

## Genetic evaluation of gynoeciousness in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using generation mean analysis method

Maryam Hafeznia<sup>1</sup>, Jamal-Ali Olfati<sup>\*2</sup>, Babak Rabiei<sup>3</sup>, Habibollah Samizadeh Lahiji<sup>4</sup>

1. Ph.D. Student, Dept. of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.  
E-mail: [mm.hafeznia@gmail.com](mailto:mm.hafeznia@gmail.com)
2. Corresponding Author, Dept. of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.  
E-mail: [jamalaliolfati@gmail.com](mailto:jamalaliolfati@gmail.com)
3. Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.  
E-mail: [rabiei@guilan.ac.ir](mailto:rabiei@guilan.ac.ir)
4. Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.  
E-mail: [hsamizadeh@yahoo.com](mailto:hsamizadeh@yahoo.com)

### Article Info

**Article type:**  
Full Length Research Paper

**Article history:**  
Received: 06.14.2021  
Revised: 07.07.2021  
Accepted: 10.03.2021

**Keywords:**  
Additive effect,  
Epistasis,  
Generation Mean Analysis,  
Selection

### ABSTRACT

**Background and Objectives:** Gynoecious hybrids have the advantage of high yield; therefore, gynoeciousness should always be considered in the production of cucumber hybrid cultivars. There are at least five genes that affect the expression of gynoeciousness in cucumber. In order to improve cucumber for production new cultivars with higher yield and better quality, using of genetic diversity and cucumber germplasm is extremely essential. Knowing the importance and extent of controller genetic effects the inheritance of traits can lead to the selection of appropriate corrective methods. Therefore, the present study took with this goal how inheritance of the gynoeciousness trait and, to investigate the effects of controller genes on this trait and, other performance components in crossing between a commercial hybrid and a selected line. Finally a proper amendatory plan is adopted.

**Materials and Methods:** In order to evaluate genetic and determine heritability of gynoeciousness in cucumber seven generation including P1, P2, F1, F2, BC1, BC2 and F3 from a cross between two gynoecious (N10) and androecious (A11) cucumber lines were supplied. Number of female and, male flowers, number of fruits per plant, length of plant and length of internode were evaluated in a randomized complete blocks design with three replications. Cause on create populations, experiments were carried out in the spring and autumn of 2017 to 2018 in three stages in the greenhouse of the college of Agricultural Sciences, University of Guilan and population assessment was performed in 2019 in the research farm of the faculty of agricultural sciences, university of Guilan. First year, in order to produce hybrid seeds, a cross was made between gynoecious N10 and androecious A11 lines. After producing and cultivating hybrid seeds in the second stage, self-pollination and hybrid cross-breeding with parents were carried out and F2 populations and backcrosses were created. In the second year, samples of second-generation seeds were planted in greenhouses for creating self-pollination and third-generation populations. In the greenhouse, hydroponic cultivation system was used and fertilization and irrigation of plants were done at regular intervals. In the field plant were cultivated using drip irrigation system and, cover mulch and all necessary agricultural care were done. Data normality was tested by SPSS software and data analysis was performed by SAS software. Generation mean comparison was also performed using LSD test at 5% and 1% probability levels.

---

**Results:** About the gynoecioucy there was a significant difference among case study generations. Examination of scale tests for this trait also showed that there are allele interactions among the genes controlling this trait. Examination of genetical parameter and scale tests showed that for all of study traits there are epistasis effects. The results showed about number of female flowers all of the genetic parameters was significant and for number of male flowers, number of fruit per plant and length of internode traits all of the genetic parameters was significant except dominance-dominance epistasis, whereas for length of plant trait all of the genetic parameters was significant except additive-additive epistasis.

**Discussion:** Evaluation of narrow sense heritability and dominance degree showed that additive variance was more important in genetically controlling of number of female flower and number of fruits per plant. Therefore superior genotypes can be improved by selecting in the study population.

---

Cite this article: Hafeznia, Maryam, Olfati, Jamal-Ali, Rabiei, Babak, Samizadeh Lahiji, Habibollah. 2022. Genetic evaluation of gynoecioucy in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using generation mean analysis method. *Journal of Plant Production Research*, 29 (3), 1-15.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/JOPP.2022.19108.2821

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

---

## ارزیابی ژنتیکی صفت ماده‌گلی در خیار با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها

مریم حافظ‌نیا<sup>۱</sup>، جمالعلی الفتی<sup>۲\*</sup>، بابک ربیعی<sup>۳</sup>، حبیب‌ا... سمیع‌زاده لاهیجی<sup>۴</sup>

۱. دانشجوی دکتری باغبانی، گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. رایانامه: [mm.hafeznia@gmail.com](mailto:mm.hafeznia@gmail.com)
۲. نویسنده مسئول، گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. رایانامه: [jamalaliolfati@gmail.com](mailto:jamalaliolfati@gmail.com)
۳. گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. رایانامه: [rabiei@guilan.ac.ir](mailto:rabiei@guilan.ac.ir)
۴. گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. رایانامه: [hsamizadeh@yahoo.com](mailto:hsamizadeh@yahoo.com)

| اطلاعات مقاله  | چکیده   |
|--|---|
| نوع مقاله:<br>مقاله کامل علمی - پژوهشی   | <b>سابقه و هدف:</b> هیبریدهای ماده‌گل خیار از مزیت پرمحصول بودن برخوردار هستند؛ بر این اساس صفت ماده‌گل بودن باید همواره در تولید ارقام هیبرید خیار مدنظر قرار گیرد. حداقل پنج ژن وجود دارد که بیان جنسیت ماده‌گلی را تحت‌تأثیر قرار می‌دهد. جهت اصلاح خیار برای تولید ارقام جدید با عملکرد بالاتر و کیفیت بهتر، استفاده از تنوع ژنتیکی و ژرم‌پلاسم این گیاه ضروری است. اطلاع از اهمیت و میزان اثرات ژنتیکی کنترل‌کننده توارث صفات می‌تواند به انتخاب روش مناسب اصلاحی گیاه بیانجامد. بنابراین پژوهش حاضر با هدف بررسی نحوه وراثت صفت ماده‌گلی و اثرات ژن‌های کنترل‌کننده در این صفت و دیگر اجزای عملکرد، در نتاج حاصل از تلاقی یک لاین ماده با یک لاین منتخب نر صورت گرفت تا در نهایت برنامه اصلاحی مناسبی اتخاذ شود.  |
| تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۳/۲۴<br>تاریخ ویرایش: ۱۴۰۰/۰۴/۱۶<br>تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۷/۱۱    |   |
| واژه‌های کلیدی:<br>اپیستازی،<br>واریانس افزایشی،<br>واریانس غالبیت،<br>وراثت‌پذیری | <b>مواد و روش‌ها:</b> به‌منظور ارزیابی ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری صفت ماده‌گلی در خیار، هفت نسل (P1, P2, F1, F2, BC1, BC2, F3) از تلاقی دو لاین ماده‌گل N10 و نرگل A11 تهیه شد. صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه در بوته، ارتفاع بوته و طول میانگره در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اندازه‌گیری شدند. جهت ایجاد جمعیت‌ها، آزمایش‌هایی در بهار و پاییز ۱۳۹۶ تا ۱۳۹۷ طی سه مرحله در گلخانه دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان صورت گرفت و ارزیابی جمعیت‌ها در سال ۱۳۹۸ در مزرعه پژوهشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان انجام شد. سال اول به منظور تولید بذرها از هیبرید تلاقی بین دو لاین ماده‌گل N10 و نرگل A11 صورت گرفت. پس از تولید و کشت بذر هیبرید در مرحله دوم، خودگشتی و تلاقی برگشتی هیبرید با والدین انجام شد. جمعیت‌های F2 و تلاقی‌های برگشتی با هر دو والد ایجاد شدند. در سال دوم، نمونه‌هایی از بذور نسل دوم به‌منظور خودگشتی و ایجاد جمعیت نسل سوم در گلخانه کشت شدند. در گلخانه از روش مدیریتی |

---

کشت هیدروپونیک استفاده شد و کوددهی و آبیاری گیاهان با فواصل زمانی منظم انجام شد. در کشت مزرعه‌ای از آبیاری قطره‌ای و مالچ پوششی جهت کاشت استفاده شد. بررسی نرمال بودن داده‌ها توسط آزمون چولگی و کشیدگی در نرم‌افزار SPSS و تجزیه داده‌ها توسط نرم‌افزار SAS انجام شد. مقایسه میانگین نسل‌ها نیز با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد صورت گرفت.

**یافته‌ها:** در مورد صفت ماده‌گلی تفاوت معنی‌داری بین نسل‌های مورد بررسی وجود داشت. بررسی آزمون‌های مقیاس نیز برای این صفت نشان داد که ممکن است آثار متقابل غیرآلی نیز در بین ژن‌های کنترل‌کننده این صفت وجود داشته باشد. برآورد پارامترهای ژنتیکی و انجام آزمون مقیاس مشترک بیانگر آن بود که برای تمامی صفات مورد مطالعه، انواع مختلفی از اپیستازی وجود دارد. نتایج بیانگر آن بود که در مورد صفت تعداد گل ماده تمام آثار ژنتیکی معنی‌دار شد. برای صفات تعداد گل نر، تعداد میوه در بوته و طول میانگره، مدل شش پارامتری شامل تمامی آثار ژنتیکی به غیر از اپیستازی غالبیت-غالبیت، کنترل صفات را به عهده داشت، در حالی که برای صفت ارتفاع بوته، مدل شش پارامتری شامل تمام آثار ژنتیکی بدون اپیستازی افزایشی-افزایشی بهترین مدل ژنتیکی توجیه‌کننده تنوع بود.

**نتیجه‌گیری:** ارزیابی وراثت‌پذیری و درجه غالبیت نشان داد واریانس افزایشی در صفات تعداد گل ماده و تعداد میوه دارای اهمیت بیش‌تری بود به این معنی که می‌توان برای اصلاح این صفات در جمعیت مورد مطالعه ژنوتیپ‌های برتر را انتخاب کرد.

---

**استناد:** حافظ‌نیا، مریم، الفتی، جمالعلی، ربیعی، بابک، سمیع‌زاده لاهیجی، حبیب‌ا... (۱۴۰۱). ارزیابی ژنتیکی صفت ماده‌گلی در خیار با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها. نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، ۲۹ (۳)، ۱۵-۱.

DOI: 10.22069/JOPP.2022.19108.2821



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

## مقدمه

خیار (*Cucumis sativus* L.) متعلق به خانواده کدوئیان و جنس کوکومیس می‌باشد. این جنس دارای ۳۰ گونه است که از این بین خیار بیش‌ترین اهمیت اقتصادی را داشته و تعداد کروموزوم آن  $(2n=2x=14)$  می‌باشد (۱). منشاء اصلی خیار از منطقه شمال هیمالیا بوده و کشت آن از ۳۰۰۰ سال پیش در هند انجام شده است (۲). منابع ژنومی این محصول در مقایسه با بسیاری از محصولات زراعی کم است (۳). در ارقام تجاری خیار نوع جنسیت (مونوسپوس یا ژینوسپوس) و میزان بیان آن‌ها مهم است زیرا تأثیر مستقیم بر تاریخ برداشت، تولید و بهره‌وری این محصول دارد (۴ و ۵). گیاه خیار دارای سه نوع گل نر، ماده و هرمافرودیت است. توزیع این سه گل در خیار منجر به تشکیل هفت نوع جنسیت متفاوت می‌شود. در بین جنسیت‌های مختلف در خیار جنسیت مونوسپوس (گل نر، ماده و دو جنسی)، ژینوسپوس (گل ماده و دو جنسه) و هرمافرودیت (گل دو جنسی) دارای اهمیت فراوان هستند (۶). مکان‌های ژنی  $A/a$  و  $F/f$ ،  $M/m$  تنظیم بیان جنسیت در خیار را کنترل می‌کنند. میزان بیان گل ماده توسط مکان ژنی  $F/f$  تنظیم می‌شود. در حالی که مکان ژنی  $(M/m)$  بیان گل‌های دو جنسی را کنترل می‌کند (۷ و ۸). از برهمکنش مکان ژنی  $F$  با دو ژن مغلوب  $m$  (جنسیت آندرومونوسپوس) با گل‌های نر و هرمافرودیت و ژن  $A$  (جنسیت آندروسپوس) که تنها گل‌های نر تولید می‌کند، درجه بیان گل نر در گیاه تنظیم می‌شود (۵).

به طور کلی توزیع ۳ نوع گل (نر، ماده و دو جنسی) در گیاه ۷ نوع جنسیت را در خیار ایجاد می‌کند که گیاه آندروسپوس (فقط گل نر)، ژینوسپوس (فقط گل ماده)، مونوسپوس (گل نر و ماده در بالای ساقه اصلی)، هرمافرودیت (تنها گل دو جنسی)، آندرومونوسپوس (گل‌های نر و دو جنسه)،

ژینومونوسپوس (گل‌های ماده و دو جنسه)، تری‌مونوسپوس (گل نر، ماده و دو جنسی) تولید می‌کنند (۹ و ۱۰). گیاه خیار به طور معمول گیاهی مونوسپوس است و گل‌های نر و ماده را روی یک بوته تولید می‌کند. عملکرد گیاهان مونوسپوس به علت تعداد کم‌تر گل‌های ماده نسبت به ارقام ژینوسپوس (ماده‌گل) کم‌تر می‌باشد، از طرفی میوه‌های حاصل از گیاهان هرمافرودیت شکل مناسبی ندارند و به علت درشت بودن دانه‌ها فاقد ارزش خوراکی می‌باشند. امروزه اکثر ارقام تجاری خیار ماده‌گل هستند و از تلاقی با لاین‌های ماده‌گل و یا هرمافرودیت در ترکیبی از پارتنوکاری ایجاد می‌شوند (۷). هیبریدهای ماده‌گل خیار از مزیت پرمحصول بودن برخوردار هستند؛ بنابراین صفت ماده‌گل بودن باید همواره در تولید ارقام هیبرید خیار مد نظر قرار گیرد (۱۱). هیبریدهای ماده‌گل به طور معمول زودتر گل می‌دهند و دارای میوه‌بندی متمرکز هستند؛ کشت هیبریدهای ماده‌گل در تراکم گیاهی بالا عملکرد بالاتری در برداشت مکانیکی فراهم می‌کنند (۱۲). تقاضا برای کیفیت و عملکرد خوب در ارقام خیار بالاست و با توجه به محدود بودن بانک ژن خیار گسترش ارقام جدید به وسیله تلاقی صورت گرفته است. به عبارت دیگر به جهت اصلاح خیار برای تولید ارقام جدید با عملکرد بالاتر و کیفیت بهتر، استفاده از تنوع ژنتیکی و ژرم پلاسم این گیاه به شدت ضروری است (۱۳). هم‌چنین الشواف و بیکر بیست هیبرید  $F_1$  حاصل از تلاقی چهار لاین ژینوسپوس و پنج لاین هرمافرودیت را بررسی و گزارش کردند که میزان ترکیب‌پذیری خصوصی در زمان برداشت، بیان جنسیت ماده و عملکرد والدین ماده بیش‌تر از والدین نر بود (۱۴). کرامر و وهنر نیز ارتباط بین عملکرد و اجزای عملکرد را در جمعیت‌های مختلف خیار تازه خوری و خیار ترشی بررسی کردند و نشان دادند درصد

خيار انجام شده اما اطلاعات کمی در مورد ساختار ژنتیکی صفات کمی مورد استفاده در لاین‌های ماده گل وجود دارد (۱۰). پتی و همکاران در پژوهشی استفاده از یک ژنوتیپ ماده گل با دو لاین مونوسوس به عنوان والد را مورد بررسی قرار دادند و با توجه به نتایج نسل F1 و F2 گزارش کردند که گل ماده تحت کنترل یک ژن غالب قرار دارد (۲۵). اطلاعات مربوط به نحوه وراثت، عملکرد ژن‌ها و وراثت‌پذیری تمام اجزای عملکرد کمک بزرگی برای اصلاح گیاهان در تصمیم‌گیری برای انتخاب روش اصلاحی مناسب و صفات برتر می‌باشد (۱۸). بنابراین پژوهش حاضر با هدف بررسی نحوه وراثت صفت ماده‌گلی و اثرات ژن‌های کنترل‌کننده در این صفت و دیگر اجزای عملکرد در نتایج حاصل از تلاقی یک لاین ماده با یک لاین منتخب نر صورت گرفت. لاینهای آزمایش‌های پیشین ترکیب‌پذیری مناسبی داشتند. در نهایت هدف از این پژوهش انتخاب برنامه اصلاحی مناسب جهت اصلاح صفات خیار است.

### مواد و روش‌ها

لاین N10 و لاین A11 که به ترتیب به دلیل دارا بودن صفات ماده‌گلی و ظاهری بازارپسند و دیگری نرگلی و طعم خوب جهت دورگ‌گیری انتخاب شدند. لاین N10 ماده گل اما با عطر ضعیف گوشت همراه است و لاین (A11) با منشا بومی عطر گوشت بالایی دارد و میوه‌های آن‌ها بسیار سفت و ترد هستند اما غالباً نرگل می‌باشد. جهت ایجاد جمعیت‌ها، آزمایش‌هایی در بهار و پاییز ۱۳۹۶ تا ۱۳۹۷ طی سه مرحله در گلخانه دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان صورت گرفت. ارزیابی جمعیت‌ها در سال ۱۳۹۸ در مزرعه پژوهشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان انجام شد، تا ضمن تامین میزان سطح زیر کشت مورد نیاز شرایط لازم برای ایجاد گل‌های

گل‌های ماده، پتانسیل عملکرد را از طریق انتخاب غیرمستقیم افزایش می‌دهد (۱۵). اطلاع از نوع و میزان اثرات ژنتیکی کنترل‌کننده توارث صفات می‌تواند به انتخاب روش مناسب اصلاحی و در نتیجه تسریع در اصلاح گیاه بیانجامد (۱۶). اصلاح و بهبود کیفیت سبزی‌ها نیازمند شناخت و آگاهی از نیاز و خواسته مصرف‌کننده است. ارقام محلی خیار از لحاظ عطر و طعم میوه دارای ویژگی‌های مطلوب و مناسب ذائقه مصرف‌کننده در هر منطقه می‌باشند، اما این ارقام دارای جنسیت نرگل هستند که از نظر عملکرد و تعداد میوه نسبت به ارقام ماده گل بسیار ضعیف می‌باشند. ماده‌گلی یک صفت کمی است و حداقل ۵ ژن در بیان این صفت نقش دارند (۱۷). این صفت یکی از اجزای عملکرد است که به صورت کمی به ارث می‌رسد، دارای وراثت‌پذیری پایین می‌باشد و تا حد زیادی تحت تأثیر ژنوتیپ و محیط قرار می‌گیرد که پیوستگی بالایی با پارتنوکاری دارد (۱۱).

تجزیه میانگین نسل‌ها ابزاری مهم جهت برآورد و تفکیک اجزای میانگین ژنتیکی کل به اجزای آن است، همچنین این تکنیک اطلاعاتی در مورد وجود یا عدم وجود اپیستازی در اختیار ما می‌گذارد (۱۸). نحوه عملکرد ژن‌ها از جمعیتی به جمعیت دیگر در یک نوع محصول متفاوت است و مطالعات ژنتیکی برای هر محصولی قبل از انتخاب روش اصلاحی جهت بهبود آن محصول ضروری است. به همین دلیل اطلاعات در مورد نحوه توارث، نوع عمل ژن و میزان وراثت‌پذیری می‌تواند کمک بسیار زیادی در پروسه اصلاح محصول کند (۱۹). در این میان از روش تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها در بسیاری از گونه‌های گیاهی به طور موفقیت‌آمیز استفاده شده است که می‌توان به استفاده از این روش در خیار (۲۰)، فلفل (۲۱)، گوجه‌فرنگی (۲۲)، برنج (۲۳) و خربزه-طالبی (۲۴) اشاره نمود. مطالعات زیادی درباره

صفات مورد نظر تعداد گل ماده تا گره بیستم، تعداد گل نر تا گره بیستم، تعداد میوه تا گره بیستم، ارتفاع بوته تا گره بیستم و طول میانگره تا گره بیستم اندازه‌گیری شد. تعداد بوته‌های کشت شده از والدین ۴ بوته در هر تکرار، برای نسل هیبرید (F1) ۱۲ بوته در تکرار، در نسل (F2) ۴۰ بوته در هر تکرار، برای تلاقی‌های برگشتی (BC1 و BC2) به ترتیب ۸ و ۱۶ بوته در هر تکرار (عدم یکسان بودن تعداد بوته برای تلاقی‌های برگشتی عدم تولید بذر در تلاقی برگشتی اول بود) و برای نسل (F3) تعداد ۲۸۵ بوته در هر تکرار کاشته شدند. اندازه‌گیری تمامی صفات به صورت تک بوته صورت گرفت.

به منظور تجزیه داده‌ها و ارزیابی آثار ژنتیکی کنترل کننده میانگین صفات مورد مطالعه، از روش متر و جینکز (۱۹۸۲) طبق رابطه ۱ استفاده شد (۲۶).

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

که در آن،  $y$  میانگین یک نسل،  $m$  میانگین تمام نسل‌ها در یک تلاقی،  $[d]$  برآیند آثار افزایشی،  $[h]$  برآیند آثار غالبیت،  $[i]$  برآیند اپیستازی افزایشی  $\times$  افزایشی،  $[j]$  برآیند اپیستازی افزایشی  $\times$  غالبیت،  $[l]$  برآیند اپیستازی غالبیت  $\times$  غالبیت،  $2\alpha$  و  $2\alpha\beta$  ضرایب هر یک از پارامترهای ژنتیکی مدل متر و جینکز هستند.

از آزمون‌های مقیاس برای وجود یا عدم وجود آثار اپیستازی، بر اساس روابط ۲ تا ۵ و همچنین جهت بررسی معنی‌داری با محاسبه مقدار  $t$  و مقایسه آن با  $t$  جدول از روابط ۶ تا ۹ استفاده شد (۲۶).

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

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

نر (طول روز بلند و دمای بالا) برای بوته‌ها ایجاد شود. سال اول به منظور تولید بذرهای هیبرید تلاقی دو والد N10 و A11 (که طی سال‌های قبل در دانشکده علوم کشاورزی خالص‌سازی شده) صورت گرفت و پس از تولید و کشت بذر هیبرید در مرحله دوم خودگشتی و تلاقی برگشتی هیبرید با والدین در بهار سال ۹۶ در مجموعه گلخانه‌های کشاورزی دانشگاه گیلان انجام شد. جمعیت‌های F2 و تلاقی‌های برگشتی با هر دو والد ایجاد شدند. برای این منظور روزانه در طی ساعات ۷ الی ۱۰ صبح پس از ظهور دومین گل‌آذین‌ها عملیات خودگشتی هیبریدها صورت گرفت. برای تولید جمعیت F2 گل‌ها یک روز قبل از شکوفایی با کپسول‌های کاغذی پوشانیده شدند و گرده‌فشانی در صبح روز بعد به صورت دستی انجام شد. برای این منظور کلاله گل‌های ماده‌ای که از روز قبل با کپسول پوشانده شده بودند با گرده گل‌های نر تازه باز شده در همان روز آغشته شدند. پس از انجام تلاقی، دوباره گل‌ها توسط کپسول کاغذی پوشانده شدند. همچنین از تلاقی گیاهان پدری و مادری با نتاج هیبرید، نسل تلاقی‌های برگشتی نیز برای فصل بعد تهیه شدند. تمامی گل‌های مربوطه با ثبت مشخصات والدین و تاریخ انجام دورگ‌گیری و یا خودگشتی پاکت‌گذاری شدند تا از تلاقی‌های ناخواسته جلوگیری شود. در سال دوم، کشت نمونه‌هایی از بذور نسل دوم در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان به منظور خودگشتی و ایجاد جمعیت نسل سوم انجام شد. در کشت مزرعه‌ای فاصله بین بوته‌ها ۶۰ سانتی‌متر و فاصله ردیف‌ها ۱ متر در نظر گرفته شد. مراحل داشت با استفاده از آبیاری قطره‌ای و مالچ پوششی جهت کاشت و همچنین مراقبت‌های زراعی لازم در مراحل کشت انجام شد. آزمایش‌های انجام شده در مزرعه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد.

$$V_D = 2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2}) \quad (16)$$

$$V_H = V_{F2} - V_D - V_E \quad (17)$$

$$V_E = \frac{1}{3} (V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}) \quad (18)$$

محاسبه میانگین درجه غالبیت، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به ترتیب از روابط ۱۹ الی ۲۱ به دست آمد (۲۷).

$$(H/D)^{1/2} = \frac{2v[h]}{v[d]} \quad (19)$$

$$h_b^2 = \frac{V_D + V_H}{V_D + V_H + V_E} \quad (20)$$

$$h_n^2 = \frac{V_D}{V_D + V_H + V_E} \quad (21)$$

داده‌های بدست آمده از این پژوهش، با استفاده از آزمون‌های چولگی و کشیدگی در نرم‌افزار SPSS، مورد آزمون نرمال بودن قرار گرفت. برای تجزیه داده‌ها از نرم‌افزار SAS استفاده شد (۱۲) و مقایسه میانگین نسل‌ها نیز با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد انجام شد.

### نتایج و بحث

بررسی آزمون نرمال بودن داده‌های اندازه‌گیری شده توسط نرم‌افزار SPSS نشان داد داده‌های مورد مطالعه دارای توزیع نرمالی هستند (جدول ۱). نتایج تجزیه واریانس بین هفت نسل اجرا شده برای صفات تعداد گل ماده تا گره بیستم، تعداد گل نر تا گره بیستم، ارتفاع بوته تا گره بیستم، طول میانگره تا گره بیستم و تعداد میوه تا گره بیستم تفاوت معنی‌داری را در سطح ۱ درصد نشان داد (جدول ۲)، از این روی امکان انجام تجزیه ژنتیکی و بررسی نحوه وراثت‌پذیری وجود دارد. با توجه به جدول ۳ مقایسه

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

$$D = 2\bar{F}_2 - \bar{BC}_1 - \bar{BC}_2 \quad (5)$$

$$t_A = \frac{A}{\sqrt{\bar{V}P1 + \bar{V}F1 + 4\bar{V}BC1}} \quad (6)$$

$$t_B = \frac{B}{\sqrt{\bar{V}P2 + \bar{V}F1 + 4\bar{V}BC2}} \quad (7)$$

$$t_C = \frac{C}{\sqrt{\bar{V}P1 + \bar{V}P2 + 4\bar{V}F1 + 16\bar{V}F2}} \quad (8)$$

$$t_D = \frac{D}{\sqrt{4\bar{V}F2 + \bar{V}BC1 + \bar{V}BC2}} \quad (9)$$

به منظور برآورد آثار ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورد مطالعه نیز از روابط ۱۰ الی ۱۵ استفاده شد.

$$m = \bar{F}_2 \quad (10)$$

$$d = \bar{BC}_1 - \bar{BC}_2 \quad (11)$$

$$h = \bar{F} - 4\bar{F}_2 - (\bar{P}_1 + \bar{P}_2) / 2 + 2\bar{BC}_1 + 2\bar{BC}_2 \quad (12)$$

$$i = 2(\bar{BC}_1 + \bar{BC}_2) - 4\bar{F}_2 \quad (13)$$

$$j = 2(\bar{BC}_1 - \bar{BC}_2) - \bar{P}_1 + \bar{P}_2 \quad (14)$$

$$l = \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 + 4\bar{F}_2 - 4\bar{BC}_1 - 4\bar{BC}_2 \quad (15)$$

پس از محاسبه آزمون مقیاس جهت ارزیابی بهترین مدل ژنتیکی کنترل‌کننده هر یک از صفات مورد مطالعه نیز از آزمون مقیاس مشترک با استفاده از روابط بالا براساس آزمون کای اسکور و بررسی معنی‌دار بودن آن استفاده شد. سپس با استفاده از روابط ۱۶ الی ۱۸ محاسبه اجزای واریانس افزایشی ( $V_D$ )، واریانس غالبیت ( $V_H$ ) و واریانس محیطی ( $V_E$ ) انجام شد (۲۷).



نتاج حاصل از تلاقی‌های برگشتی با والد اول و والد دوم میانگین ارتفاع بوته در هر دو تلاقی کم‌تر از میانگین والدین بود. در نسل F3 نیز ارزش صفت کاهش چندانی نداشت و میانگین صفت از میانگین دو والد کم‌تر بود. برای صفت تعداد میوه، میانگین آن در نسل اول نسبت به میانگین والدین افزایش معنی‌داری نداشت. هم‌چنین در نسل دوم میانگین تعداد میوه نسبت به میانگین والدین کاهش داشت. در نتاج حاصل از تلاقی برگشتی با والد اول و والد دوم میانگین تعداد میوه نسبت به میانگین والدین افزایش معنی‌داری نداشتند. در نسل F3 میانگین تعداد میوه نسبت به میانگین والدین و نسل‌های دیگر کاهش یافت. در صفت طول میانگرمه میانگین نسل اول (F1) تقریباً برابر با میانگین والدین مشاهده شد. هم‌چنین ارزش این صفت در نسل دوم نیز نسبت به نسل اول کاهش چندانی نداشت. میانگین نتاج حاصل از تلاقی برگشتی کم‌تر از میانگین والدین مشاهده شد. در نسل F3 میانگین طول میانگرمه نسبت به میانگین والدین و نسل‌های بعدی افزایش یافت. در حالی که این صفت در طی دوره رشد بسیار تحت تأثیر محیط بوده و در هوای ابری افزایش می‌یابد. حیدری و همکاران (۲۰۱۲) در پژوهشی گزارش کردند افزایش طول میانگرمه می‌تواند باعث کاهش تعداد گره در طول ساقه اصلی شود که این موضوع می‌تواند عملکرد گیاه را کاهش دهد (۲۹).

بر اساس آزمون مقیاس در مورد صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه، ارتفاع بوته و طول میانگرمه تا گره بیستم پارامترهای مقیاس معنی‌دار نشدند که این به معنی عدم وجود اپیستازی در رابطه با این صفات می‌باشد. برای اطمینان بیشتر از این نتایج آثار اپیستازی را مورد محاسبه و تست قرار دادیم (جدول ۴). با توجه به جدول ۵ که مربوط به آثار ژنتیکی کنترل‌کننده صفات مورد مطالعه می‌باشد،

میانگین و خطای معیار در مورد صفت ماده‌گلی، میانگین نسل F1 بیش‌تر از میانگین والدین بوده که می‌تواند نشان‌دهنده پدیده هتروزیس باشد. ارزش صفت ماده‌گلی در نتاج نسل دوم کاهش چندانی نسبت به نسل اول نداشت و از میانگین والدین نیز بیش‌تر بود، هم‌چنین در نتاج حاصل از تلاقی‌های برگشتی یعنی تلاقی برگشتی با والد اول BC1 (N × F1) و والد دوم BC2 (A11 × F1) میانگین این صفت نسبت به میانگین والدین افزایش پیدا کرد. این نتایج با نتایج پتی و همکاران (۲۰۱۵) که وراثت صفت ماده‌گلی را در خیار با استفاده از تلاقی یک لاین ماده‌گل با دو لاین نرگل بررسی کردند مطابقت دارد. آن‌ها بیان داشتند در تمام گیاهان F1 ماده‌گلی بر نرگلی غلبه دارد و زمانی که یکی از والدین ماده‌گل باشد، ماده‌گلی تحت کنترل یک ژن غالب می‌باشد. با پیشرفت نتاج از نظر درصد گل‌های ماده نسبت به لاین‌های والدین این احتمال می‌رود که در نسل‌های بعدی از نظر صفت گل ماده بهبود بیش‌تری حاصل شود (۲۵). در مورد صفت گل نر مقایسه میانگین‌ها نشان داد میانگین نسل F1 از میانگین والدین کم‌تر بوده و با توجه به افزایش میانگین گل ماده در نسل F1 نسبت به میانگین والدین می‌توان نتیجه گرفت که کنترل ژن غالبیت در صفت ماده‌گلی در نتاج نسل اول بیش‌تر از صفت گل نر می‌باشد. در نسل F2 میانگین نتاج برای صفت تعداد گل نر نسبت به میانگین والدین کاهش معنی‌داری نداشت. میانگین گل نر نتاج تلاقی‌های برگشتی با والد اول و والد دوم نیز نسبت به میانگین والدین کاهش یافتند. اما در نتاج نسل F3، میانگین تعداد گل نر نسبت به میانگین والدین افزایش یافت. در صفت ارتفاع بوته میانگین نسل F1 نسبت به میانگین والدین افزایش یافت. هم‌چنین در نسل F2 نیز میانگین این صفت افزایش معنی‌داری نسبت به میانگین هر دو والد نداشت. در

اما در مورد صفات ارتفاع بوته و طول میانگره واریانس محیط بیش‌تر از واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت بود و بیانگر این است که محیط تأثیر بیش‌تری بر این صفات می‌گذارد. در مورد صفات ارتفاع بوته و طول میانگره وراثت‌پذیری خصوصی پایین‌تر از وراثت‌پذیری عمومی بوده و بیانگر تأثیر جزء غالبیت و آثار غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفات نیز می‌باشد، بنابراین انتخاب بر اساس این صفات در جمعیت‌های حاصل از تلاقی موفقیت‌آمیز نبوده و توصیه می‌شود پس از تثبیت ژنتیکی و رسیدن به خلوص‌گزینش انجام شود. در این پژوهش میزان وراثت‌پذیری عمومی صفات تعداد گل ماده و تعداد میوه تا گره بیستم ۹۴ درصد گزارش شد که با توجه به بالا بودن میزان وراثت‌پذیری خصوصی این صفات (به ترتیب ۸۳ و ۸۰ درصد) و تأثیر کم‌تر محیط بر این صفات امکان انتخاب موفقیت‌آمیز جهت افزایش عملکرد بیش‌تر می‌باشد. هم‌چنین این نتایج با یافته‌های سایر پژوهش‌گران مبنی بر بالا بودن وراثت‌پذیری این صفت مطابقت دارد (۳۱، ۳۲، ۳۳ و ۳۴). به‌طور کلی بالا بودن میزان واریانس افزایشی برای تعداد میوه می‌تواند برتری نتاج نسبت به والدین را نشان دهد. درجه غالبیت در صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه، ارتفاع بوته و طول میانگره پایین‌تر از یک برآورد شد که بیانگر وجود عمل غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفات بود. از طرفی دیگر پایین بودن درجه غالبیت برای تمام صفات آزمایشی خود بیانگر اهمیت بیش‌تر واریانس افزایشی در کنترل صفات می‌باشد که تأییدی بر عمل‌گزینش در اصلاح این صفات می‌باشد (۳۵).

اثرات ژنتیکی برای اکثر صفات معنی‌دار بودند. نتایج نشان می‌دهد که در مورد صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه، طول میانگره و ارتفاع بوته آثار افزایشی در سطح یک درصد معنی‌دار بودند. آثار غالبیت نیز در در مورد صفات‌های تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه در سطح ۱ درصد و برای طول میانگره در سطح ۵ درصد معنی‌دار و برای ارتفاع بوته غیرمعنی‌دار شد. در مورد اثر متقابل افزایشی در افزایشی در صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه و طول میانگره در سطح ۱ درصد معنی‌دار شدند و در مورد ارتفاع بوته غیرمعنی‌دار بود. در مورد اثر متقابل افزایشی در غالبیت صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر، تعداد میوه، طول میانگره و ارتفاع بوته در سطح یک درصد معنی‌دار شدند. این نتایج با نتایج پژوهش‌گرانی که تأثیر اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها را برای تعداد گل ماده و تعداد میوه گزارش کردند مطابقت دارد (۱۸). بنابراین به‌نظر می‌رسد روش به‌نژادی انتخاب دوره‌ای برای بهبود این صفات مناسب باشد. آثار فوق غالبیت (I) تنها در صفت تعداد گل ماده معنی‌دار شد.

نتایج حاصل از برآورد اجزای تنوع، وراثت‌پذیری‌ها و هم‌چنین درجه غالبیت در جدول ۶ نشان داد که در تمام صفات واریانس افزایشی بیش‌تر از واریانس غالبیت می‌باشد که توجیه انتخاب در اصلاح این صفات می‌باشد. این نتایج با یافته‌های وینای کومار و همکاران (۲۰۱۴) در مورد صفات عملکردی طالبی مطابقت داشت (۳۰). در برآورد میزان واریانس‌ها برای صفات تعداد گل ماده، تعداد گل نر و تعداد میوه واریانس محیطی در مقایسه با واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و غالبیت کم‌تر بود که این بیانگر تأثیر کم‌تر محیط بر صفات مورد مطالعه در این پژوهش می‌باشد،

جدول ۱- نتایج آزمون نرمال بودن داده‌ها برای هفت نسل.

**Table 1. Results of data normality test for seven generation.**

| طول میانگره<br>Length of internode | ارتفاع بوته<br>Length of plant | تعداد میوه<br>Number of fruit<br>per plant | تعداد گل نر<br>Number of male<br>flower | تعداد گل ماده<br>Number of<br>female flower |                    |
|------------------------------------|--------------------------------|--|---|---|--------------------|
| 0.174 <sup>ns</sup>                | -0.185 <sup>ns</sup>           | 0.175 <sup>ns</sup>                        | -0.112 <sup>ns</sup>                    | -0.027 <sup>ns</sup>                        | چولگی<br>Skewness  |
| 0.307 <sup>ns</sup>                | 0.698 <sup>ns</sup>            | -1.119 <sup>ns</sup>                       | -0.825 <sup>ns</sup>                    | -1.182 <sup>ns</sup>                        | کشیدگی<br>kurtosis |

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس اثر نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی بین لاین‌های N10 و A10 خیار بر برخی صفات.

**Table 2. Results of variance analysis effect of different generations resulting from the cross between N10 and A11 cucumber on some trait.**

| میانگین مربعات<br>Mean Squares        |                                   |  |   |   | درجه<br>آزادی<br>d.f. | منابع تغییرات<br>Source of Variation |
|---------------------------------------|-----------------------------------|--|---|---|-----------------------|--------------------------------------|
| طول میانگره<br>length of<br>internode | ارتفاع بوته<br>Length of<br>plant | تعداد میوه<br>Number of fruit<br>per plant | تعداد گل نر<br>Number of<br>male flower | تعداد گل ماده<br>Number of<br>female flower |                       |                                      |
| 0.382 <sup>ns</sup>                   | 0.266 <sup>ns</sup>               | 0.131 <sup>ns</sup>                        | 5.426 <sup>ns</sup>                     | 0.236 <sup>ns</sup>                         | 2                     | بلوک<br>Replication                  |
| 6.862 <sup>**</sup>                   | 6.173 <sup>**</sup>               | 20.275 <sup>**</sup>                       | 88.129 <sup>**</sup>                    | 21.509 <sup>**</sup>                        | 6                     | نسل<br>Generation                    |
| 2.532 <sup>**</sup>                   | 2.578 <sup>**</sup>               | 1.151 <sup>*</sup>                         | 5.185 <sup>ns</sup>                     | 1.149 <sup>ns</sup>                         | 12                    | خطا<br>Error                         |
| 17.42                                 | 8.00                              | 17.17                                      | 17.28                                   | 17.75                                       |                       | ضریب تغییرات (درصد)<br>C.V.%         |

جدول ۳- مقایسه میانگین نسل‌های مختلف صفات مورد بررسی در نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی خیار N10 و A11.

**Table 3. Comparison of means for different generations resulting from the cross between N10 and A11 cucumber.**

| طول میانگره<br>Length of<br>internode | ارتفاع بوته<br>Length of plant | تعداد میوه<br>Number of fruit<br>per plant | تعداد گل نر<br>Number of male<br>flower | تعداد گل ماده<br>Number of<br>female flower | نسل<br>Generation |
|---------------------------------------|--------------------------------|--|---|---|-------------------|
| 4.585 ± 0.341                         | 9.864 ± 0.182                  | 4.205 ± 0.260                              | 1/000 ± 0                               | 4.263 ± 0.285                               | P1                |
| 6.560 ± 0.348                         | 11.930 ± 0.279                 | 1/000 ± 0                                  | 8.359 ± 0.470                           | 1/000 ± 0                                   | P2                |
| 5.797 ± 0.545                         | 11.278 ± 0.444                 | 2.939 ± 0.291                              | 3.712 ± 1.040                           | 3.123 ± 0.328                               | F1                |
| 5.744 ± 0.788                         | 10.980 ± 0.770                 | 2.423 ± 0.926                              | 4.653 ± 1.976                           | 2.667 ± 1.018                               | F2                |
| 5.553 ± 0.593                         | 10.603 ± 0.609                 | 2.898 ± 0.672                              | 3.902 ± 1.552                           | 3.208 ± 0.688                               | BC1               |
| 5.350 ± 0.703                         | 10.786 ± 0.578                 | 2.765 ± 0.755                              | 4.151 ± 1.556                           | 3.040 ± 0.855                               | BC2               |
| 5.882 ± 1.113                         | 10.814 ± 0.938                 | 2.123 ± 0.855                              | 5.285 ± 1.989                           | 2.332 ± 0.951                               | F3                |

جدول ۴- نتایج آزمون مقیاس بر صفات مختلف خیار.

**Table 4. Results of scaling test for different traits in cucumber.**

| طول میانگره<br>length of internode | ارتفاع بوته<br>Length of plant | تعداد میوه<br>Number of fruit per plant | تعداد گل نر<br>Number of male flower | تعداد گل ماده<br>Number of female flower | مقیاس<br>Scale |
|------------------------------------|--------------------------------|---|--------------------------------------|--|----------------|
| -0.724 <sup>ns</sup>               | -0.048 <sup>ns</sup>           | 0.476 <sup>ns</sup>                     | -3.092 <sup>ns</sup>                 | 0.97 <sup>ns</sup>                       | A              |
| 1.657 <sup>ns</sup>                | 1.288 <sup>ns</sup>            | -0.992 <sup>ns</sup>                    | 3.769 <sup>ns</sup>                  | -1.957 <sup>ns</sup>                     | B              |
| -0.237 <sup>ns</sup>               | 0.133 <sup>ns</sup>            | 0.370 <sup>ns</sup>                     | -1.829 <sup>ns</sup>                 | 0.841 <sup>ns</sup>                      | C              |
| 0.585 <sup>ns</sup>                | 0.325 <sup>ns</sup>            | -0.387 <sup>ns</sup>                    | 1.253 <sup>ns</sup>                  | -0.914 <sup>ns</sup>                     | D              |

جدول ۵- برآورد اثرات ژنتیکی برای صفات مختلف خیار.

**Table 5. Estimation of genetic component for different traits in cucumber.**

| طول میانگره<br>length of internode | ارتفاع بوته<br>Length of plant | تعداد میوه<br>Number of fruit per plant | تعداد گل نر<br>Number of male flower | تعداد گل ماده<br>Number of female flower | اجزای ژنتیکی<br>Genetic components |
|------------------------------------|--------------------------------|---|--------------------------------------|--|------------------------------------|
| 6.244** ± 0.160                    | 10.895** ± 0.137               | 1.643** ± 0.129                         | 6.239** ± 0.298                      | 1.718** ± 0.144                          | m                                  |
| -0.987** ± 0.211                   | -1.033** ± 0.180               | 1.602** ± 0.170                         | -3.679** ± 0.391                     | 1.631** ± 0.189                          | d                                  |
| -1.768* ± 0.752                    | -0.528 <sup>ns</sup> ± 0.642   | 2.111** ± 0.608                         | -4.221** ± 1.396                     | 2.778** ± 0.675                          | h                                  |
| -0.714** ± 0.225                   | -0.094 <sup>ns</sup> ± 0.192   | 1.016** ± 0.182                         | -1.640** ± 0.418                     | 0.990** ± 0.202                          | i                                  |
| 2.465** ± 0.658                    | 1.895** ± 0.562                | -3.055** ± 0.531                        | 7.023** ± 1.221                      | -3.081** ± 0.590                         | j                                  |
| 1.330 <sup>ns</sup> ± 0.687        | 0.932 <sup>ns</sup> ± 0.586    | -0.828 <sup>ns</sup> ± 0.555            | 1.711 <sup>ns</sup> ± 0.275          | -1.390* ± 0.616                          | l                                  |
| 0.0005 <sup>ns</sup>               | 0.003 <sup>ns</sup>            | 0.005 <sup>ns</sup>                     | 0.002 <sup>ns</sup>                  | 0.01 <sup>ns</sup>                       | x2                                 |

جدول ۶- برآورد اجزای واریانس برای صفات مختلف در خیار.

**Table 6. Estimation of component of variance for different traits in cucumber.**

| طول میانگره<br>length of internode | ارتفاع بوته<br>Length of plant | تعداد میوه<br>Number of fruit per plant | تعداد گل نر<br>Number of male flower | تعداد گل ماده<br>Number of female flower | اجزای واریانس<br>Components of variance          |
|------------------------------------|--------------------------------|---|--------------------------------------|--|--|
| 0.397                              | 0.480                          | 0.693                                   | 2.978                                | 0.870                                    | واریانس افزایشی (VD)<br>Additive variance        |
| 0.047                              | 0.011                          | 0.114                                   | 0.493                                | 0.105                                    | واریانس غالبیت (VH)<br>Dominance variance        |
| 0.178                              | 0.102                          | 0.050                                   | 0.434                                | 0.062                                    | واریانس محیطی (VE)<br>Environmental variance     |
| 0.63                               | 0.80                           | 0.80                                    | 0.76                                 | 0.83                                     | وراثت‌پذیری خصوصی<br>Narrow-sense heritability   |
| 0.71                               | 0.82                           | 0.94                                    | 0.88                                 | 0.94                                     | وراثت‌پذیری عمومی<br>Barrow-sense heritability   |
| 0.33                               | 0.21                           | 0.32                                    | 0.40                                 | 0.34                                     | متوسط درجه غالبیت<br>Average degree of dominance |

### نتیجه‌گیری کلی

ماده، تعداد گل نر و تعداد میوه نسبت به واریانس غالبیت نشان می‌دهد که می‌توان برای اصلاح این صفات از روش انتخاب بهره گرفت. در مورد صفات ارتفاع بوته و طول میانگره که آثار غیرافزایشی سهم بیش‌تری در کنترل ژنتیکی این صفات داشتند، توصیه می‌شود پس از تثبیت ژنتیکی و رسیدن به خلوص، گزینش انجام شود. همچنین می‌توان از تولید بذر هیبرید برای بهبود این صفات استفاده کرد.

نتایج جداول آماری پژوهش حاضر نشان داد در مورد صفات عملکرد میوه برتری نتاج نسبت به میانگین والدین وجود دارد. در مورد تعداد گل نر و ارتفاع بوته اکثراً کاهش میانگین نتاج را نسبت به میانگین والدین شاهد بودیم. در مورد صفات مربوط به تعداد گل ماده و تعداد میوه اثرات افزایشی و غالبیت و اثرات متقابل آن‌ها وجود دارد. همچنین اهمیت بیش‌تر واریانس افزایشی در صفات تعداد گل

### منابع

1. Chen, H., Tian, Y., Lu, X. and Liu, X. 2011. The inheritance of two novel subgynoecious genes in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Sci. Hort.* 127: 3. 464-467.
2. Qi, J., Liu, X., Shen, D., Miao, H., Xie, B., Li, X., Zeng, P., Wang, S., Shang, Y., Gu, X., Du, Y., Li, Y., Lin, T., Yuan, J., Yang, X., Chen, J., Chen, H., Xiong, X., Huang, K., Fei, Z., Mao, L., Tian, L., Städler, T., Renner, S., Kamoun, S., Lucas, W.J., Zhang, Z. and Huang, S. 2013. A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *J. Nat. Genet.* 45: 1510-1515.
3. Miao, H., Zhang, S., Wang, X., Zhang, Z., Li, M., Mu, S. and Gu, X. 2011. A linkage map of cultivated cucumber (*Cucumis sativus* L.) with 248 microsatellite marker loci and seven genes for horticulturally important traits. *International. Int. J. Plant Breed. Genet.* 182: 167-176.
4. Knopf, R.R. and Trebitsh, T. 2006. The female-specific CS-ACS1G gene of cucumber. A case of gene duplication and recombination between the non-sex-specific 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase gene and a branched-chain amino acid transaminase gene. *Plant Cell Physiol.* 47: 1217-1228.
5. Pierce, L.K. and Wehner, T.C. 1990. Review of genes and linkage groups in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Hort. Sci.* 25: 605-615.
6. Staub, J.E., Robbins, M.D. and Wehner T.C. 2008. Cucumber. In: Prohens, J., Nues, F. (Eds.), *Handbook of plant breed*, Springer Sci. New York, USA, Vegetable I. pp. 241-282.
7. Tatlioglu, T. 1993. Cucumber (*Cucumis sativus* L.). P 197-227, In: Kalloo, G., and Bergh, B.O., *Genetic Improvement of Vegetable Crops*, Pergamon Press, Oxford, U. K.
8. Yamasaki, S., Fujii, N., Matsuura, S., Mizusawa, H. and Takahashi, H. 2001. The M locus and ethylene-controlled sex determination in andromonoecious cucumber plants. *Plant Cell Physiol.* 42: 608-619.
9. Jat, G.S., Munshi, A.D., Behera, T.K., Choudhary, H. and Dev, B. 2015. Exploitation of heterosis in cucumber for earliness, yield and yield components utilizing gynoecious lines. *Indian J. Hort.* 72: 494-499.
10. Jat, G.S., Munshi, A.D., Behera, T.K. and Tomar, B.S. 2016. Combining ability estimation of gynoecious and monoecious hybrids for yield and earliness in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Indian J. Agri. Sci.* 86: 399-403.

11. Wehner, T.C. 1989. Breeding for improved yield in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Plant Breed. Rev. 6: 323-359.
12. Cantliffe, D.J. 1977. Nitrogen fertilization requirements of pickling cucumbers grown for once-over mechanical harvest I. Effect of yield and quality. J. Am. Soc. Hort. Sci. 102: 112-114.
13. Staub, J.E., Chung, S.M. and Fazio, G. 2005. Conformity and genetic relatedness estimation in crop species having a narrow genetic base: the case of cucumber (*Cucumis sativus* L.). Plant Breed. 124: 44-53.
14. El-Shawaf, I.I.S. and Baker, L.R. 1981. Combining ability and genetic variances of G x HF 1 hybrids for parthenocarpic yield in gynoecious cucumber for once over mechanical harvest. J. Am. Soc. Hort. Sci. 106: 3. 365-370.
15. Cramer, C.S. and Wehner, T.C. 2000. Path analysis of the correlation between fruit number and plant traits of cucumber populations. Hort. Sci. 35: 4. 708-711.
16. Rattan, P. and Chadha, S. 2009. Gene action studies for yield and its contributing characters. Biol. Forum: Int. J. 1: 8-10.
17. Fazio, G., Chung, S.M. and Staub, J.E. 2003. Comparative analysis of response to phenotypic and marker-assisted selection for multiple lateral branching in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Theor. Appl. Genet. 107: 5. 875-883.
18. Shabarish Rai, P., Mulge, R., Kulkarni, M.S., Allolli, T.B., Hegde, N.K. and Prabhuling, G. 2018. Gene effects for fruit yield and its component traits in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Int J. Curr. Microbiol. Appl. Sci. 7: 193-198.
19. Hayman, B.I. 1958. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. Heredity. 12: 371-390.
20. Amend, P.C. and Wehner, T.C. 2001. Generation means analysis of leaf and stem resistance to gummy stem blight in cucumber (*cucumis sativus* L.). J. Am. Soc. Hort. Sci. 126: 95-99.
21. Zewdie, Y. and Bosland, P.W. 2003. Inheritance of seed color in Capsicum. Heredity. 94: 355-357.
22. Stommel, J.R. and Haynes, K.G. 1998. Inheritance of resistance to anthracnose caused by *Colletotrichum coccodes* in tomato. J. Am. Soc. Hort. Sci. 123: 832-836.
23. Price, A.H., Tomos, A.D. and Virk, D.S. 1997. Genetic analysis of root growth in rice (*Oryza sativa* L.). I: a hydroponic screen. Theor. Appl. Genet. 95: 132-145.
24. Zalapa, J.E., Staub, J.E. and McCreight, J.D. 2007. Mapping and QTL analysis of plant architecture and fruit yield in melon. Theor. Appl. Genet. 114: 1185-1201.
25. Pati, K., Munshi, A.D. and Behera, T.K. 2015. Inheritance of gynoecism in Cucumber (*Cucumis sativus* L.) using genotype GBS-1 as gynoecious parent. Genetika. 47: 349-356.
26. Mather, K. and Jinks, J.L. 1982. Biom. J. (3<sup>th</sup> ed.). Chapman and Hall, 398p.
27. Kearsey, M.J. and Pooni, H.S. 1996. The genetical analysis of quantitative traits. 1st Edition. Chapman and Hall, London, UK. 394p.
28. Kang, M.S. 2003. Handbook of formulas and software for plant geneticists and tree breeders. Food Product Press, 69p.
29. Heidary, A.A., Kashi, A.K., Safari, Z., Kalatejari, Z. and Farhadi, A. 2012. The effect of different rootstocks and transplant methods on survival and vegetative growth, yield and some quality traits of greenhouse cucumber fruit. Hort. Sci. 44: 2. 137-147. (In Persian)
30. Vinaykumar, S.H., Dhanya, V.S. and Mulge, R. 2014. Generation mean analysis of different yield traits in muskmelon. J. Plant Arch. 14: 1. 281-284.
31. Gaikwad, A.G., Musmade, A.M., Dhumal, S.S. and Sonawane, H.G. 2011. Variability studies in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Ecol. Environ. Conserv. 17: 4. 799-802.
32. Shukla, I.N., Shunder, S., Singh, D.K., Singh, N., Pandey, R. and Awasty, P.N. 2010. Genetic variability and selection parameters for fruit yield in cucumber (*Cucumis sativus* L.). J. Adv. Agric. Sci. 2: 2. 107-108.

33. Veena, R., Sidhu, A.S., Pitchaimuthu, M. and Souravi, K. 2012. Genetic evaluation of some cucumber (*Cucumis sativus* L.). Genotypes for some yield and related traits. Electron. J. Plant Breed. 3: 3. 945-948.
34. Yadav, Y.C., Kumar, S. and Singh, R. 2012. Study on genetic variability heritability and genetic advance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). J. HortFlora. Res. Spectr (HRS). 1: 1. 34-37.
35. Kiyani, M., Golbadi, M. and Eghtedari, A. 2018. Estimation of heritability and genetic control of important traits in greenhouse cucumber (*Cucumis sativus* L.) inbred lines. J. plant breed. Sci. 1: 34. 447-469. (In Persian)

