

نشریه پژوهشی:

برآورد اجزای ژنتیکی و وراثت‌پذیری عملکرد و اجزای عملکرد گوجه‌فرنگی از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها

میثم صفائی^۱، جمال‌الله الفتنی^{۲*}، یوسف حمید اوغلی^۲ و بابک ریبعی^۳
۱، ۲ و ۳. دانش‌آموخته دکتری، دانشیار و استاد، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۹/۲۱ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۴/۱۸)

چکیده

گوجه‌فرنگی به عنوان یک سبزی میوه‌ای جذاب به شمار می‌رود و مطالعات ژنتیکی وسیعی روی صفات زراعی گوجه‌فرنگی به منظور افزایش کارایی برنامه‌های به نژادی این گیاه صورت گرفته است. عملکرد یک صفت مهم از نظر اقتصادی به شمار می‌رود و در همه برنامه‌های به نژادی گوجه‌فرنگی گنجانده می‌شود. انتخاب یک روش به نژادی مؤثر نیازمند اطلاعات جامع از سیستم ژنتیکی کنترل کننده صفت موردنظر است. هدف از این تحقیق، تعیین پارامترهای ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد با استفاده از روش‌های تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها بود. تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها با استفاده از شش نسل پایه (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 و BC_2) حاصل از تلاقی لاین‌های گوجه‌فرنگی $M110$ و $P110$ (زرد و گلابی شکل) دارای عادت رشد نامحدود و لاین $M110$ (مینیاتور) دارای عادت رشد محدود است. نتایج تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها نشان داد که مدل ژنتیکی ساده افزایشی و غالیت توجیه کننده تغییرات تمام صفات مورد مطالعه به جز صفت میانگین وزن میوه بود. همچنین، برای صفات مورد مطالعه آثار غیرافزایشی بیشتر از اثر افزایشی برآورد شد. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات مورد مطالعه به جز صفت میانگین وزن میوه ، بیشتر از متوسط (بالای ۵۰ درصد) بود، اما وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات مورد مطالعه کمتر از ۵۰ درصد برآورد شد. بنابرین گزینش مستقیم برای صفات مورد مطالعه مناسب نبوده و گزینش دوره‌ای برای افزایش شانس ترکیب شدن ژن‌های موثر در کنترل این صفات توصیه می‌گردد.

واژه‌های کلیدی: اپیستازی تکمیلی، اثر افزایشی، اثر غالیت، وزن میوه.

Estimation of genetic parameters and heritability for yield and yield components in tomato through generation mean analysis

Meysam Safaei¹, Jamal-Ali Olfati^{2*}, Yousef Hamidoghi² and Babak Rabiei³

1, 2, 3. Former Ph.D. Student, Associate Professor, and Professor, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
(Received: Dec. 12, 2021 - Accepted: July 09, 2022)

ABSTRACT

Tomato is an interesting vegetable crop and numerous genetic studies have been conducted to increase the efficiency of tomato breeding strategies. Yield is an economically important trait and therefore improving yield is the main focus in breeding projects. The selecting efficient breeding strategy needs comprehensive information about the genetic controlling of interested traits. The aim of this study was to determine genetic parameters for yield and yield component tomato through generation mean analysis. Generation mean analysis was conducted using six basic generations (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , BC_2) derived from a cross between two lines ($M110$ and $P110$) of tomato. $M110$ and $P110$ have a determinate and indeterminate growth habit respectively. Results showed that a simple additive dominance model was adequate to explain variability among traits of interest. Non-additive gene effects were predominant for all characters in this study. Broad sense heritability was calculated at over 50% for all traits while narrow sense heritability was less than 50%. Therefore, direct selection for these traits might not be useful, and recurrent selection procedures could increase the frequency of favorable alleles in breeding populations to enable the selection and development of genotypes with superior plants.

Keywords: Additive effect, complementary epistasis, dominance effect, fruit weight.

* Corresponding author E-mail: jamalaliolfati@gmail.com

افراد در شش نسل پایه مختلف می‌باشد که این نسل‌ها شامل والدین (P_1 و P_2), هیبرید نسل اول (F_1), نسل‌های BC_1 , BC_2 , F_2 می‌باشند (Dvojković et al., 2010). این روش یک تکنیک ساده و مفید برای برآورد اثرات ژنی صفات چندژنی به شمار می‌رود و مهمترین مزیت آن برآورد اثرات اپیستازی شامل اثر افزایشی \times افزایشی، افزایشی \times غالبیت و غالبیت \times غالبیت می‌باشد. آگاهی دقیق از ماهیت و شدت عمل ژن برای انتخاب روش بهنژادی موثر به منظور تسریع در فرایند بهنژادی صفات بسیار مفید است (Pooni & Foolad, 1996; Bhatt et al., 2001; Foolad & Lin, 2001).

میزان موفقیت یک برنامه بهنژادی برای بهبود عملکرد بستگی به میزان اطلاعات ژنتیکی عملکرد و صفات مرتبط با آن در جمعیت مورد مطالعه دارد. در این تحقیق از روش تجزیه میانگین نسل‌ها برای بهدست‌آوردن اطلاعات ژنتیکی در مورد عملکرد و برخی از صفات مرتبط با آن استفاده شد تا اطلاعاتی در مورد نحوه کنترل ژنتیکی این صفات از جمله اندازه و ماهیت اثرات مختلف ژنی، سهم اجزای قابل تثبیت و غیر قابل تثبیت و به دنبال آن نوع عمل ژن‌ها و وراثت‌پذیری عملکرد و صفات مرتبط با آن بست آید تا بتوان از این اطلاعات در طراحی یک برنامه بهنژادی مناسب برای بهبود عملکرد در جمعیت مورد مطالعه استفاده نمود.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش ابتدا دو لاین خالص گوجه‌فرنگی $P110$ و $M110$ با ویژگی‌های متفاوت از نظر صفات مورد مطالعه به عنوان والد انتخاب و در گلخانه آموزشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان با هم تلاقی داده شدند. لاین $P110$ داری عادت رشدی نامحدود و میوه‌هایی به رنگ زرد و گلابی شکل و لاین $M110$ دارای عادت رشدی مینیاتور و میوه‌های گرد و قرمز رنگ است که طی چندین نسل خودگشتنی در

مقدمه

گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.) به عنوان یکی از سبزی‌های مهم میوه‌ای از نظر اقتصادی و تغذیه‌ای بوده که به طور گسترده در سرتاسر جهان برای مصارف تازه‌خواری و فراوری پرورش داده می‌شود (Heuvelink, 2018). عملکرد یکی از صفات مهم اقتصادی در همه گیاهان است بنابراین در همه برنامه‌های گزینش گوجه‌فرنگی نیز گنجانده می‌شود. عملکرد محصول برهمکنش عوامل ژنتیکی و محیطی مانند تنش‌های زیستی و غیر زیستی، روش‌های زراعی و ناحیه کشت می‌باشد. انتخاب یک روش گزینش مناسب پیش‌نیاز دستیابی به عملکرد بالقوه گونه‌ها می‌باشد. عملکرد بوته گوجه‌فرنگی بیشتر تحت تأثیر وزن میوه و تعداد میوه در خوشة قرار دارد. از طرف دیگر، این صفات خود توسط تعداد زیادی عامل محیطی و ژنتیکی تحت تأثیر قرار می‌گیرند (Singh & Singh, 1985; Dhaliwal & Nandpuri, 1988; Singh et al., 1989; Zdravković et al., 1998). بنابراین، برای انتخاب روش مناسب گزینش برای برنامه‌های بهنژادی آگاهی از نوع عمل ژن و نحوه وراثت عملکرد و اجزای عملکرد ضروری به نظر می‌رسد.

تجزیه میانگین نسل‌ها یک روش برای طراحی کارآمدترین برنامه بهنژادی برای اصلاح ارقام با صفات مطلوب می‌باشد که به طور معمول در مطالعه وراثت صفات کمی استفاده می‌شود. این روش اطلاعاتی در مورد میانگین اثرات ژنی (افزایشی، غالبیت و آثار ناشی از برهمکنش‌های ژنی غیر الی) ارائه می‌دهد (Pooni & Treharne, 1994; Iqbal & Nadeem, 2003; Checa et al., 2006; Sharmila et al., 2007). اصطلاح تجزیه میانگین نسل‌ها توسط Hayman (1958) به منظور برآورد اجزای ژنتیکی تغییرات ارائه شده است. در طول این سال‌ها چندین مدل برای آنالیز تجزیه میانگین نسل‌ها پیشنهاد شد که می‌توان به مدل‌های Hayman (1958, 1960) و Van der Veen (1959) اشاره کرد. تجزیه میانگین نسل‌ها یک روش بیومتری بوده و آنالیز این تکنیک بر اساس اندازه‌گیری فنوتیپ صفات کمی برای تعداد مطلوب

میانگین (با استفاده از آزمون LSD) داده‌های حاصل از کلیه صفات در نسل‌های P_1, P_2, F_1, F_2 و BC_1, BC_2 براساس مدل طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرمافزار SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت و وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنتیک‌ها آزمون شد.

تجزیه میانگین نسل‌ها، با استفاده از برنامه نوشته شده در نرمافزار SAS (ورژن ۹,۱) بر اساس روش‌های Mather (1949)، Hayman (1958) و Jinks & Jones (1958) مطابق با مدل زیر انجام شد.

$$Y = m + \alpha[d] + \beta[h] + \alpha^2[i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l] \quad (1)$$

در این رابطه، Y میانگین یک نسل، m میانگین همه نسل‌ها، $[d]$ مجموع اثرات افزایشی، $[h]$ مجموع اثرات غالیبیت، $[i]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات افزایشی، $[j]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات غالیبیت × افزایشی، $[l]$ مجموع اثرات متقابل بین اثرات غالیبیت و α^2, β^2 و $2\alpha\beta$ به ترتیب ضرایب پارامترهای فوق می‌باشند.

در تجزیه میانگین نسل‌ها چون تعداد افراد ارزیابی شده در نسل‌های مختلف متفاوت بود، پارامترها از روش حداقل مربعات وزنی محاسبه و در حقیقت آزمون شدند و در محاسبه انحراف معیار پارامترها، واریانس میانگین نسل‌ها را محاسبه و واریانس هر نسل را به تعداد افراد آن نسل تقسیم نمودیم.

قبل از این که هر گونه اقدامی جهت برآورد اثرات اصلی و متقابل بین ژن‌ها انجام شود، ابتدا آزمون وجود یا عدم وجود اثرات متقابل (اپیستازی) بین مکان‌های (Scalling Tests) ژنی با استفاده از آزمون‌های مقیاس (Mather & Jinks, 1958) استفاده و اثرات اصلی و متقابل ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت با استفاده از روابط (۵) تا (۱۰) برآورد و آزمون t-student معنی‌داری اثرات برآورد شده به وسیله انجام شد. در انتهای آزمون نیکویی برآش براي مدل‌های يك تا شش پارامتری توجيه‌کننده تنوع هر يك از صفات مورد مطالعه با استفاده از آزمون کاي

دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان توسعه یافته بودند. در سال بعد، بذرهای نسل اول (F_1) حاصل از تلاقی والدین، کشت و از خودگشتنی بوته‌های حاصل، بذرهای نسل دوم (F_2) تهیه شدند. همچنین بوته‌های F_1 به عنوان والد مادری با هر دو والد اولیه P_1 و P_2 (P110) به عنوان والدین پدری تلاقی داده شد تا نسل‌های تلاقی برگشتی (BC_1 و BC_2) ایجاد شود. در سال سوم (2017)، بذرهای والدین (P_1 و P_2) به همراه نسل‌های F_1, F_2, BC_1 و BC_2 در گلخانه کشت و نشاها بعد از شش هفته به زمین اصلی انتقال داده شدند. جهت جلوگیری از خسارت علف‌های هرز، زمین مزرعه با مالچ سیاه پوشانده شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد و نشاها هر نسل به صورت تکبوته به فاصله 45×100 سانتی‌متر کشت شدند، به طوری که برای نسل والدین و F_1 تعداد ۳۰ بوته، برای نسل‌های تلاقی برگشتی تعداد ۶۰ بوته و برای نسل F_2 تعداد ۱۸۰ بوته در نظر گرفته شد. کلیه مراقبت‌های لازم در طول مرحله رشد و نمو بوته‌ها از قبیل آبیاری قطره‌ای، کوددهی و مبارزه با آفات و بیماری‌ها صورت گرفت. برای هدایت بوته‌های ژنتیک‌ها رشد نامحدود از داربست‌های چوبی و طناب‌های نخی استفاده شد.

به دلیل تفکیک ژنتیک‌های رشد محدود و رشد نامحدود (متفاوت از نظر عملکرد) عملکرد و اجزای عملکرد شامل میانگین وزن (گرم) و تعداد میوه از سه خوشه ابتدایی اندازه‌گیری شد. میانگین وزن میوه به صورت میانگین کل میوه‌های چیده شده و متوسط تعداد میوه در خوشه نیز به صورت متوسط تعداد میوه در کل خوشه‌های چیده شده اندازه‌گیری شد. برخی صفات مرتبط با عملکرد شامل وزن میوه‌های یک خوشه با خوشه (گرم)، وزن میوه‌های یک خوشه بدون خوشه (گرم)، تعداد گل در هر خوشه (متوسط تعداد گل در پنج خوشه در موقعیت‌های مختلف روی بوته) نیز اندازه‌گیری شد.

پس از ارزیابی صفات، ابتدا آزمون چولگی و کشیدگی به منظور بررسی توزیع نرمال داده‌ها انجام و تبدیل داده لگاریتمی برای صفات مورد مطالعه انجام شد. سپس برای انجام تجزیه واریانس و مقایسه

نسل‌های متنوع از تلاقی لاین P110 با لاین M110 ایجاد شدند اختلاف معنی‌داری وجود داشت که نشانگر وجود تفاوت ژنتیکی در بین نسل‌های مورد مطالعه بود. از طرف دیگر انتخاب والدین در دو آستانه متفاوت از نظر صفات موردنظر، پیش‌نیاز انجام تجزیه میانگین نسل‌ها می‌باشد که توسط Mather & Jinks (1971) پیشنهاد شده است. در جدول ۲ میانگین صفات اندازه‌گیری شده عملکرد، اجزای عملکرد برای شش نسل پایه ارایه شده است. به جز صفات تعداد گل در خوشة و عملکرد بدون خوشه در بقیه صفات والد P₁ ارزش میانگین بالاتر و تفاوت معنی‌داری با والد P₂ داشت. ارزش میانگین نسل F₁ در همه صفات بالاتر از سایر نسل‌ها بود ولی برای صفات تعداد گل در خوشه، تعداد میوه در خوشه، وزن میوه یک خوشه با خوشه و وزن میوه یک خوشه بدون خوشه تفاوت معنی‌داری با والد P₁ نداشت. ارزش میانگین نسل F₂ در همه صفات با والد P₁ اختلاف معنی‌داری نداشت. ارزش میانگین BC₁ در صفات وزن میوه یک خوشه بدون خوشه، وزن میوه یک خوشه با خوشه، تعداد میوه در خوشه و عملکرد بدون خوشه بالاتر از والدین و در بقیه صفات با ولد P₁ اختلاف معنی‌داری نداشت در حالی که اختلاف معنی‌داری بین BC₂ و والد P₁ در هیچ صفتی مشاهده نشد. مقایسه میانگین‌ها با روش توکی نشان داد که دو والد P₁ و P₂ در اکثر صفات اختلاف معنی‌داری داشتند. همچنین میانگین نسل‌های BC₁ و BC₂ نزدیک به والد برگشتی خود بود. این نتایج نشان‌دهنده انتخاب صحیح والدین جهت تلاقی برای این آزمایش می‌باشد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد از نظر همه صفات مورد مطالعه به جز صفت تعداد گل در خوشه در بین جمعیت‌های حاصل از تلاقی لاین P110 با لاین M110 وجود داشت (داده‌ها گزارش نشده است). بنابراین تجزیه میانگین و واریانس صفات برای برآورد پارامترهای ژنتیکی می‌تواند صورت گیرد. همچنین، در مورد عملکرد و اجزای عملکرد بدبست آوردن نتایج قابل تفسیر تبدیل داده لکاریمتی برای صفات مورد مطالعه صورت گرفت و تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها روی داده‌های تبدیلی انجام شد.

اسکور انجام و بهترین مدل توجیه‌کننده تغییرات هر صفت در جمعیت مورد مطالعه تعیین شد (Jinks, 1982; Kearsey & Pooni, 2004).

$$A = \bar{P}_1 + \bar{F}_1 - 2B\bar{C}_1 \quad (2)$$

$$B = \bar{P}_2 + \bar{F}_1 - 2B\bar{C}_2 \quad (3)$$

$$C = \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 - 4\bar{F}_2 \quad (4)$$

$$[m] = \bar{F}_2 \quad (5)$$

$$[d] = \bar{B}C_1 - \bar{B}C_2 \quad (6)$$

$$[h] = \bar{F}_1 - 4\bar{F}_2 - \frac{\bar{P}_1 + \bar{P}_2}{2} + 2\bar{B}C_1 + 2\bar{B}C_2 \quad (7)$$

$$[i] = 2(\bar{B}C_1 + \bar{B}C_2) - 4\bar{F}_2 \quad (8)$$

$$[j] = 2(\bar{B}C_1 - \bar{B}C_2) - \bar{P}_1 + \bar{P}_2 \quad (9)$$

$$[l] = \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 + 4\bar{F}_2 - 4\bar{B}C_1 - 4\bar{B}C_2 \quad (10)$$

اجزای ژنتیکی و محیطی کنترل‌کننده تنوع هر صفت به وسیله روابط ذیل محاسبه شدند (Jinks, 1982; Kearsey & Pooni, 2004).

$$V_P = V_{F2} \quad (11)$$

$$V_E = \frac{(VP1 + VP2 + (2 \times VF1))}{4} \quad (12)$$

$$V_G = V_P - V_E \quad (13)$$

$$V_D = 2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2}) \quad (14)$$

$$V_H = V_G - V_D \quad (15)$$

$$H_{(N)} = \frac{VD}{VP} \quad (16)$$

$$H_{(B)} = \frac{VG}{VP} \quad (17)$$

در این روابط، P واریانس فتوتیپی، E واریانس محیطی یا جزء غیر ژنتیکی واریانس فتوتیپی، G واریانس ژنتیکی، D واریانس افزایشی، H واریانس غالیت، H(N) وراثت‌پذیری خصوصی و H(B) وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد مطالعه می‌باشد. به منظور برآورد درجه غالیت ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت نیز از روش استفاده گردید (رابطه ۱۸) (Mather & Jinks, 1971).

$$= \text{متوسط درجه غالب} \quad (18)$$

نتایج و بحث

طراحی هر برنامه بمنزدی وابسته به وجود تنوع ژنتیکی می‌باشد. همچنین کارایی گزینش و بروز هتروزیس بستگی به شدت تنوع ژنتیکی در جامعه مورد مطالعه دارد (Singh & Chaudhary, 1999; Amin, 2013). در این تحقیق نتایج تجزیه واریانس (جدول ۱) نشان داد که بین شش نسل (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁ و BC₂) که

جدول ۱. تجزیه واریانس صفات عملکرد، اجزای عملکرد برای شش نسل مختلف گوجه‌فرنگی.
Table 1. Variance analysis for yield and yield component of tomato in six generations.

Source of Variances	df	Fruit weight with truss	Fruit weight without truss	Number of fruit per truss	Number of flowers per truss	Mean fruit weight	Yield with truss	Yield without truss
Block	2	0.08 ^{ns}	0.49 ^{ns}	0.05 ^{ns}	1.32 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.66 ^{ns}	0.62 ^{ns}
Generation	5	1.67 ^{**}	10.01 ^{**}	0.59 ^{**}	8 ^{ns}	1.96 ^{**}	4.77 ^{**}	5.11 ^{**}
Error	10	0.09	0.5	0.04	8.29	0.1	0.28	0.29
CV (%)	-	19.67	20.36	21.01	15.63	16.98	25.55	26.25

*، **، ns: بهترین تفاوت غیر معنی دار و تفاوت معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد.

*، **، ns: Significant difference at 5%, 1% probability level, and non significant difference, respectively.

df, S.O.V., and CV: Degree of freedom, source of variation, and coefficient of variance respectively.

جدول ۲. مقایسه میانگین صفات عملکرد، اجزای عملکرد برای شش نسل مختلف گوجه‌فرنگی.

Table 2. Mean comparison for yield and yield component in six generations of tomato.

Generation	Character						
	Fruit weight with truss (g)	Fruit weight without truss (g)	Number of fruit per truss	Number of flowers per truss)	Mean fruit weight (g)	Yield with truss (g)	Yield without truss (g)
P ₁	21.44 ^a	20.36 ^a	3.05 ^a	7.33 ^a	5.57 ^a	54.28 ^a	51.44 ^a
P ₂	4.4 ^b	3.75 ^b	1.39 ^b	6.6 ^a	1.73 ^b	6.15 ^b	5.21 ^b
F ₁	28.85 ^a	27.73 ^a	3.18 ^a	7.63 ^a	8.03 ^a	234.23 ^a	225.14 ^a
F ₂	19.23 ^a	18.23 ^a	2.44 ^{ab}	8.25 ^a	6.46 ^a	69.63 ^{ab}	66.20 ^{ab}
BC ₁	32.96 ^a	31.64 ^a	4.03 ^a	7.87 ^a	7.1 ^a	147.16 ^a	141.66 ^a
BC ₂	19.48 ^a	18.01 ^a	2.52 ^{ab}	9.13 ^a	6.96 ^a	82.81 ^a	78.13 ^a
LSD _{5%}	11.24	10.88	0.96	5.21	2.52	111.86	107.86

در هر ستون میانگین های دارای حروف مشابه در سطح احتمال ۵ درصد تفاوت معنی داری ندارند.

In each column means followed by similar letters are not significantly different at 5% probability level.

عملکرد و صفات مرتبط با آن بدست آید تا بتوان از این اطلاعات در طراحی یک برنامه بهنژادی مناسب برای بهبود عملکرد در جمعیت مطالعه استفاده شود.

جدول ۳ آزمون های مقیاس و جدول ۴ میانگین نسل، اثرات زنی افزایشی، غالیت و اپیستازی را برای عملکرد و اجزای عملکرد نشان می دهد. آزمون های مقیاس A، B و C با استفاده از آزمون t-student انجام شد. نتایج نشان داد که هیچ کدام از آزمون های مقیاس برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد معنی دار نشد، بنابرین مدل ساده افزایشی و غالیت برای توجیه تغییرات و تنوع در این صفات کفایت می کند. برای صفات عملکرد با خوش و عملکرد بدون خوش، کفایت مدل ساده افزایشی و غالیت بررسی و آزمون شد. باید توجه داشت که اصولاً در مطالعات ژنتیک کمی، نتایجی که از آزمایش بدست می آید فقط مربوط به جمعیت مورد مطالعه و شرایطی است (از جمله عوامل و شرایط محیطی) که آزمایش انجام شده است.

عملکرد یکی از صفات مهم اقتصادی در همه گیاهان است که محصول برهمنکش تعدادی از صفات مرتبط و همبسته با هم است. عملکرد بوته گوجه‌فرنگی بیشتر تحت تاثیر وزن میوه و تعداد میوه در خوش قرار دارد. از طرف دیگر، این صفات خود توسط تعداد زیادی عامل محیطی و ژنتیکی تحت تاثیر قرار می گیرند (Singh & Singh, 1985; Dhaliwal & Nnandpuri, 1988; Henareh et al., 1989; Zdravković et al., 1998; 2018). میزان موفقیت یک برنامه بهنژادی برای بهبود عملکرد بستگی به میزان اطلاعات ژنتیکی عملکرد و صفات مرتبط با آن در جمعیت مورد مطالعه دارد. در این تحقیق از روش تجزیه میانگین نسل ها برای بهدست آوردن اطلاعات ژنتیکی در مورد عملکرد و برخی از صفات مرتبط با آن استفاده شد تا اطلاعاتی در مورد نحوه کنترل ژنتیکی این صفات از جمله اندازه و ماهیت اثرات مختلف زنی، سهم اجزای قابل تثبیت و غیر قابل تثبیت و به دنبال آن نوع عمل زن ها و وراثت پذیری

جدول ۳. آزمون‌های مقیاس برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد گوجه‌فرنگی.

Table 3. Individual scaling tests ($\pm SE$) for yield and yield component of tomato.

Traits	Scaling Test		
	A	B	C
Fruit weight with truss (g)	-0.1 \pm 0.63 ns	-0.4 \pm 0.5 ns	1.18 \pm 0.1 ns
Fruit weight without truss (g)	0.1 \pm 1.46 ns	-0.8 \pm 1.27 ns	-0.1 \pm 2.72 ns
Number of fruits per truss (n)	0 ns	-0.2 \pm 0.34 ns	-0.4 \pm 0.95 ns
Number of flowers per truss (n)	-0.78 \pm 3.62 ns	-4.3 \pm 7.76 ns	-3.81 \pm 11.79 ns
Mean fruit weight (g)	0.1 \pm 0.56 ns	0.6 \pm 0.62 ns	-0.1 \pm 1.1 ns
Yield with truss (g)	0.4 \pm 1.11 ns	-0.8 \pm 1.3 ns	0.6 \pm 2.04 ns
Yield without truss (g)	0.2 \pm 1.13 ns	-0.7 \pm 1.39 ns	0.3 \pm 2.08 ns

جدول ۴. برآورد اثرات ژنتیکی عملکرد، اجزای عملکرد گوجه‌فرنگی با استفاده از مدل ۶ پارامتری.

Table 4. Gene effects estimated from six parameter model for yield and yield component of tomato.

Traits	m SE _m	[d] SE _d	[h] SE _h	[i] SE _i	[j] SE _j	[l] SE _l	χ^2
Fruit weight with truss (g)	1.21**	0.14 ns	0.91*	0.42 ns	-0.21 ns	-0.86 ns	0.49 ns
Fruit weight without truss (g)	0.3	0.12	0.42	0.35	0.16	0.73	
Number of fruits per truss (n)	2.72 **	0.38 ns	2.04*	0.87 ns	-0.47 ns	-1.82 ns	1.19 ns
Number of flowers per truss (n)	0.07	0.32	0.99	0.9	0.39	1.81	
Mean fruit weight (g)	0.02	0.08	0.33	0.26	0.12	0.55	1.73 ns
Yield with truss (g)	0.27	0.89	3.79	2.86	1.45	6.5	0.59 ns
Yield without truss (g)	1.84**	0.02 ns	1.1**	0.35 ns	-0.34**	-1.09*	0.45 ns
	0.02	0.07	0.31	0.22	0.12	0.54	
	1.61**	0.48**	1.73*	0.67 ns	ns 0.01	ns 0.88	0.99 ns
	0.05	0.18	0.68	0.55	0.24	0.44	
	1.59**	0.5**	1.74*	0.65 ns	0.01 ns	-0.87 ns	0.29 ns
	0.05	0.18	0.69	0.56	0.24	1.18	

پارامترهای ژنتیکی: [m]=اثر میانگین، [d]=اثر افزایشی، [h]=اثر افزایشی \times افزایشی، [i]=اثر غالیتی \times غالیتی، [j]=اثر افزایشی \times غالیتی \times غالیتی.
 ns: به ترتیب نشانده‌ند اختلاف معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیرمعنی دار.

Genetic parameters where [m]= mean effect, [d]= additive, [h]= dominance, [i]= additive \times additive, [j]= additive \times dominance, [l]= dominance \times dominance.
 *, **, ns: Significant difference at 5%, 1% probability level and nonsignificant difference, respectively.

معنی‌داری اثرات ژنتیکی با استفاده از آزمون t- student و کفایت مدل برای مدل های ژنتیکی دو، سه، چهار، پنج و شش پارامتری با استفاده از آزمون کای اسکور برای این صفات انجام شد. نتایج نشان داد که مدل ساده سه پارامتری افزایشی و غالیت شامل [m], [d] و [h] بهترین توجیه کننده تغییرات و تنوع صفات عملکرد با خوشة و عملکرد بدون خوشة بوده و معنی‌دار نشدن آزمون کای اسکور برآورده شده برای این دو صفت نشان‌دهنده کفایت مدل سه پارامتری فوق برای توجیه تغییرات این صفات می‌باشد. برای صفت تعداد میوه در خوشة، وزن میوه یک خوشه با خوشه و وزن میوه یک خوشه بدون خوشه مدل دو پارامتری m و [h] توجیه کننده تغییرات و تنوع موجود در این صفات بود. کای اسکور برآورده شده نیز غیر معنی‌دار بوده و نشان‌دهنده کفایت مدل دو پارامتری m [h] برای این صفات می‌باشد. هیچکدام از اثرات ژئی صفت تعداد گل در خوشه معنی‌دار نشد. دلیل معنی‌دار نشدن پارامترهای ژنتیکی این بود که مطابق با جدول تجزیه واریانس، تنوع ژنتیکی

بنابراین، بررسی کفایت مدل افزایشی و غالیت نشان‌دهنده نبود اثرات اپیستازی، پیوستگی ژئی و یا اثرات مادری و سایر عوامل نیست، بلکه فقط می‌توان گفت که شواهدی مبنی بر وجود این اثرات در این آزمایش پیدا نشد، به عبارت دیگر ممکن است اثرات پیچیده‌ای وجود داشته باشد ولی به دلایل مختلف از جمله کوچک بودن آزمایش و یا قدرتمند نبودن آن شناسایی نشده باشند (Kearsey & Pooni, 2004)، که اگرچه هیچ‌کدام از آزمون‌های مقیاس معنی‌دار نشند و در حقیقت اثرات اپیستازی برای هیچیک از صفات معنی‌دار نبود، اما چون هر یک از این آزمون‌ها جنبه‌های مختلفی از اپیستازی را بررسی و آزمون می‌کنند، به این دلیل در برآورده پارامترهای ژنتیکی، علاوه بر اثرات اصلی افزایشی و غالیت، اثرات متقابل و اپیستازی بین مکانی نیز برآورده و آزمون شد تا نتیجه قطعی‌تری در مورد وجود یا عدم وجود اثرات اپیستازی کنترل کننده هر یک از صفات مورد مطالعه به دست آید.

بین یک و صفر قرار داشت که به ترتیب نشانگر وجود فوق غالیت و غالیت ناقص برای این صفات می‌باشد. وراثت‌پذیری عمومی صفت تعداد گل در خوشه با ۰/۵۱ کمترین و صفت وزن میوه یک خوشه بدون خوشه با ۰/۷۷ بالاترین بود. وراثت‌پذیری خصوصی ۰/۴۴ مربوط به صفت تعداد میوه در خوشه و ۰/۰۲ برای صفت وزن میوه یک خوشه بدون خوشه محاسبه شد.

مثبت‌بودن علامت اثر افزایشی و غالیت برای صفات تعداد گل در خوشه و وزن میوه یک خوشه بدون خوشه نشان‌دهنده تجمع آلل‌های افزاینده در والد P_1 و وجود غالیت همسو بین مکان‌های ژنی است. بنابراین ارزش میانگین والد P_1 بالاتر از والد P_2 و ارزش F_1 بالاتر از والدین بود. از طرف دیگر، وراثت‌پذیری عمومی برای این دو صفت متوسط ۰/۵۵ و ۰/۵۷ بود که نشان‌دهنده نقش نسبتاً یکسان عوامل غیرژنتیکی و اختصاصاً محیط در مقابل عوامل ژنتیکی براین صفات و پیچیده بودن توارث آنها است. همچنین صفر بودن وراثت‌پذیری خصوصی بیانگر نقش غالب واریانس غیرافزایشی در این صفات است. در صفاتی که همزمان اثرات افزایشی و غالیت نقش دارند، استفاده از تلاقي‌های دو والدی و گرینش‌های دوره‌ای برگشتی برای ترکیب بعدی الل‌ها و ایجاد نوترکیب‌های مطلوب می‌تواند استفاده شود، این روش ممکن است نسبت به روش سنتی گرینش توده‌ای برای ثبتیت و افزایش فراوانی ژن‌های چند اثره (pleiotropic) و همچنین بلوک‌های کروموزومی ژن‌های پیوسته مطلوب در لاین‌های برتر موثرتر باشد (Comstock *et al.*, 1949).

معنی‌داری بین نسل‌های مورد مطالعه در این تحقیق از نظر تعداد گل وجود نداشت و در حقیقت تفاوت‌های جزئی بین میانگین تعداد گل در نسل‌های مختلف فقط به خاطر اثرات محیطی بود. مدل چهار پارامتری $[I][j][m][h]$ توجیه‌کننده تغییرات برای صفات میانگین وزن تک میوه بود. به طوری که اثر ژنی غالیت $[h]$ برای این صفات مثبت و معنی‌دار و اثر غیر الی افزایشی \times غالیت $[j]$ منفی و معنی‌دار شد. علامت اثر غالیت \times غالیت $[I]$ برای صفت میانگین وزن تک میوه مخالف با علامت اثر غالیت $[h]$ بود که نشانگر وجود اپیستازی دوگانه برای این صفت است. کای اسکوئر برآورده شده برای این صفت غیر معنی‌دار شد که نشان‌دهنده کفايت مدل چهار پارامتری برای توجیه تغییرات در این صفت بود.

اجزای تنوع برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد در جدول ۵ آمده است. واریانس افزایشی برای صفات عملکرد با خوشه و عملکرد بدون خوشه صفر برآورد شد. ارزش واریانس غالیت برای صفات وزن میوه یک خوشه با خوشه، وزن میوه یک خوشه بدون خوشه، تعداد گل در خوشه، عملکرد با خوشه و عملکرد بدون خوشه بالاتر از ارزش واریانس افزایشی بود و فقط برای صفت تعداد میوه در خوشه سهم واریانس افزایشی بیشتر از واریانس غالیت بود. برای صفات عملکرد با خوشه و عملکرد بدون خوشه سهم واریانس افزایشی صفر و واریانس غالیت بالا بود به همین دلیل متوسط درجه غالیت برای این صفات گزارش نشد. متوسط درجه غالیت برای صفت تعداد گل در خوشه، وزن میوه یک خوشه با خوشه و وزن میوه یک خوشه بدون خوشه بالاتر از یک و برای صفت تعداد میوه در خوشه

جدول ۵. برآورده اجزای واریانس ژنتیکی و درجه غالیت صفات عملکرد، اجزای عملکرد گوجه‌فرنگی.

Tabel 5. Estimates of genetic variance component and degree of dominance for yield and yield component of tomato.

Character	Variance component						
	h^2_n	h^2_b	(\sqrt{H}/D)	(h/d)	VE	VH	VD
Fruit weight with truss (g)	0.25	0.74	1.41	6.5	0.02	0.04	0.02
Fruit weight without truss (g)	0.02	0.77	5.65	5.36	0.1	0.32	0.01
Number of fruits per truss (n)	0.44	0.62	0.7	7.44	0.02	0.01	0.02
Number of flowers per truss (n)	0.13	0.51	1.71	1.32	3.5	2.69	0.91
Mean fruit weight (g)	0.15	0.24	1	55	0.05	0.01	0.01
Yield with truss (g)	0	0.55	-	3.6	0.12	0.15	0
Yield without truss (g)	0	0.57	-	3.48	0.12	0.16	0

a) VD =additive genetic variance, VH =dominance variance, VE =environmental component of variance, h/d =potence ratio, \sqrt{H}/D =average degree of dominance, h^2_b =broad-sence heritability, h^2_n =narrow-sence heritability.
 وراثت‌پذیری خصوصی = h^2_n

a) VD =additive genetic variance, VH =dominance variance, VE =environmental component of variance, h/d =potence ratio, \sqrt{H}/D =average degree of dominance, h^2_b =broad-sence heritability, h^2_n =narrow-sence heritability.

طرف دیگر بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی (درجه تبیین ژنتیکی) نشان‌دهنده سهم بیشتر فاکتورهای ژنتیکی نسبت به عوامل محیطی در بروز این صفت است (Kearsey & Pooni, 2004). گزینش ساده و یا روش بهنژادی شجره‌ای برای کنترل اثرات افزایشی ژن کافی می‌باشد ولی در حضور اثر غالبیت باید گزینش را تا نسل‌های بعدی به تعویق انداخت تا بتوان بعد از انجام تلاقي‌های موثر گزینش را انجام داد. بهنژادی بر پایه هتروزیس برای کنترل و استفاده از اثر ژنی غالبیت بسیار موثر است. در مطالعه Gosh *et al.* (2010) وراثت‌پذیری عمومی صفت تعداد میوه در خوشه ۶۱/۸ درصد گزارش شد که با گزارش اندازه‌گیری ما برای این صفت تقریباً یکسان است. Chi (2017) نیز وراثت‌پذیری خصوصی را برای صفت تعداد میوه در خوشه ۰/۶۲ گزارش کرد. EbenzerBabuRajan *et al.* (2019) نیز نقش اپیستازی در بروز صفت تعداد میوه را گزارش کردند. در حالی که مطالعات دیگر اهمیت اثر افزایشی در کنترل این صفت را گزارش کردند (Sonone *et al.*, 1986; Zdravkovic *et al.*, 2011; Hanson *et al.*, 1998; Zdravkovicetal., 2011) نیز گزارش کردند مدل ساده افزایشی و غالبیت (2002) توجیه کننده تغییرات برای صفت تعداد میوه در خوشه است.

گرایش به استفاده از ارقام خوشه‌ای گوجه‌فرنگی در دهه اخیر افزایش یافته به طوری که ۶۶ درصد ارقام موجود خوشه‌ای و ۳۳ درصد ارقام Beef بودند (Jones, 2016). بنابراین وزن میوه‌های یک خوشه در این آزمایش به دو صورت همراه با خوشه و بدون خوشه اندازه گیری شد. برای دو صفت وزن میوه یک خوشه با خوشه و وزن میوه یک خوشه بدون خوشه کای اسکور برآورد شده و آزمون‌های مقیاس نشان‌دهنده کفایت مدل دو پارامتری $m[h]$ برای توجیه تغییرات و تنوع در هر دو صفت بود. بنابراین، اثر غالبیت نقش عمده در کنترل تغییرات این دو صفت داشت. بیشتر بودن واریانس غالبیت نسبت به واریانس افزایشی و همچنین پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی نیز بیانگر سهم بیشتر اثرات غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد. بهطوری که متوسط درجه غالبیت برای این صفات در مرحله از

نقش غالب اثر افزایشی در کنترل صفت عملکرد بوته در مطالعات برخی محققین نیز گزارش شده است Christakis & Fasoulas, 2001; Saleem et al., (2009) 1989 Chandrasekhar & Rao (2009) نیز نقش غالب اثر غالبیت را در کنترل عملکرد گزارش کردند. در مقابل حضور اپیستازی دوگانه در کنترل ژنتیکی عملکرد میوه گوجه‌فرنگی نیز گزارش شده است (Zdravkovic et al., 2011).

معنی‌دار نشدن هیچ‌کدام از اثرات ژنی برای صفت تعداد گل در خوشه احتمالاً نشان‌دهنده کوچک بودن اثر ژن‌های کنترل کننده این صفات و در نتیجه پوشیده شدن اثر آنها به دلیل نقش قابل توجه عوامل محیطی و Chi, 2017; Nezami *et al.*, 2022). نتایج این تحقیق برای صفت تعداد گل در هر خوشه در تطابق با نتایج Chi (2017) بود که در مطالعه او نیز هیچ یک از اثرات ژنی برای این صفت معنی‌دار نشد. از طرف دیگر، وراثت‌پذیری عمومی به مقدار ۰/۵۱ برآورد شده برای این صفات نشان‌دهنده نقش عوامل ژنتیکی در کنترل آنها و امکان بهنژادی این صفات می‌باشد. وراثت‌پذیری عمومی صفت تعداد گل در خوشه برای گوجه‌فرنگی در مطالعه Ghosh *et al.* (2010) ۴۷/۸۳ درصد گزارش شد که نشان می‌دهد نتایج این تحقیق در تطابق با نتایج آنها قرار دارد. وراثت‌پذیری خصوصی پایین (۰/۱۳) و متوسط درجه غالبیت بالا (۱/۷۴) نشان‌دهنده نقش مهم غالبیت برای صفت تعداد گل در خوشه می‌باشد. بنابراین گزینش در نسل‌های اولیه برای این صفت موثر نخواهد بود و می‌تواند روش‌های بهنژادی مبتنی بر تولید هیبرید برای بهره‌برداری از هتروزیس مورد استفاده قرار گیرد. این نتایج در تطابق با نتایج Chi (2017) می‌باشد.

برای صفت تعداد میوه در خوشه کای اسکور برآورد شده بیانگر کفایت مدل دو پارامتری $m[h]$ بود که نشان‌دهنده نقش مهم اثر غالبیت برای این صفات می‌باشد. مثبت بودن علامت اثر غالبیت نشان‌دهنده تجمع غالبیت همسوی الاهای افزاینده می‌باشد. البته با توجه به بالا بودن واریانس افزایشی برای این صفات می‌توان گفت که غیر معنی دار شدن اثر افزایشی ممکن است به خاطر پراکندگی الاهای افزاینده در والدها بوده باشد. از

نقش فاکتورهای محیطی در کنترل این صفت می‌باشد. بنابرین بهتر است گزینش مستقیم برای این صفت در نسل‌های اولیه صورت نگیرد و در نسل‌های بعد با انجام تلاقي‌های مناسب از روش تولید هیرید برای بهبود این صفت استفاده شود. نتایج مطالعه دیگر نشان داد که اثرات اپیستازی افزایشی در افزایشی [i] و غالبیت در غالبیت [l] برای این صفت معنی‌دار بودند که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت (Ebenezer BabuRajan *et al.*, 2019).

اندازه‌گیری بیشتر از یک محاسبه شد. از طرف دیگر، بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی (به ترتیب ۷۴ و ۷۷ درصد) ممکن قابل اصلاح بودن این صفات بود. با توجه به اثرات ژنتیکی و واریانس‌های بدست آمده می‌توان گفت که بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی و پایین‌بودن وراثت‌پذیری خصوصی بیانگر تاثیر فاکتورهای غیر افزایشی در بروز این صفات می‌باشد. بنابرین بهتر است گزینش بر اساس آزمون نتاج صورت گرفته و یا تا نسل‌های بعدی به تأخیر افتاده و سپس با انجام تلاقي‌های هدف دار اقدام به گزینش و بهبود این صفت گردد.

نتیجه‌گیری کلی
در این تحقیق فقط برای صفت متوسط وزن میوه، اثرات ساده افزایشی- غالبیت نتوانست تغییرات صفت در جمعیت مورد مطالعه را توجیه کند و مدل شامل اثر غالبیت به همراه اثرات اپیستازی افزایشی- افزایشی و غالبیت- غالبیت بهترین مدل توجیه‌کننده تغییرات این صفت بود، اما برای سایر صفات، اثرات ساده افزایشی- غالبیت بهترین مدل توصیف‌کننده تنوع آنها در نسل‌های مطالعه شده بود. بنابرین با توجه به نتایج فوق می‌توان نتیجه گرفت که برای صفت عملکرد و اجزای عملکرد گزینش مستقیم مناسب نبوده و گزینش دوره‌ای برای افزایش شناس ترکیب شدن ژن‌های مؤثر در کنترل این صفات توصیه می‌گردد.

سپاسگزاری

از حمایت‌های پروفسور حسن ابراهیم‌زاده معبدو در انجام این تحقیق، تشکر و قدردانی می‌گردد.

REFERENCES

1. Amin, I. (2013). Genetics behavior of some agronomic traits in two durum wheat crosses under heat stress. *Alexandria Journal of Agricultural Research*, 58(1), 53-66.
2. Bhatt, R., Biswas, V., & Kumar, N. (2001). Heterosis, combining ability and genetics for vitamin C, total soluble solids and yield in tomato (*Lycopersicon esculentum*) at 1700 m altitude. *The Journal of Agricultural Science*, 137(1), 71-75.
3. Chandrasekhar, P., & Rao, M. P. (1989). Studies on combining ability of certain characters in tomato. *South India Horticulture*, 37, 10-12.
4. Checa, O., Ceballos, H., & Blair, M. W. (2006). Generation means analysis of climbing ability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Heredity*, 97(5), 456-465.
5. Chi, N. N. (2017). Genetic analysis and heritability estimates for heat-tolerance traits in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). Master's thesis, Texas A & M University.USA. Available electronically from <https://hdl.handle.net/1969.1/173088>.
6. Christakis, P., & Fasoulas, A. (2001). The recovery of recombinant inbreds outyielding the hybrid in tomato. *The Journal of Agricultural Science*, 137(2), 179-183.
7. Comstock, R. E., Robinson, H. F., & Harvey, P. H. (1949). A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability 1. *Agronomy Journal*, 41(8), 360-367.

8. Cukadar-Olmedo, B., & Miller, J. F. (1997). Inheritance of the stay-green trait in sunflowers. *Crop Science*, 37(1), 150-153.
9. Dhaliwal, M., & Nandpuri, K. (1988). Genetics of yield and its components in tomato. *Annals of Biology*, 4, 75-80.
10. Dvojković, K., Drezner, G., & Novoselović, D. (2010). Estimation of some genetic parameters through generation mean analysis in two winter wheat crosses. *Periodicumbiologorum*, 112(3), 247-251.
11. EbenerBabuRajan, R., Praveen Sampath Kumar, C., Joshi, J.L., & Muraleedharan, A. (2019). Generation means analysis for yield and component traits in tomatoes (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Plant Archives*. 19, 448-451.
12. Foolad, M. (1996). Genetic analysis of salt tolerance during vegetative growth in tomato, *Lycopersicon esculentum* Mill. *Plant Breeding*, 115(4), 245-250.
13. Foolad, M. R., & Lin, G. (2001). Genetic analysis of cold tolerance during vegetative growth in tomato, *Lycopersicone sculentum* Mill. *Euphytica*, 122(1), 105-111.
14. Ghosh, K., Islam, A., Mian, M., & Hossain, M. (2010). Variability and character association in F2 segregating population of different commercial hybrids of tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Journal of Applied Sciences and Environmental Management*, 14(2), 1-12.
15. Hanson, P. M., Chen, J.t., & Kuo, G. (2002). Gene action and heritability of high-temperature fruit set in tomato line CL5915. *Hort Science*, 37(1), 172-175.
16. Hayman, B. (1958). The separation of epistasis from additive and dominance variation in generation means. *Heredity*, 12, 371-391.
17. Hayman, B. (1960). The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. II. *Genetica*, 31, 133-146.
18. Henareh, M., Abdollahi mandoulakani, Babak, & Dursun, A. (2018). Association analysis of morphological traits in tomatoes using ISSR markers. *Iranian Journal of Horticultural Sciences*, 49(1), 171-181.
19. Heuvelink, E. (2018). *Tomatoes* (Vol. 27): CABI.
20. Iqbal, M. Z., & Nadeem, M. A. (2003). Generation means analysis for seed cotton yield and number of sympodial branches per plant in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 2(4), 395-399.
21. Jinks, J., & Jones, R. M. (1958). Estimation of the components of heterosis. *Genetics*, 43(2), 223.
22. Jones Jr, J. B. (2016). *Hydroponics*: a practical guide for the soilless grower: CRC press.
23. Kearsey, M. J., & Pooni, H. S. (2004). *The Genetical Analysis of Quantitative Traits*. Chapman and Hall, London.
24. Mather, K. (1949). *Biometrical genetics* (Methuen and Co. Ltd., London), 162.
25. Mather, K., & Jinks, J. (1971). *Biometrical Genetics*. 2nd edn Chapman and Hall Ltd. New Fetter Lane, London,
26. Mather, K., & Jinks, J. (1982). *Introduction to Biometrical Genetics*. 3rd editoion. In: Chapman and Hall Ltd., London.
27. Nezami, S., Nemati, S.H., Aroiee, H., & Kafi, M. 2022. Half diallel analysis of related traits to yield and fruit quality in tomato lines. *Iranian Journal of Horticultural Sciences*, 52(4), 1011-1025.
28. Pooni, H., & Treharne, A. (1994). The role of epistasis and background genotype in the expression of heterosis. *Heredity*, 72(6), 628-635.
29. Saleem, M. Y., Asghar, M., Haq, M. A., Rafique, T., Kamran, A., & Khan, A. A. (2009). Genetic analysis to identify suitable parents for hybrid seed production in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Pakistan Journal of Botany*, 41(3), 1107-1116.
30. Sharmila, V., Ganesh, S. K., & Gunasekaran, M. (2007). Generation mean analysis for quantitative traits in sesame (*Sesamum indicum* L.) crosses. *Genetics and Molecular Biology*, 30(1), 80-84.
31. Singh, R., & Chaudhary, B. (1985). Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani Publishers. Ludhiana, India.
32. Singh, R., & Singh, S. (1985). Detection and estimation of components of genetic variation for some metric traits in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Theoretical and Applied Genetics*, 70(1), 80-84.
33. Singh, U., Tanki, I., & Singh, R. (1988). Studies on order effect and epistatic components for yield in double-cross hybrids of tomato. *Genetica Iberica*, 40(3-4), 147-155.
34. Sonone, A., Yadav, M., & Thombre, M. (1986). Combining ability for yield and its components in tomato. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities* (India), 11, 288-290.
35. Van Der Veen, J. (1959). Tests of non-allelic interaction and linkage for quantitative characters in generations derived from two diploid pure lines. *Genetica*, 30(1), 201-232.
36. Zdravkovic, J., Markovic, Z., Zdravkovic, M., Sretenovic-Rajcic, T., & Kraljevic-Balali, M. (1998). Gene effects on the number of fruits per flower branch in tomato (*Lycopersicum esculentum* Mill.). VI International Symposium on Processing Tomato & Workshop on Irrigation & Fertigation of Processing Tomato. 487, 361-366.
37. Zdravkovic, J., Pavlovic, N., Girek, Z., Brdar-Jokanovic, M., Savic, D., Zdravkovic, M., & Cvirkic, D. (2011). Generation means analysis of yield components and yield in tomato (*Lycopersicum esculentum* Mill.). *Pakistan Journal of Botany*, 43(3), 1575-1580.