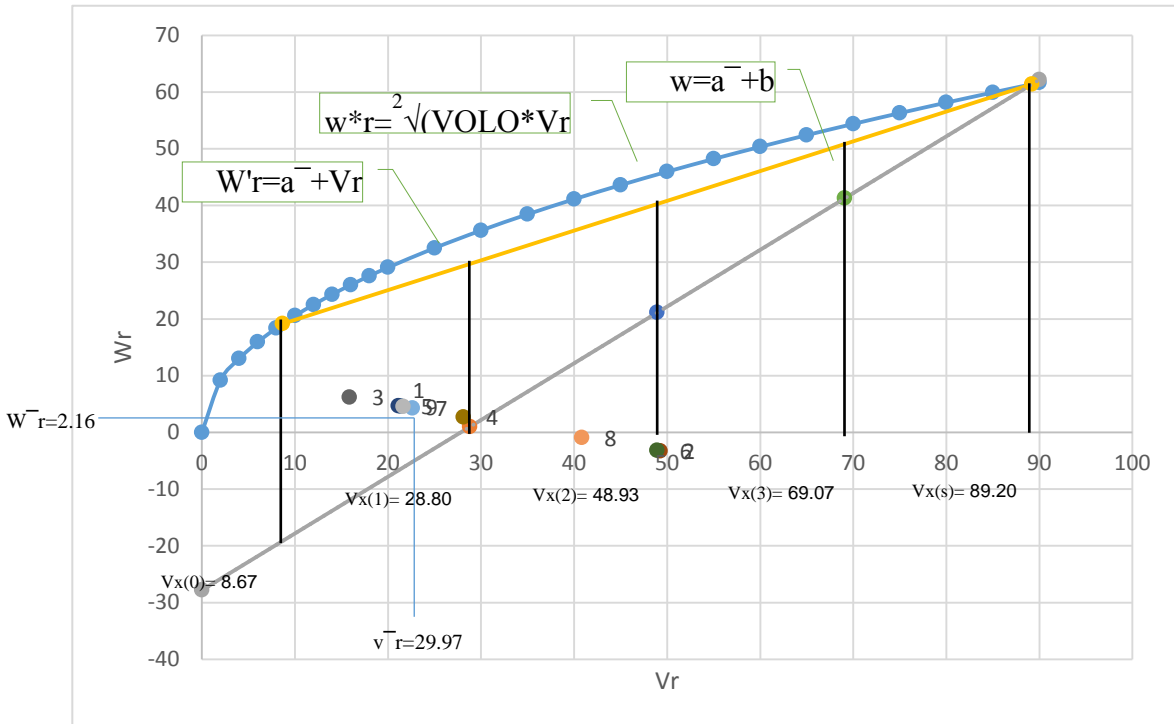
الحاصل البيولوجي (غم)		حاصل النبات الفردي (غم)		عدد السنابل		وزن الف حبة (غم)		عدد الحبوب بالسنبلة		المدة الى طرد السنابل		الاباء
D%	R%	D%	R%	D%	R%	D%	R%	D%	R%	D%	R%	
78.8	21.2	70.6	29.4	546	45.4	77.4	22.6	53.5	46.5	31.9	68.1	1
64.1	35.9	73.4	26.6	63.0	37.0	65.0	35.0	47.5	52.5	48.4	51.6	2
92.4	7.6	85.1	14.9	95.8	4.2	79.8	20.2	63.4	36.6	59.9	40.1	3
89.8	10.2	70.1	29.9	62.1	37.9	74.4	25.6	73.3	26.7	72.2	27.8	4
69.3	30.7	68.0	32.0	54.7	45.3	77.5	22.5	69.7	30.3	65.4	34.6	5
90.6	9.4	86.3	13.7	78.1	0,219	65.1	34.9	82.3	17.7	74.3	25.7	6
86.1	13.9	63.3	36.7	48.6	51.4	76.8	23.2	78.4	21.6	49.1	50.9	7
85.0	15.0	73.9	26.1	85.9	14.1	68.7	31.3	68.2	31.8	80.0	20.0	8
53.2	46.8	64.1	35.9	79.0	21.0	77.3	22.7	79.9	20.1	76.7	23.3	9



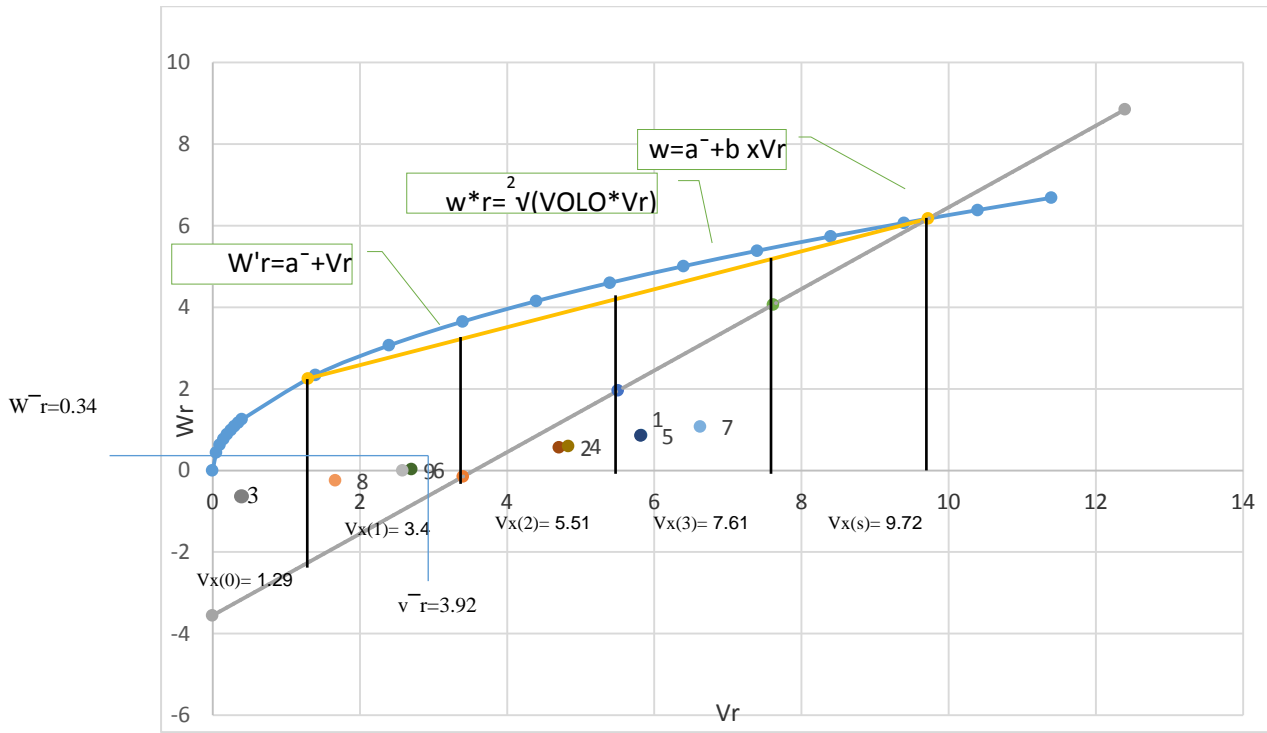
الشكل 1- مخطط Vr-Wr لصفة الفترة الى طرد السنابل



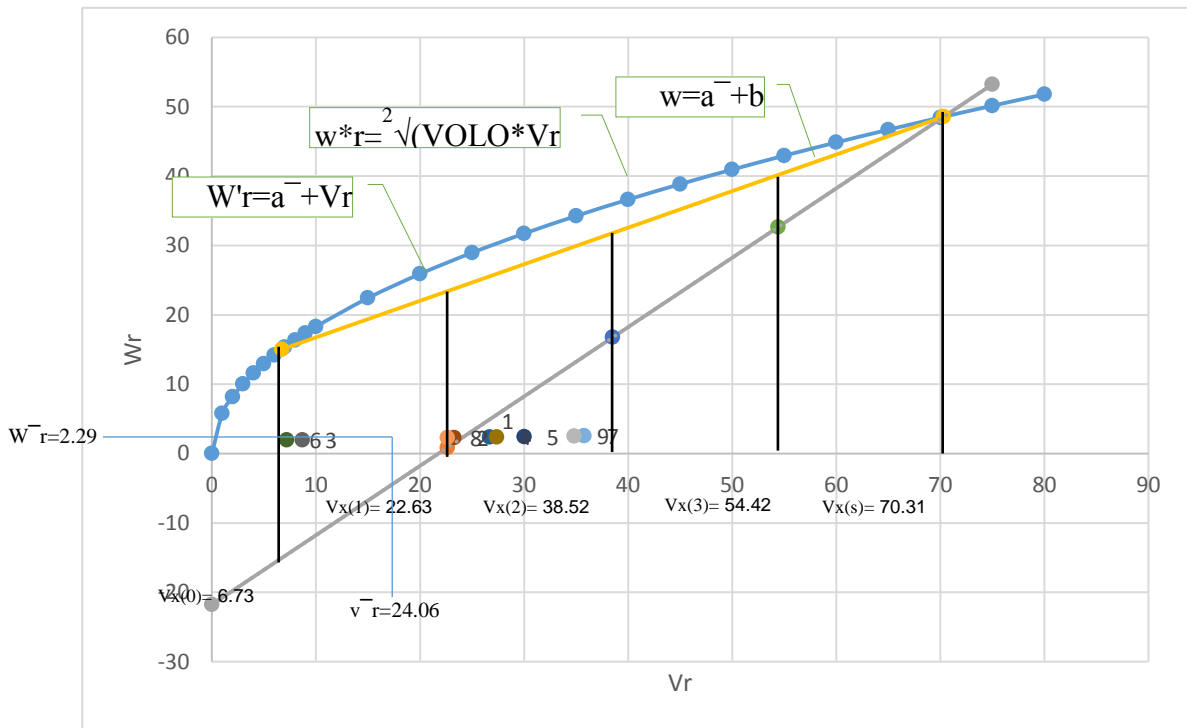
الشكل 2- مخطط Vr-Wr لصفة عدد الحبوب بالسنبلة



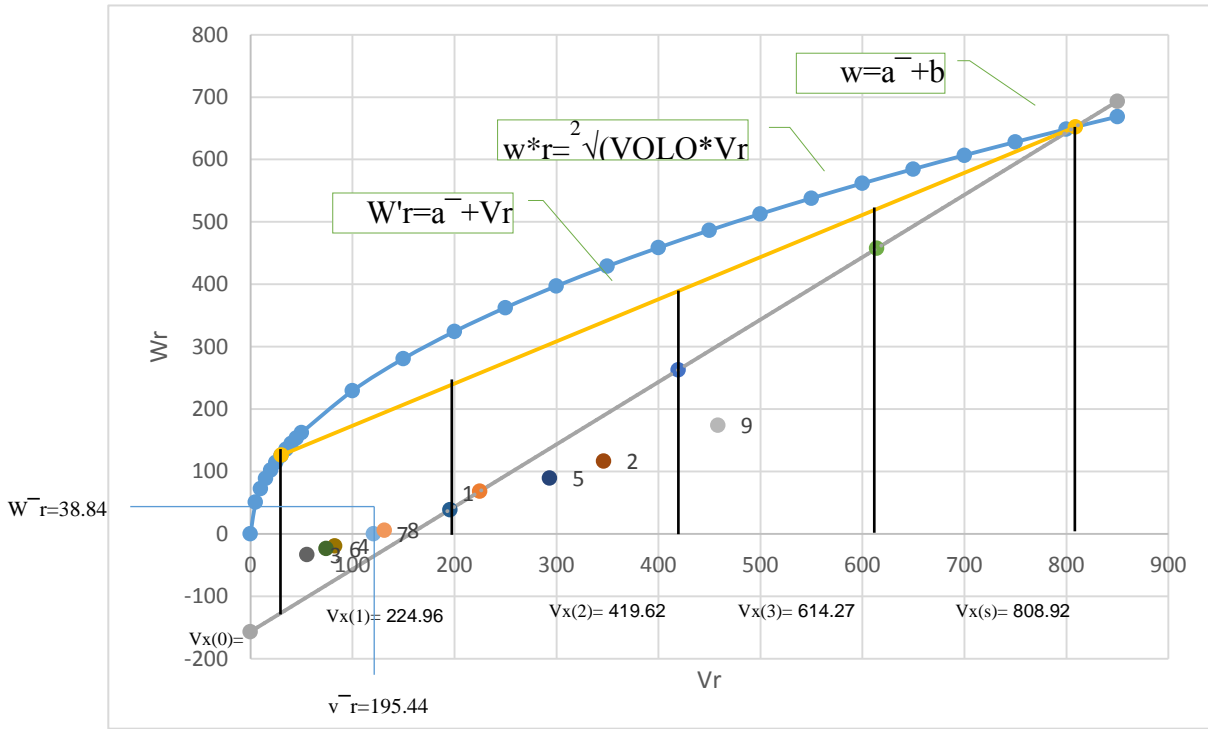
الشكل 3- مخطط Vr-Wr لصفة وزن الف حبة



الشكل 4- مخطط Vr-Wr لصفة عدد السنابل بالنبات



الشكل 5- مخطط Vr-Wr لصفة حاصل النبات الفردي



الشكل 6- مخطط Vr-Wr لصفة الحاصل البيولوجي

المصادر

1. البدراني ، نبيل طة يونس و نجيب قاقوس يوسف و غادة عبد الله طة الحمداني (2012) . التحليل الوراثي لتباينات الاجيال ذاتية الاخصاب لتجهينين في الحنطة الخشنة. مجلة علوم الرافدين ، المجلد(23) ، العدد (3) ص 68-82
2. الجبوري، عبد القادر حميدي جاسم(2014). قوة الهجين والمقدرة الاتحادية والفعل الجيني في الاجيال المبكرة من التضريب التبادلي النصفي في حنطة الخبز. (*Triticum aestivum* L).. رسالة ماجستير ، قسم المحاصيل الحقلية ، كلية الزراعة ، جامعة تكريت .
3. حسن ، احمد عبد المنعم (2005) . تحسين الصفات الكمية ، الاحصاء البيولوجي وتطبيقاته في برنامج تربية النبات . الدار العربية للنشر والتوزيع . القاهرة .
4. الحمداني، غادة عبد الله طه ونجيب قاقوس يوسف (2006). تقدير الفعل الجيني والتوريث لبعض الصفات في الحنطة الخشنة. مجلة زراعة الرافدين، 43(3): 108-118.
5. الحمداني ، غادة عبد الله طه عبد الرحمن (2006). البنية الوراثية لصفات كمية في الحنطة الخشنة . أطروحة دكتوراه ، قسم علوم الحياة ، كلية العلوم ، جامعة الموصل .
6. الطويل ، محمد صبحي مصطفى (2009) . دراسة البنية الوراثية لعدة تراكيب وراثية من الحنطة الخشنة (*Triticum durum* Desf). أطروحة دكتوراه ، قسم المحاصيل الحقلية ، كلية الزراعة و الغابات ، جامعة الموصل
7. الصواف، زهراء خزعل حمدون (2012). دراسة المقدرة الاتحادية وقوة الهجين والتوريث لصفات كمية في حنطة الخبز. رسالة ماجستير. قسم علوم الحياة .كلية العلوم/ جامعة الموصل.
8. عزيز، جاسم محمد (2012). الفعل المورثي وتحديد كمية الجينات السائدة والمتحية في القطن الابلد (*Gossypium hirsutum* L). مجلة جامعة تكريت للعلوم الزراعية. 12(3):114- 123.
9. العبيدي ، اباد محمد ياسين(2014). الفعل المورثي وتحديد كمية الجينات السائدة والمتحية في الحنطة. رسالة ماجستير ، قسم المحاصيل الحقلية ، كلية الزراعة ، جامعة تكريت
10. العذاري ، عدنان حسن محمد (1999) .اساسيات في الوراثة ، وزارة التعليم العالي والبحث العلمي ، جامعة الموصل
11. اللبلة ، موفق جبر و هاجر سعيد اسكندر ثامبيدي (2008) . تقدير قوة الهجين والمقدرة الانتلافية و الفعل الجيني باستخدام طريقة الفاحص X السلالة في الحنطة الخشنة (*Triticum durum* Desf) مجلة زراعة الرافدين ، المجلد (36) : العدد (2)
12. النعيمي ، أرشد ذنون حمودي (2006). التحليل الوراثي لحاصل الحبوب ومكوناته في الحنطة الخشنة (*Triticum durum* Desf) . أطروحة دكتوراه ، قسم المحاصيل الحقلية ، كلية الزراعة والغابات ، جامعة الموصل .
13. يوسف ، نجيب قاقوس و وليد سعد الله حمدون (2013) . الفعل الجيني و التوريث ومعدل درجة السيادة لحاصل الحبوب ومكوناته في الحنطة الخشنة. مجلة علوم الرافدين ، المجلد (24) ، العدد (1) ص 1-8.

14. Ahmed, I.K.,M.C.,M.A., Nisar. and M.I.,Maekawa(2007).The Inheritance of yield and yield components of five wheat hybrid populations under drought conditions. Indonesian Journal of Agric.Sci8(2) :53-59
15. Akram ,Z.S.G.M.and N. Mahmood cheem.(2009) . Inheritance mechanism of some yield components in bread wheat . Pakistan j .agric .Res . 22 (1) : 1-2 .
16. Agarwal, V. and Z. Ahmad. (1982). Heritability and genetic advance interictal. Indian. J. Agric. Res. 16:19-23.
17. Brothe , F. B. (2010). Genetic advance in grain yield of barley low rain fertilized generation mean in analyzing conditions . Rachis 14(1):1-12
18. Efe , E(1995) . An alternative method in diallel analysis obtaining the values of two V_{xi} points where parabola $W_r^*=(v_o^*V_r)$ is cut by regression line $W'=a'+V_r$ and dividing the distance between those points in to four equal parts. 3rdBalkan Conference on Operation Research 16-19 October 1995.
19. Efe,E(1996) . A method of determining the exact amount of dominant and recessive of the parents by using V_r,W_r -graph in diallel analysis . 4 Balkan Conference on Operation Research 5-7 October.1996 .
20. Fisher, R.A.(1918). The correlations between relatives on the supposition of mendlian inheritance .Trans.R.Soc.,Edinb . 52,399-443
21. Habib, I. and Knan, A.S. (2003). Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.).Asian, J. Pla. Sci., 2(17-24):1153-1155.
22. Hayman ,B.I. (1954) The Theory and analysis of diallel crosses . Genet. 39:789-809.
23. Hayman ,B.I. (1958) Interaction , Heterosis in diallel crosses. Genet. 42; 336-355.
24. Jinks ,J.L. (1954) The analysis of heritable variation in diallel crosses of *Nicotiana rustics* varieties. Genetic.39: 797-788.
25. Kashif , M. ; J. Ahmed ; M.A. Chowdhary and K. Perveen(2003) . Study of genetic architecture of some important agronomic traits in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) . Asian Journal of Plant Sciences 2 (9) : 708 – 712
26. Kole. P.C (2006).Variability, Correlation and Regression Analysis in third soma clonal generation of barley. India J. Genet. 145 :44 – 47.
27. Kumar, S. U (2008)Study of heritability and genetic advance in barley crosses. J. Agric. Res. 14(2): 35-39.
28. Mather , K. and Jinks , J.L. (1982) Biometrical Genetics ;The Study of Continuous Variation 3rd Edition . Chapman and Hull London.
29. Nazeer, W.J.M.S.M.K. and H.muhammad nasrullah (2011). Diallel analysis to study the genetic makeup of spike and yield contributing traits in wheat(*Triticum aestivum* L.) . African Journal of Biotechnology Vol.10(63) , pp.13735 -13743 ,17 October ,2011.
30. Ozberk, I. and F.Y.Coskun (2008) Inheritance of some yield components through F3 and F4 in durum wheat (*Triticum durum* Desf) 75 – 81
31. Rahman , M.A. ; N.A.Siddanie; M.R. Alam and A.S. Khan (2003) . Genetic analysis of some contributing and quality characters in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) . Asian J. of Plant Sciences , 2 (3) : 277 – 282 .
32. Robinson, H. F. (1966). Quantitative genetics in relation to breeding on the centurial of mentalism. Indian J. Genet. 26 A: 171-187.
33. Singh , R.K. and Chandhary . (2007) .Biometrial methods in quantitative genetic analysis .Kalyanipobshers , New Delhi – Ludhiana: 215 -219