

بررسی ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم نان به روش دی‌آلل

غلامرضا خلیل زاده *

بخش تحقیقات نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران

چکیده

به منظور برآورد اجزای واریانس ژنتیکی و همچنین تعیین نوع عمل ژن‌ها، آزمایشی به صورت دی‌آلل با استفاده از تلاقی‌های حاصل از ۱۲ والد در گندم نان اجرا گردید. تعداد ۶۶ هیبرید F_2 حاصل از تلاقی دی‌آلل یک طرفه به همراه والدین آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ایستگاه تحقیقات کشاورزی آذربایجان غربی در منطقه ساعتلو در سه تکرار و در سال ۱۳۹۲ اجرا گردید. بین والدین و تلاقی‌های F_2 در صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌دار وجود داشت. معنی‌دار بودن میانگین مربعات والدین در برابر تلاقی‌ها، حاکی از وجود هتروزیس معنی‌دار برای صفات بود. با توجه به معنی‌دار بودن میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) در صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک، هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات نقش داشتند. بیشترین میزان وراثت‌پذیری متعلق به ارتفاع بوته با $۸۳/۷\%$ و کمترین میزان وراثت‌پذیری با $۵۴/۲\%$ در صفت شاخص برداشت بود. وراثت‌پذیری خصوصی از $۱۶/۱$ برای تعداد دانه در سنبله تا $۵۴/۲\%$ برای ارتفاع بوته متغیر بود. دو والد قیرمزی گول-۱ و قیمت‌لی-۲/۱۷ بالاترین رتبه‌ها را در اکثر صفات اجزای عملکرد دارا بوده و از بیشترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برخوردار بودند. فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در صفات مورد مطالعه در تعادل نبوده و در اغلب صفات آلل‌های غالب بیش از مغلوب بودند. با توجه به بررسی گرافیکی تجزیه هیمن-جینکز می‌توان نتیجه گرفت که برای صفات طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله، عملکرد تک بوته و عملکرد بیولوژیک رابطه فوق‌غالبیت و برای شاخص برداشت غالبیت نسبی بین آلل‌ها وجود داشت. نتایج تحقیق نشان داد که افزایش صفات عملکرد تک بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته و طول پدانکل توسط آلل‌های مغلوب کنترل می‌شود. از آنجایی که در کنترل عملکرد، هم اثرات افزایشی و هم غیر افزایشی دخیل می‌باشند، می‌توان با انتخاب روش اصلاحی مناسب مثل انتخاب دوره‌ای، امکان تجمیع ژن‌های مناسب افزایشی را بالا برد و فرصت بهره‌برداری از واریانس غالبیت را فراهم نمود.

واژه‌های کلیدی: دی‌آلل، عملکرد دانه، قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، وراثت‌پذیری

مقدمه

گندم بیشترین سطح زیر کشت را در ایران به خود اختصاص داده است (بی‌نام، ۱۳۹۴). از آنجایی که افزایش عملکرد از طریق افزایش سطح زیر کشت تقریباً امکان پذیر نیست، لذا اتخاذ رهیافت‌های به نژادی و مدیریتی ضروری به نظر می‌رسد. موفقیت بسیاری از روش‌های به نژادی به انتخاب والد‌های مناسب بستگی دارد که این امر می‌تواند از هدر رفت وقت و انرژی در مراحل بعدی جلوگیری نماید (تورچی و همکاران، ۱۳۸۶).

خشکی به عنوان شایع‌ترین تنش غیر زنده در گیاهان زراعی شناخته می‌شود. با توجه به کاهش بارندگی‌های سالانه و افزایش دما و خشکی هوا، تولید ارقام متحمل و پتانسیل عملکرد بالا برای اصلاحگران از اهمیت بالایی برخوردار است. تحمل به تنش خشکی به مفهوم افزایش پتانسیل عملکرد و تحمل به تنش، از طریق اصلاح برای اجزای عملکرد امکان‌پذیر است (Quarrie *et al.*, 1999; Richards, 1996). انتخاب غیر مستقیم در نسل‌های اولیه اصلاحی از طریق صفاتی که همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه داشته باشند یکی از راهکارهای مهم اصلاحی است. بررسی نحوه توارث صفات در شرایط محیطی متفاوت به دلیل وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط در شرایط تنش خشکی (Sharma *et al.*, 2002) بیانگر این است که با تغییر شرایط محیطی، نحوه عمل ژن‌ها، برآورد پارامترهای ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات تغییر می‌نماید (Dana and Dasgupta, 2001). تعیین

روش‌های اصلاحی و گزینش مطلوب، شانس اصلاح و ارتقاء ژنتیکی در گندم را بطور چشمگیری افزایش می‌دهد. در این زمینه از روش دی‌آلل بطور وسیعی در گیاهان مختلف از جمله گندم برای تعیین خصوصیات ژنتیکی استفاده شده است. از روش‌های تجزیه و تحلیل ژنتیکی دی‌آلل روش جینکز و هیمن است که می‌تواند میانگین درجه غالبیت، وراثت‌پذیری، توزیع آلل‌ها در والدین و اثر متقابل غیر آلی (اثرات اپیستازی) را برآورد نماید (Heydar *et al.*, 2006). صفت عملکرد دانه در گندم نان خیلی پیچیده و تحت تأثیر ژن‌های متعددی قرار دارد و این صفت توسط صفات اجزای عملکرد دانه که خود دارای توارث چند ژنی بوده کنترل می‌شود (Fethi and El-Gassh, 2010). لذا شناخت چگونگی توارث و ارزیابی پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده این صفات در اصلاح عملکرد دانه از اهمیت زیادی برخوردار است. در اصلاح گیاهان خود گشن، ترکیب‌پذیری عمومی بالا به دلیل دارا بودن اثرات افزایشی بیشتر که به معنی توانایی انتقال صفات مطلوب به سایر ژنوتیپ‌ها است، از ارزش بیشتری برخوردار است.

در آزمایشی که وندا و هوشمند (۱۳۹۰) برای عملکرد دانه گندم انجام دادند مشخص شد که گزینش غیر مستقیم وزن دانه و تعداد دانه در هر سنبله بسیار موثر بوده است. از اینرو، تصمیم‌گیری برای انتخاب روش اصلاحی مناسب جهت رسیدن به حداکثر عملکرد دانه ضرورت دارد. مطالعات زیادی در زمینه چگونگی کنترل صفات مهم مورفولوژیکی در گندم با استفاده از

صفت طول پدانکل از اثرات افزایشی ژن‌ها و صفات شاخص برداشت و طول برگ پرچم از اثرات غیر افزایشی ژن‌ها ناشی می‌شود. جوشی و پارو دا (۱۹۷۰) با مطالعه ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم گزارش نمودند که صفات عملکرد دانه در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و تعداد سنبله در بوته تحت کنترل ژن‌هایی با عمل فوق غالبیت هستند. این محققین با توجه به معنی‌دار بودن واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) و پارامتر H_1 ، نتیجه گرفتند که عملکرد دانه در بوته از نظر ژنتیکی صفتی بسیار پیچیده است. طهماسبی و همکاران (۱۳۸۶) با استفاده از تلاقی‌های دی‌آلل یک‌طرفه با هشت والد گندم نان نشان دادند که سهم اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله بیشتر بود. این صفات تحت تأثیر غالبیت نسبی ژن‌ها قرار داشته، ولی صفات تعداد پنجه بارور و عملکرد بوته متأثر از اثر فوق غالبیت ژن‌ها بودند.

نتایج تجزیه گرافیکی مطالعه لونس و زالوسکی (۱۹۹۱) روی گندم نان نشان داد که عمل ژن‌ها در کنترل ارتفاع گیاه و طول سنبله از نوع غالبیت نسبی، وزن هزار دانه غالبیت کامل، و تعداد پنجه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن دانه در سنبله از نوع فوق غالبیت است. مطالعه نظیر و همکاران (۲۰۱۴) با استفاده از تجزیه گرافیکی نشان داد که صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه در بوته و وزن هزار دانه با غالبیت جزئی و عمل افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. در حالیکه صفات

تلاقی‌های دی‌آلل انجام پذیرفته است. راندها و گیل (۱۹۷۸) نشان دادند که در اصلاح برای عملکرد دانه می‌توان از صفات وزن دانه و تعداد دانه در سنبله استفاده نمود. در پژوهشی که عبدالرحمان رشید و همکارانش (۲۰۱۲) روی صفات عملکرد دانه و سایر اجزای آن در ۵ رقم گندم نان به روش نیمه دی‌آلل انجام دادند، نتایج نشان داد که صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته به وسیله اثرات افزایشی و غالبیت نسبی و صفت وزن هزاردانه به وسیله ژن‌های با اثرات فوق غالبیت کنترل می‌شود. بتزر و همکاران (۱۹۸۲) به منظور مطالعه قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای سه جزء عملکرد دانه از هشت والد گندم زمستانه با عملکرد کم و زیاد استفاده کردند. در این مطالعه تعدادی از صفات زراعی گندم در یک طرح تلاقی دی‌آلل در رابطه با ارتفاع گیاه آشکار نمود که بلندی ارتفاع گیاه در جمعیت مورد مطالعه تحت کنترل ژن‌هایی با عمل فوق غالبیت و پاکوتاهی گیاه با ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. در تحقیقی با استفاده از تجزیه دی‌آلل به روش هیمن، نشان داده شد که در کنترل ژنتیکی صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه اثرات افزایشی و غیر افزایشی نقش داشتند. در حالی که سهم اثرات غیر افزایشی برای دو صفت تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه برتری داشت، برای صفت وزن صد دانه سهم اثرات افزایشی بیشتر بود (Sadeghi, 2014). در مطالعه‌ای که روی پنج رقم گندم نان با استفاده از تلاقی دی‌آلل توسط یارخواه (۱۳۹۲) انجام گرفت،

طول پدانکل، وزن دانه در سنبله و مساحت برگ پرچم با عمل فوق غالبیت ژن‌ها کنترل می‌شوند. یکی از دلایل استفاده از اجزای عملکرد دانه برای تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی تاثیر کم عوامل محیطی بر آن‌ها نسبت به خود عملکرد می‌باشد. هدف از اجرای این تحقیق، بررسی نحوه کنترل ژنتیکی و ماهیت عمل ژن، فراوانی ژن‌های کنترل‌کننده، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی و مطالعه فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برای تعدادی از صفات مورفولوژیک در گندم نان می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۷۸ ژنوتیپ گندم نان (*Triticum aestivum* L.) که شامل ۱۲ ژنوتیپ گندم نان (جدول ۱) به عنوان والدین کراس و شصت و شش هیبرید F₂ حاصل از تلاقی دو به دو آن‌ها، مورد ارزیابی قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های مورد استفاده، ارقام اصلاح شده و چهار توده بومی خالص ایران و جمهوری آذربایجان بودند که از بانک ژن موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج و بانک ژن، انستیتو ذخایر توارثی جمهوری آذربایجان در باکو تهیه شدند. ژنوتیپ‌های مورد استفاده علاوه بر عملکرد دانه بالا دارای خصوصیات مورفو-فیزیولوژیک برتر بودند. تلاقی‌ها در سال ۱۳۹۰ در ایستگاه تحقیقاتی استان آذربایجان غربی واقع در ۳۰ کیلومتری شمال ارومیه در منطقه ساعتلو با ارتفاع ۱۵۵۰ متری از سطح دریا و مختصات ۰۹' و ۴۵° شرقی و ۲۱' و ۳۷° شمالی تولید و تا تولید نتاج F₂ ادامه یافت. ارزیابی نهایی والدین و هیبریدها

در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار و بصورت بلوک شکسته انجام گرفت. هر کرت F₂ شامل ۲ خط هیبرید و در انتهای هر بلوک ۲ خط رقم کوهدشت به عنوان حاشیه کشت گردید.

فاصله خطوط کاشت از یکدیگر ۲۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی خطوط کشت ۵ سانتی‌متر بود. زمین آزمایش در پاییز سال‌های ۹۰-۱۳۸۹ شخم خورده و پس از دیسک زدن اقدام به تسطیح زمین مزرعه گردید. از کود دامی و کود اوره به منظور تقویت خاک به زمین اضافه شد و به کمک دیسک با خاک مخلوط گردید. آبیاری مزرعه کراسینگ بلوک بصورت کامل انجام گردید، ولی در ارزیابی نهایی آزمایش (هیبریدها و والدین) آزمایش در شرایط دیم اجرا گردید. مبارزه با علف‌های هرز به صورت مکانیکی و بصورت وجین دستی انجام گرفت. صفات مورد ارزیابی شامل عملکرد دانه تک بوته، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، تاریخ سنبله رفتن، طول پدانکل، تاریخ رسیدگی فیزیولوژیک، شاخص برداشت، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد بیولوژیک بود. جهت اندازه‌گیری صفات در زمان برداشت محصول پس از حذف حاشیه، از هر ژنوتیپ در هر تکرار ۱۰ بوته بطور تصادفی برداشت گردید. قبل از انجام تجزیه دی‌آلل، آزمون برابری ضریب رگرسیون کوواریانس نتاج با والد مشترک آن‌ها (Wr) روی واریانس ردیف‌ها (Vr) با یک و صفر برای صفات مورد مطالعه انجام پذیرفت (متر و جینکز، ۱۹۷۷).

جدول ۱- نام، منشاء و برخی خصوصیات ارقام و توده‌های بومی خالص مورد استفاده در تلاقی‌ها

ردیف	منشاء	رقم / توده	نام/کد	تیپ رشد	ارتفاع بوته (cm)	رسیدگی فیزیولوژیکی (روز)	سنبله دهی (روز)
۱	آذربایجان	رقم	گونش لی	بهاره	۸۹	۲۰۴	۱۶۳
۲	آذربایجان	رقم	قوبوستان	بهاره	۹۴	۲۰۲	۱۶۶
۳	آذربایجان	رقم	قیرمزی گول-۱	بهاره	۸۱	۲۰۷	۱۶۴
۴	آذربایجان	رقم	اکین چی-۸۴	پاییزه	۸۹	۲۰۵	۱۶۲
۵	آذربایجان	رقم	قیمت لی ۲/۱۷	پاییزه	۷۸	۲۰۳	۱۶۳
۶	ایران	رقم	کوه‌دشت	بهاره	۹۵	۲۰۱	۱۶۱
۷	ایران	رقم	زاگرس	بهاره	۸۷	۲۰۰	۱۵۵
۸	ایران	رقم	هیرمند	بهاره	۹۱	۲۰۴	۱۶۰
۹	ایران	توده خالص	*Kc-۴۶۸۰	پاییزه	۱۲۵	۲۰۶	۱۷۳
۱۰	آذربایجان	توده خالص	*Bc-۴	پاییزه	۱۲۵	۲۱۰	۱۷۴
۱۱	آذربایجان	توده خالص	Bc-۱۲	پاییزه	۱۲۵	۲۱۱	۱۶۸
۱۲	آذربایجان	توده خالص	Bc-۱۷	بهاره	۱۲۰	۲۱۲	۱۶۶

* Kc توده بومی خالص از کلکسیون کرج و Bc توده بومی خالص جمهوری آذربایجان

افزارهای SAS05 و DIALLEL استفاده شد (Zhang et al., 2005). مقایسات میانگین جدول تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها از طریق آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال ۵٪ انجام گردید.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشانگر معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۲)، که امکان تجزیه ژنتیکی و برآورد خصوصیات ژنتیکی را بر اساس روش دی‌آلل فراهم نمود. علاوه بر این معنی‌دار بودن صفات نشانگر وجود تنوع ژنتیکی لازم بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود. محققین زیادی معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ برای عملکرد دانه و اجزای عملکرد دانه را در گندم گزارش نموده‌اند (گل پرور و همکاران، ۱۳۸۵؛ موسوی و

بمنظور برآورد پارامترهای ژنتیکی میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی از مدل دوم گریفینگ (۱۹۵۶) استفاده شد. آزمون گریفینگ روی صفاتی که ژنوتیپ آن‌ها معنی‌دار شده بود، انجام گرفت. پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده‌ی جینکز- هیمن شامل واریانس افزایشی (D)، واریانس غالبیت (H_1)، میانگین کواریانس اثرات افزایشی و غیر افزایشی کلیه ردیف‌ها (F)، نسبت ژن‌های با اثرات منفی و مثبت در والدین ($H_2/4H_1$)، وراثت‌پذیری عمومی (H_2b)، وراثت‌پذیری خصوصی (H_2n) و میانگین درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ است (Jinks and Hayman., 1953). تجزیه گرافیکی داده‌ها نیز بر اساس روش ماتر و جینکز و هیمن انجام گردید (Mather and Jinks., 1982; Hayman, 1954a,b). برای انجام تجزیه‌های آماری از نرم

همکاران، ۱۳۸۵؛ حیدری و همکاران، ۱۳۸۵؛ Riaz and Chowdhry, 2003). معنی دار بودن میانگین مربعات والد‌ها در برابر تلاقی‌ها مبین وجود هتروزیس معنی دار برای ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، عملکرد تک بوته، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک بود. بین میانگین والدین و هیبریدها تفاوت معنی دار وجود داشت. ارزیابی هیبریدها با یکدیگر نشانگر اختلاف معنی دار بین آن‌ها بود. معنی دار بودن میانگین مربعات GCA و SCA در صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک بیانگر اهمیت هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات بود (جدول ۲). وجود اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد دانه در

گندم با یافته‌های محققین دیگر نیز مطابقت دارد (Abdul Rehman Rashid *et al.*, 2012; Sharma *et al.*, 2002 حیدری و همکاران، ۱۳۸۵). معنی دار بودن SCA و عدم معنی داری GCA در صفات عملکرد تک بوته، طول پدانکل و تعداد دانه در سنبله نشانگر سهم بالای اثرات غیر افزایشی ژن‌ها نسبت به اثرات افزایشی آنها در کنترل این صفات بود (جدول ۴). کمترین میزان وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفت شاخص برداشت با ۵۴/۲٪ و بیشترین آن متعلق به ارتفاع بوته با ۸۳/۷٪ بود. بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی نشان می‌دهد که اجزاء عملکرد تحت کنترل عوامل ژنتیکی می‌باشد (جدول ۳). وراثت‌پذیری خصوصی از ۱۶/۱٪ برای تعداد دانه در سنبله تا ۵۴/۲٪ برای ارتفاع بوته متغیر بود.

جدول ۲- تجزیه میانگین مربعات صفات مورد مطالعه بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با روش II گریفینگ (مدل ۱)

منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع بوته	طول پدانکل	تعداد سنبلچه	دانه در سنبله	عملکرد تک بوته	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک
بلوک	۲	۶۷۲/۹۱۴ **	۲۹/۰۳۵ ns	۱۱/۸۸۴ **	۳۰۱/۲۳۲ ns	۰/۹۳۲ ns	۸۵/۹۴۱ *	۱/۸۰۹ ns
ژنوتیپ	۷۷	۴۲۶/۳۸ **	۸۴/۱۲ **	۱۰/۳۲ **	۵۸۸/۳۴ **	۵/۲۲ **	۱۹۵/۹۵ **	۲۱/۴۵ **
والدین	۱۱	۳۲۷/۳۴ **	۱۱۲/۴۵ **	۱۹/۳۹ **	۴۶۵/۶۱ **	۷/۴۲ **	۱۵۹/۷۷ **	۱۶/۰۲ **
هیبرید VS والدین	۱	۳۶۲/۳۵ *	۳۶/۲۵ ns	۱/۶۶ ns	۱۹۴/۳۳ ns	۳/۳۲ *	۵۷/۶۵ **	۵/۶۹ **
هیبرید	۶۵	۲۶۹/۵۷۱ **	۵۸/۰۲۳ **	۴/۴۴۱ **	۲۱۱/۲۷۳ **	۱/۱۲۲ **	۳۲/۲۱۱ *	۴/۰۴۴ **
ترکیب‌پذیری عمومی	۱۱	۷۰۴/۳۴ *	۲۹/۰۴ ns	۱۲/۳۸ **	۲۹۱/۵۹ ns	۰/۹۳ ns	۸۱/۷۷ *	۶/۸۰۱ *
ترکیب‌پذیری خصوصی	۶۶	۹۲۱/۸۹ **	۱۴۰/۷۰ **	۱۱/۶۸ **	۲۲۶/۷۶ *	۲/۹۴ **	۹۱/۴۵ **	۱۱/۹۲ **
اشتباه آزمایشی	۱۳۰	۶۰/۴۵۳	۱۵/۲۴	۲/۱۸۱	۱۲۷/۷۶۱	۰/۶۳۷	۱۹/۷۵۹	۲/۲۹۶

* و ** بترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪. ns: غیر معنی دار

جدول ۳- مقادیر واریانس های افزایشی، غالبیت، توارث پذیری عمومی، توارث پذیری خصوصی، GCA و SCA

صفات	واریانس SCA	واریانس GCA	VA	VD	واریانس محیطی (VP)	h_b^2	h_n^2
ارتفاع بوته	۴۶/۷۴	۳۰/۷۳	۱۷۰/۷۰	۱۵۱/۴۲	۱۸/۴۱	۰/۸۳۷	۰/۵۴۷
طول پدانکل	۳/۷۳	۴/۶۹	۸/۱۲	۶۰/۹۲	۴/۷۰	۰/۷۹	۰/۲۹
تعداد سنبلچه	۰/۹۹۰	۰/۳۸۹	۲/۷۴۷	۵/۰۱۳	۰/۷۱۷	۰/۶۹۳	۰/۲۹۳
تعداد دانه در سنبله	۶۹/۲۶	۷/۵۶	۱/۲۹۲	۳۳۷/۹۱۷	۴۰/۲۴۶	۰/۶۹۱	۰/۱۶۱
عملکرد تک بوته	۰/۲۵۰	۰/۰۹۸	۰/۲۸۱	۰/۹۰۱	۰/۱۹۶	۰/۶۶۰	۰/۲۸۶
شاخص برداشت	۳/۹۰۸	۳/۰۴۸	۱۰/۲۸۹	۸/۵۵۸	۶/۳۰۳	۰/۵۴۲	۰/۳۸۹
عملکرد بیولوژیک	۰/۸۱۴	۰/۳۹۷	۱/۸۹۳	۲/۲۲۹	۰/۷۰۶	۰/۶۴۹	۰/۳۷۲

جدول ۴- محاسبه مقادیر و نسبت های اجزای ژنتیکی در صفات مورد ارزیابی

شاخص برداشت	عملکرد تک بوته	عملکرد بیولوژیک	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبلچه	طول پدانکل	ارتفاع بوته	اجزای ژنتیکی
۱۰/۳ ns	۰/۲۸۱ ns	۱/۹ ns	۱/۲۹ ns	۲/۷ ns	۸/۱ ns	۱۷۰/۷**	\hat{D}
۸/۵۸ ns	۰/۹۰۱ ns	۲/۳ ns	۳۳۷/۹۹**	۵/۰*	۶۰/۹*	۱۵۱/۴**	\hat{H}_1
۸/۴ ns	۰/۸۵۹ ns	۲/۲ ns	۳۲۷/۸**	۳/۷*	۴۷/۵ ns	۱۳۰/۹**	\hat{H}_2
۰/۲۴۴	-۰/۰۰۸ ns	۰/۵ ns	۴/۸۲ ns	۲/۶ ns	۸/۱ ns	۶۷/۸ns	\hat{F}
۶/۳۰۳	۰/۱۹۶	۰/۷۶	۴۰/۲۴	۰/۷	۴/۷	۱۸/۴	\hat{E}
نسبت های اجزای ژنتیکی							
۰/۹۵۵	۱/۳۳۹	۱/۰۴۹	۴/۰۲۲	۱/۱۶۴	۱/۶۵۶	۰/۹۴۲	(H1/D)1/2
۰/۲۴۵	۰/۲۳۸	۰/۲۴۲	۰/۲۴۲	۰/۱۸۷	۰/۱۹۵	۰/۲۱۶	H2/4H1
۱۸/۵۳۶	۱/۰۰۶	۳/۸۱۷	۳۷/۰۸۲	۵/۱۳۶	۳۶/۵۴۹	۲۵۴/۰۸	[(4DH1)1/2 + F / (4DH1)1/2 - F]
-۰/۵۴۸	-۰/۵۲۷	۰/۱۲۶	-۰/۸۰۱	-۰/۳۱۶	-۰/۵۹۱	۰/۴۷۴	R (Wr + Vr, Yr)
۰/۵۴۲	۰/۶۶۰	۰/۶۴۹	۰/۶۹۱	۰/۶۹۳	۰/۷۹۸	۰/۸۳۷	h_b^2
۰/۳۸۹	۰/۲۸۶	۰/۳۷۲	۰/۰۶۱	۰/۲۹۳	۰/۲۸۸	۰/۵۴۷	h_n^2

ns عدم معنی داری: * و ** بترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪: h_b^2 توارث پذیری عمومی: h_n^2 توارث پذیری خصوصی: D واریانس افزایشی: H1 و H2 اثر غالبیت: F ضریب غالبیت و مغلوبیت آلل ها در والدین: E واریانس محیطی: R ضریب خط رگرسیون

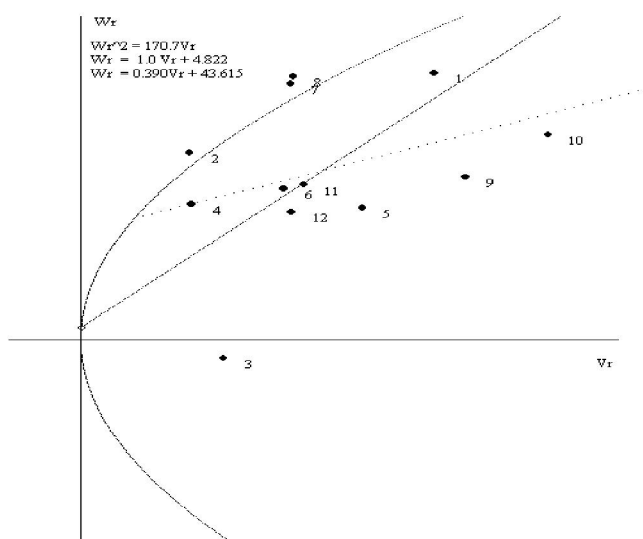
تجزیه ژنتیکی صفات

داد که اثرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهم اند (جدول ۲). سهم واریانس افزایشی ۵۶/۶٪ و سهم واریانس غالبیت ۴۳/۴٪ بود. بیشتر بودن سهم واریانس افزایشی

ارتفاع بوته: وجود اختلاف آماری معنی دار برای قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی بترتیب در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪ برای ارتفاع بوته نشان

به دلیل معنی دار شدن جزء غیر افزایشی در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور W_I توسط خط رگرسیون در بخش مثبت نشانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۱). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۲، ۳ و ۴ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچکترین مقادیر V_I و W_I بیشترین ژن‌های غالب را دارند، در حالی که والدین شماره ۱، ۹ و ۱۰ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و بقیه والدین در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند. با توجه به نتایج مذکور پابندگی توسط ژن‌های مغلوب و پاکوتاهی توسط ژن‌های غالب کنترل می‌شود.

نسبت به واریانس غالبیت ($D=170.7$) دلالت بر زیاد بودن توارث‌پذیری ($H_1=151.4$) خصوصاً (0.837) می‌باشد. صفت ارتفاع بوته گندم توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شود (عبدی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Budak, 2001; Joshi et al., 2004). میانگین درجه غالبیت برای صفت ارتفاع بوته کمتر از یک بود که مبین حالت غالبیت ناقص برای ژن‌های کنترل کننده این صفت می‌باشد (جدول ۴). تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین کمتر از 0.25 بود که نشان دهنده توزیع نامتقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است (Roy, 2000). ارزیابی هیبریدها برای قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی نشانگر مثبت و معنی دار بودن مقدار SCA در هیبریدهای 1×12 ، 5×12 ، 5×3 و 11×6 بود (جدول ۶).

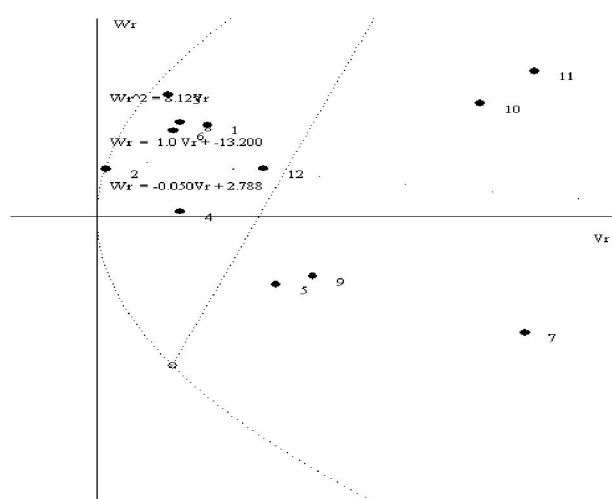


شکل ۱- خط رگرسیون W_I-V_I و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت ارتفاع بوته در شرایط نرمال

سطح احتمال ۱٪ نشان می‌دهد (جدول ۲) که اثرات غالبیت با ۸۸/۲۵٪ در کنترل این صفت بسیار بیشتر از سهم افزایشی ژن‌ها (۱۱/۷۵٪) سهم‌اند (جدول ۳). با توجه به سهم بالای توارث‌پذیری عمومی (۰/۷۹۸) نسبت به توارث‌پذیری خصوصی (۰/۲۸۸)، می‌توان به نقش بالای اثرات غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت اشاره کرد. این نتیجه توسط محققان دیگر نیز اشاره شده است (عبدی و همکاران، ۱۳۹۳; Joshi *et al.*, 2004; Agustu, 2008). تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین به مقدار ۰/۱۹۵ بود که نشان دهنده توزیع نامتقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است (جدول ۴). با توجه به تجزیه گرافیکی و قطع محور W_I توسط خط رگرسیون در بخش منفی، وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت مشخص می‌شود (شکل ۲).

با توجه به نقش واریانس‌های افزایشی و غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفت می‌توان از روش‌های اصلاحی گزینش مستقیم بوته و روش‌های انتخاب توده‌ای، انتخاب تک بوته یا روش شجره استفاده کرد. تحقیقات انجام گرفته توسط شارما و احمد (۱۹۸۰)، آواد (۱۹۹۶)، چوودری و همکاران (۲۰۰۱) نیز هر دو اثر افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان دادند که نتیجه مشابه با آزمایش ما بود. آن‌ها همچنین در آزمایشات خود به اهمیت اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفت ارتفاع بوته تاکید کردند. اماوات و بحل (۱۹۹۵) در آزمایش خود به وجود رابطه ایستازی (افزایشی × افزایشی) در کنترل ژنتیکی این صفت اشاره داشتند.

طول پدانکل: در صفت طول پدانکل عدم معنی‌داری قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و معنی‌دار بودن قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در



شکل ۲- خط رگرسیون W_I - V_I و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت طول پدانکل در شرایط نرمال

معنی دار بودن مقدار SCA در هیبریدهای ۱۰×۷،
۱۱×۷ و ۴×۲ نشان داد که این هیبریدها ژنوتیپ-
های با طول پدانکل بلندی بوده و این صفت را از
والدین خود به ارث برده‌اند (جدول ۶).

پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان
می‌دهد که والدین شماره ۲ و ۴ دارای بیشترین
ژن‌های غالب، در حالی که والدین شماره ۱۰ و
۱۱ دارای ژن‌های مغلوب فراوان هستند. مثبت و

جدول ۵- برآوردهای قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی صفات مورد ارزیابی در والدین با روش II گریفینگ (مدل ۱)

صفات والدین	ارتفاع بوته	طول پدانکل	تعداد سنبلچه	تعداد دانه در سنبله	عملکرد تک بوته	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک
گونش لی	-۱/۳۴	-۰/۸۴	-۰/۲۵	-۱/۲۹	-۰/۲۶	-۱/۰۲	۰/۳۹
	(۸)	(۹)	(۸)	(۹)	(۱۰)	(۱۰)	(۳)
قوبوستان	-۰/۲۷	۰/۳۹	-۰/۱۲	۲/۱۱	-۰/۱۹	-۰/۲۵	-۰/۰۲
	(۶)	(۷)	(۷)	(۳)	(۹)	(۷)	(۵)
قیرمزی گول-۱	-۹/۴۴	-۳/۱۴	۰/۰۸	۵/۰۷	۰/۳۵	۲/۹۹	-۰/۲۵
	(۱۲)	(۱۲)	(۵)	(۱)	(۳)	(۱)	(۷)
اکین چی-۸۴	-۷/۲۴	-۱/۰۷	۰/۷۲	-۴/۱۳	-۰/۱۶	۰/۵۳	-۰/۳۱
	(۱۱)	(۱۰)	(۲)	(۱۱)	(۸)	(۶)	(۹)
قیمت لی ۲/۱۷	-۱/۸۱	-۱/۴۷	۱/۲۲	۱/۵۷	۰/۳۸	۱/۶۱	۰/۲۶
	(۹)	(۱۱)	(۱)	(۴)	(۲)	(۳)	(۴)
کوهدشت	-۵/۰۷	-۰/۳۱	-۰/۴۲	۰/۱۱	-۰/۰۴	۱/۲۹	-۰/۴۸
	(۱۰)	(۸)	(۱۰)	(۷)	(۶)	(۴)	(۱۰)
زاگرس	-۰/۴۱	۳/۳۹	-۱/۰۲	-۴/۶۹	-۰/۰۶	۱/۸۲	-۰/۶۳
	(۷)	(۱)	(۱۲)	(۱۲)	(۷)	(۲)	(۱۱)
هیرمند	۱/۱۶	۰/۸۳	-۰/۷۵	۲/۳۷	۰/۱۲	۱/۰۱	-۰/۶۴
	(۵)	(۵)	(۱۱)	(۲)	(۴)	(۵)	(۱۲)
Kc-4680	۵/۳۳	۲/۷۹	۰/۰۵	-۱/۵۶	۰/۰۲	-۰/۸۵	۰/۵۴
	(۳)	(۲)	(۶)	(۱۰)	(۵)	(۹)	(۲)
Bc-4	۳/۵۳	۰/۵۹	۰/۳۲	۰/۸۴	-۰/۳۲	-۱/۸۳	-۰/۱۵
	(۴)	(۶)	(۴)	(۵)	(۱۱)	(۱۱)	(۶)
Bc-12	۷/۲۹	۰/۹۶	-۰/۳۲	-۰/۸۶	-۰/۴۵	-۳/۴۷	-۰/۳۰
	(۲)	(۳)	(۹)	(۸)	(۱۲)	(۱۲)	(۸)
Bc-17	۸/۸۶	۰/۸۶	۰/۴۸	۰/۴۷	۰/۶۰	-۰/۸۲	۱/۵۹
	(۱)	(۴)	(۳)	(۶)	(۱)	(۸)	(۱)
SE g(i)	۳/۱۵۹	۳/۹۶۶	۰/۳۸۹	۷/۶۲۱	۰/۰۹۸	۳/۰۴۸	۰/۳۲۷
SE (gi-gj)	۱/۲۴۳	۱/۷۸۵	۰/۹۹۰	۶/۵۸۰	۰/۲۵۰	۳/۹۰۸	۰/۸۱۴

* اعداد داخل پارانترز رتبه والدین را برای هر ستون نشان می‌دهد.

جدول ۶- قابلیت ترکیب خصوصی ارقام مختلف گندم از لحاظ اجزاء عملکرد در روش ۲ گریفینگ (مدل ۱)

هیبرید/والدین	ارتفاع بوته	طول پدانکل	تعداد سنبلچه در		عملکرد تک بوته	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک
			سنبله	تعداد دانه در سنبله			
۱×۲	۴/۱۸ ns	۳/۲۹ ns	۱/۰۲ *	-۹/۵۳ *	۰/۴۱ ns	-۲/۶۰ *	۰/۳۸ ns
۱×۳	-۵/۶۵ ns	۱/۸۲ ns	-۰/۸۵ *	-۹/۵۰ *	-۰/۶۰ *	۲/۱۲ *	-۱/۶۹ **
۱×۴	-۰/۸۵ ns	۲/۰۹ ns	۰/۵۲ ns	۰/۷۰ ns	-۰/۵۲ *	۳/۱۸ **	-۰/۶۰ ns
۱×۵	-۳/۶۲ ns	۴/۱۵ ns	۰/۰۲ ns	۲/۶۷ ns	-۰/۲۹ ns	۲/۴۶ *	-۰/۱۷ ns
۱×۶	-۶/۰۲ ns	-۰/۰۱ ns	-۱/۶۸ **	-۹/۸۷ *	-۰/۴۷ ns	-۱/۶۴ *	-۱/۱۶ *
۱×۷	-۳/۰۲ ns	-۴/۷۱ ns	۰/۲۵ ns	۰/۹۳ ns	۰/۳۵ ns	۱/۵۶ *	۰/۰۲ ns
۱×۸	-۲/۹۲ ns	۰/۱۹ ns	۰/۳۲ ns	۲/۸۷ ns	۰/۶۳ *	-۱/۰۳ ns	۱/۵۷ **
۱×۹	۵/۲۹ ns	۰/۲۲ ns	۰/۱۸ ns	۸/۱۳ *	۰/۷۰ *	۲/۳۶ *	۰/۷۲ *
۱×۱۰	۳/۷۲ ns	-۵/۲۵ *	-۱/۰۸ *	-۳/۹۳ ns	-۰/۱۶ ns	-۰/۹۹ ns	-۰/۸۵ *
۱×۱۱	-۴/۱۲ ns	-۶/۶۱ *	۰/۵۵ ns	۹/۱۰ *	-۰/۷۷ *	-۰/۹۸ ns	۰/۰۹ ns
۱×۱۲	۱۳/۰۵ **	۴/۸۲ ns	۰/۷۵ *	۸/۴۳ *	۰/۷۲ *	-۴/۴۴ **	۱/۷۰ **
۲×۳	-۰/۰۵ ns	۲/۲۵ ns	-۰/۶۵ ns	-۲/۵۷ ns	۰/۳۳ ns	-۲/۱۸ *	۰/۱۵ ns
۲×۴	۰/۷۵ ns	۵/۸۵ *	-۱/۲۸ *	۴/۳۰ ns	-۰/۱۹ ns	۰/۲۸ ns	-۱/۴۶ **
۲×۵	-۲/۰۲ ns	۰/۹۲ ns	-۰/۷۸ *	-۸/۴۰ *	۰/۱۴ ns	-۰/۲۰ ns	-۰/۲۳ ns
۲×۶	-۱/۷۵ ns	-۰/۹۱ ns	-۰/۸۲ *	۰/۰۷ ns	۰/۱۶ ns	۱/۵۳ *	۰/۱۱ ns
۲×۷	۰/۵۸ ns	-۲/۶۱ ns	۰/۷۸ *	۱۱/۸۷ *	۰/۵۴ *	۱/۶۳ *	۰/۸۰ *
۲×۸	-۲/۶۵ ns	-۰/۰۵ ns	۰/۵۲ ns	-۷/۸۷ ns	-۰/۲۷ ns	۲/۲۷ *	-۰/۳۶ ns
۲×۹	۶/۱۸ ns	-۱/۰۱ ns	۰/۷۲ *	۱۰/۷۳ *	-۰/۶۷ *	۰/۱۰ ns	-۰/۰۴ ns
۲×۱۰	-۰/۶۸ ns	۰/۱۹ ns	-۰/۲۲ ns	-۹/۳۳ *	-۰/۹۹ *	-۱/۴۹ *	۱/۰۵ *
۲×۱۱	۰/۴۸ ns	-۳/۸۵ ns	۰/۴۲ ns	-۲/۳۰ ns	۰/۲۳ ns	۰/۱۲ ns	-۰/۵۰ ns
۲×۱۲	-۵/۰۲ ns	-۴/۰۸ ns	۰/۲۸ ns	۱۳/۰۳ **	۰/۳۲ ns	۰/۵۳ ns	۰/۱۱ ns
۳×۴	۹/۵۸ *	۲/۳۹ ns	-۰/۴۸ ns	۴/۳۳ ns	۰/۱۳ ns	۲/۵۰ *	۰/۴۱ ns
۳×۵	۱۴/۱۵ **	۲/۱۲ ns	۰/۳۵ ns	-۴/۰۳ ns	۰/۱۹ ns	-۲/۷۸ *	۰/۱۸ ns
۳×۶	۳/۰۸ ns	-۱/۰۵ ns	۰/۹۸ *	۳/۷۷ ns	۰/۱۲ ns	۰/۳۵ ns	۰/۹۵ *
۳×۷	۲/۴۲ ns	-۲/۷۵ ns	۱/۵۸ **	۰/۲۳ ns	۰/۶۳ *	-۲/۲۵ *	۰/۴۷ ns
۳×۸	۴/۱۸ ns	۴/۸۲ ns	-۰/۶۸ ns	-۱/۱۷ ns	-۰/۰۵ ns	۰/۰۶ ns	-۰/۳۲ ns
۳×۹	۴/۳۵ ns	۰/۸۵ ns	-۰/۴۸ ns	-۱/۹۰ ns	-۰/۲۲ ns	-۱/۰۸ ns	۰/۰۳ ns
۳×۱۰	-۱۵/۸۵ **	-۴/۲۸ ns	۰/۵۸ ns	-۰/۳۰ ns	۰/۱۶ ns	۲/۴۷ *	۰/۳۲ ns
۳×۱۱	-۸/۶۸ *	-۳/۶۵ ns	۰/۵۵ ns	۱۲/۷۳ **	-۰/۰۵ ns	-۰/۱۶ ns	۰/۶۷ ns
۳×۱۲	-۷/۵۲ *	-۲/۵۵ ns	-۰/۹۲ *	-۱/۶۰ ns	-۰/۶۶ *	۰/۹۵ ns	-۱/۱۶ *
۴×۵	-۳/۳۸ ns	-۳/۶۱ ns	۱/۰۵ *	۶/۵۰ ns	-۰/۱۷ ns	-۱/۸۲ *	۰/۴۰ ns
۴×۶	-۰/۴۵ ns	-۰/۷۸ ns	۰/۶۸ ns	۳/۹۷ ns	۰/۳۹ ns	-۰/۱۹ ns	۱/۲۱ *
۴×۷	-۲/۱۲ ns	-۵/۸۱ *	۰/۶۲ ns	۱/۴۳ ns	۰/۰۱ ns	۰/۸۴ ns	-۰/۳۸ ns
۴×۸	-۱/۰۲ ns	-۰/۹۱ ns	-۰/۹۸ *	۹/۳۷ *	۰/۵۲ *	-۰/۹۸ ns	۰/۷۴ *

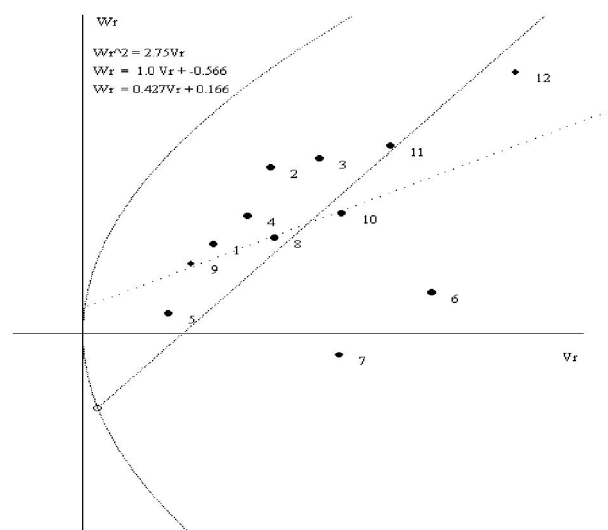
هیبرید/والدین	ارتفاع بوته	طول پدانکل	تعداد سنبلیچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	عملکرد تک بوته	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک
۴×۹	۷/۴۸ *	-۰/۲۱ ns	-۰/۷۸ *	-۲/۷۰ ns	-۰/۱۴ ns	-۱/۹۹ *	-۰/۱۸ ns
۴×۱۰	-۸/۳۸ *	-۲/۶۸ ns	-۰/۰۵ ns	-۴/۱۰ ns	۰/۱۴ ns	-۰/۸۷ ns	۰/۱۸ ns
۴×۱۱	-۴/۲۲ ns	۲/۹۵ ns	۰/۲۵ ns	-۱۵/۴۰ **	-۰/۴۱ ns	-۰/۹۰ ns	-۱/۰۱ *
۴×۱۲	۲/۶۲ ns	۰/۷۲ ns	۰/۴۵ ns	-۸/۴۰ *	۰/۲۵ ns	-۰/۰۵ ns	۰/۷۰ *
۵×۶	-۰/۵۵ ns	۲/۲۹ ns	۰/۱۸ ns	۱۳/۶۰ **	۰/۵۵ *	-۰/۳۴ ns	۰/۶۰ ns
۵×۷	-۳/۲۲ ns	-۴/۰۸ ns	-۰/۵۵ ns	۰/۰۷ ns	-۰/۹۳ *	۱/۴۳ ns	-۰/۶۵ ns
۵×۸	-۶/۱۲ ns	-۱/۸۵ ns	۰/۱۸ ns	-۷/۶۷ ns	-۰/۰۱ ns	۲/۳۴ *	۰/۰۷ ns
۵×۹	-۱۴/۶۲ **	-۸/۴۸ **	۱/۰۵ *	-۷/۰۷ ns	-۰/۷۱ *	-۳/۴۳ **	-۰/۵۵ ns
۵×۱۰	۷/۵۲ *	۴/۳۹ ns	-۰/۸۸ *	۶/۸۷ ns	۰/۲۷ ns	-۰/۳۲ ns	-۱/۵۲ **
۵×۱۱	۲/۶۸ ns	۴/۶۹ ns	-۰/۵۸ ns	۷/۹۰ *	۰/۵۶ *	۰/۸۵ ns	۱/۵۶ **
۵×۱۲	۹/۱۸ *	-۰/۵۵ ns	-۰/۰۵ ns	-۱۰/۴۳ **	۰/۴۱ ns	۱/۸۰ *	۰/۳۳ ns
۶×۷	-۱/۲۸ ns	-۰/۲۵ ns	۰/۷۵ *	۷/۲۰ ns	۰/۱۹ ns	-۱/۸۸ *	۰/۷۹ *
۶×۸	۰/۴۸ ns	۳/۶۵ ns	۱/۴۸ **	۸/۸۰ *	۰/۴۱ ns	۰/۵۶ ns	۰/۱۱ ns
۶×۹	-۱۰/۰۲ *	-۲/۳۱ ns	-۰/۹۸ *	-۱۱/۲۷ *	-۰/۳۹ ns	۳/۷۶ **	-۱/۳۱ *
۶×۱۰	۱/۷۸ ns	۲/۵۵ ns	-۰/۲۵ ns	-۶/۳۳ ns	-۰/۳۱ ns	-۲/۳۶ *	۰/۴۸ ns
۶×۱۱	۱۰/۹۵ *	-۳/۴۸ ns	-۰/۹۵ *	-۱/۹۷ ns	-۰/۶۲ *	-۰/۱۲ ns	-۱/۰۴ *
۶×۱۲	۳/۷۸ ns	۰/۲۹ ns	۰/۵۸ ns	-۷/۹۷ *	-۰/۰۳ ns	۰/۳۳ ns	-۰/۷۳ *
۷×۸	-۵/۵۲ ns	۰/۶۲ ns	۰/۰۸ ns	-۱۷/۷۳ **	-۰/۵۴ *	۰/۰۳ ns	۰/۲۶ ns
۷×۹	۷/۹۸ *	۲/۹۹ ns	۱/۶۲ **	-۵/۴۷ ns	۰/۳۹ ns	۲/۲۳ *	۰/۸۷ *
۷×۱۰	۷/۱۲ *	۸/۸۵ **	-۱/۶۲ **	-۵/۲۰ ns	-۰/۳۹ ns	-۱/۳۹ ns	-۰/۴۰ ns
۷×۱۱	۵/۲۸ ns	۶/۸۲ *	-۱/۶۸ **	۴/۱۷ ns	۰/۳۰ ns	-۱/۶۹ *	-۰/۷۹ *
۷×۱۲	-۸/۲۲ *	۰/۹۲ ns	-۱/۸۲ **	۲/۵۰ ns	-۰/۵۵ *	-۰/۵۱ ns	-۰/۹۸ *
۸×۹	۱۰/۷۵ *	۱/۲۲ ns	۰/۶۸ ns	۵/۸۰ ns	۰/۳۴ ns	-۳/۶۰ **	-۰/۵۲ ns
۸×۱۰	۶/۸۸ ns	-۳/۹۱ ns	-۰/۵۸ ns	۳/۴۰ ns	-۰/۰۴ ns	۱/۴۸ ns	-۱/۷۲ **
۸×۱۱	۱/۳۸ ns	-۰/۶۱ ns	-۰/۶۲ ns	-۷/۲۳ *	-۰/۶۹ *	-۱/۱۸ ns	۰/۱۳ ns
۸×۱۲	-۵/۴۵ ns	-۳/۱۸ ns	-۰/۴۲ ns	۱۱/۴۳ **	-۰/۳۰ ns	۰/۰۴ ns	۰/۰۷ ns
۹×۱۰	-۷/۲۸ *	۰/۷۹ ns	۰/۲۸ ns	۴/۰۰ ns	۰/۲۲ ns	۰/۰۱ ns	۰/۰۹ ns
۹×۱۱	-۴/۷۸ ns	۴/۰۹ ns	-۱/۰۸ *	۰/۷۰ ns	۰/۴۱ ns	-۰/۲۵ ns	۰/۴۷ ns
۹×۱۲	-۵/۲۸ ns	۱/۸۵ ns	-۱/۲۲ **	-۰/۹۷ ns	۰/۰۷ ns	۱/۸۷ *	۰/۴۵ ns
۱۰×۱۱	۱/۶۸ ns	-۱/۳۸ ns	۲/۳۲ **	۶/۶۳ ns	۱/۱۹ **	۴/۱۳ **	۱/۶۴ **
۱۰×۱۲	۳/۵۲ ns	۰/۷۲ ns	۱/۵۲ **	۸/۳۰ *	-۰/۰۸ ns	-۰/۶۹ ns	۰/۷۴ *
۱۱×۱۲	-۰/۶۵ ns	۱/۰۲ ns	۰/۸۲ *	-۱۴/۳۳ **	-۰/۱۶ ns	۰/۱۵ ns	-۱/۲۱ *
SE (sij-sjk)	۳/۱۵۹	۳/۶۹۹	۰/۳۸۹	۷/۶۲۱	۰/۰۹۸	۳/۰۴۸	۰/۳۲۷
SE (sij-skl)	۱/۲۴۳	۱/۷۸۵	۰/۹۹۰	۶/۵۸۰	۰/۲۵۰	۳/۹۰۸	۰/۸۱۴

* و ** بترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪ : ns غیر معنی دار

همچنین نزدیک به یک بودن میانگین درجه غالبیت می‌توان گفت که سهم اثرات غیر افزایشی ژن‌ها بیش از سهم افزایشی آن‌ها است (جدول ۴). بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی در این صفت مربوط به والدین ۴ و ۵ و بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در هیبریدهای ۹×۷، ۱۱×۱۰ و ۱۲×۱۰ مشاهده گردید (جدول ۶). به دلیل معنی‌دار شدن جزء غالبیت در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور WI توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود اثرات فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت است. پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والد شماره ۵ دارای بیشترین ژن‌های غالب، در حالیکه والد شماره ۱۲ حاوی ژن‌های مغلوب فراوان بود (شکل ۳).

پایین بودن توارث‌پذیری خصوصی، کارایی پایین انتخاب در نسل‌های در حال تفکیک را در یک برنامه‌ی اصلاحی برای این صفت نشان می‌دهد. لیکن در توجیه غالبیت برتر که بر اساس هتروزیس قابل توجیه است، دستیابی به لاین‌های خالص برای طول پدانکل بالا با استفاده از هیبریداسیون امکان‌پذیر می‌باشد.

تعداد سنبلچه در سنبله: تجزیه واریانس قابلیت‌های ترکیب‌پذیری نشانگر معنی‌دار بودن قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۲). پارامتر ژنتیکی غالبیت (H_1) معنی‌دار شد که بیانگر وجود اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت است. بطوریکه سهم واریانس غالبیت با ۵۷/۶٪ بیش از سهم افزایشی ۴۲/۴٪ در کنترل ژنتیکی این صفت بود (جدول ۳). با توجه به مثبت بودن پارامتر F و



شکل ۳- خط رگرسیون WI-Vr و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت تعداد

سنبلچه در سنبله در شرایط نرمال

بر اساس نتایج تحقیقات انجام گرفته توسط حسنی و همکاران (۲۰۰۵) و اختر و چودری (۲۰۰۶) در رابطه با نحوه کنترل ژنتیکی صفت تعداد سنبلچه در سنبله گندم به بالا بودن سهم واریانس غالبیت نسبت به واریانس افزایشی توسط این محققین تاکید شده است. اما مصطفوی و همکاران (۲۰۰۵) و والیا و همکاران (۱۹۹۵) تأثیر واریانس افزایشی را در کنترل این صفت بیش از واریانس غالبیت ذکر نموده‌اند. با توجه به نحوه کنترل ژنتیکی این صفت و اهمیت واریانس‌های افزایشی و غالبیت، در اصلاح برای این صفت می‌توان از تولید ارقام هیبرید استفاده نمود.

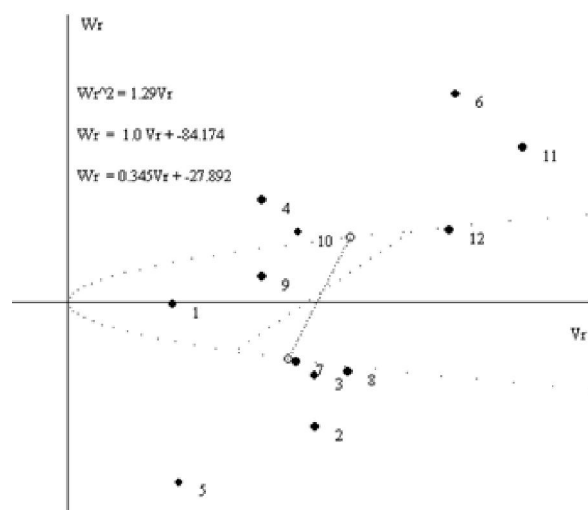
تعداد دانه در سنبله: تجزیه واریانس قابلیت‌های ترکیب‌پذیری نشانگر عدم معنی‌داری واریانس GCA و معنی‌دار SCA در سطح احتمال ۵٪ بود (جدول ۲). معنی‌دار بودن پارامتر ژنتیکی غالبیت (H_1) بیانگر وجود اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (جدول ۴). بطوریکه سهم واریانس غالبیت (۶۹/۲۶) بسیار بیشتر از سهم افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت است (جدول ۳). بالا بودن توارث‌پذیری عمومی و ناچیز بودن توارث‌پذیری خصوصی نیز نشانگر سهم بالای ژن‌های غیر افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت بود (عبدی و همکاران، ۱۳۹۳; ۲۰۰۶; Farooq et al., 2006; Singh et al., 2004). نتایج آزمایشات حسنی و همکاران (۲۰۰۵) و مصطفوی و همکاران (۲۰۰۵) نیز در رابطه با نحوه کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله نشانگر نقش بالای غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت بود. وجود اثرات اپیستازی در کنترل این صفت در تحقیق انجام گرفته توسط

آواد (۱۹۹۶) نیز معنی‌دار نشان داده شده بود. میانگین درجه غالبیت کمتر از یک مبین حالت فوق غالبیت ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است، تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین در حدود ۰/۲۱۵ است که نشان دهنده توزیع متقارن آلل‌های مثبت و منفی در تمامی مکان‌های ژنی در والدین است. با توجه به معنی‌دار شدن SCA، مقایسه میانگین ترکیب‌پذیری خصوصی در بین هیبریدها انجام شد. بیشترین مقدار SCA در هیبریدهای ۱۲×۲ و ۶×۵ بدست آمد (جدول ۵). به دلیل معنی‌دار شدن پارامتر غیر افزایشی در این صفت تجزیه گرافیکی انجام گرفت. قطع محور W_I توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود اثرات فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۴). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والد شماره ۱ دارای کوچکترین مقادیر V_I و W_I و بیشترین ژن‌های غالب، در حالی که والدین شماره ۱۱ و ۶ دارای ژن‌های مغلوب فراوان و بقیه والدین در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

عملکرد تک بوته: معنی‌دار شدن قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی نشان می‌دهد که اثرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهم‌اند (جدول ۲). توارث‌پذیری عمومی این صفت ۰/۶۶ و توارث خصوصی ۰/۲۹ بدست آمد. بالا بودن توارث‌پذیری عمومی و پایین بودن توارث‌پذیری خصوصی نشانگر سهم بالای ژن‌های غیر افزایشی در کنترل ژنتیکی عملکرد تک بوته می‌باشد، بطوریکه مقدار واریانس

افزایشی ۲۴/۶٪ و سهم واریانس غالبیت با ضریب

۷۴/۴٪ بود (جدول ۳).



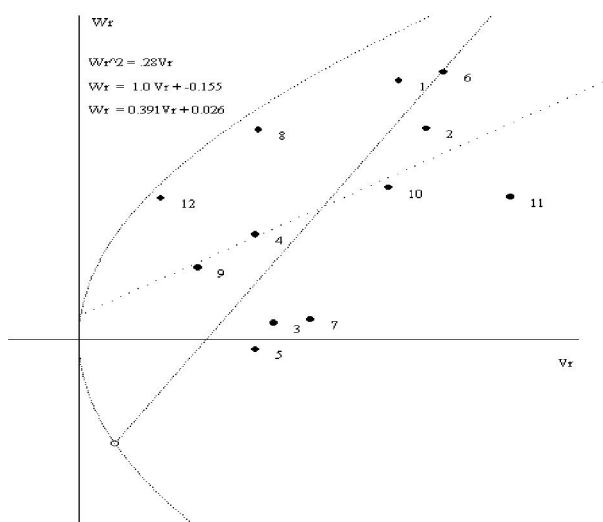
شکل ۴- خط رگرسیون $Wt-Vr$ و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال

والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۳، ۵، ۷ و ۹ حاوی بیشترین ژن-های غالب، در حالیکه والدین شماره ۱، ۲ و ۶ دارای ژن‌های مغلوب فراوان هستند.

ویندر و لیساک (۱۹۷۳) اظهار نمودند که حداکثر تولید عملکرد دانه ممکن است فقط با بهره‌گیری از هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها حاصل شود. طبق نظر این محققین استفاده از روش انتخاب دوره‌ای در برنامه اصلاحی گندم امکان افزایش پتانسیل مواد ژنتیکی فراهم شود. این روش امکان تجمع ژن‌های مناسب افزایشی و فرصت بهره‌گیری از واریانس غالبیت را فراهم می‌کند. بطوریکه افزایش فراوانی آلل‌های موثر در جمعیت و در مراحل بعدی با استفاده از هیبریداسیون روش مناسبی خواهد بود.

با توجه به بیشتر از یک بودن میانگین درجه غالبیت (۱/۳۴) نوع عمل ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت فوق غالبیت بود. گل پرور و همکاران (۱۳۹۰)، ارشد و چوداری (۲۰۰۳)، عبدی و همکاران (۱۳۹۳) و منون و شارما (۱۹۹۵) نیز در مطالعات خود بر اهمیت اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها، به ویژه اثرات فوق غالبیت را در کنترل ژنتیکی این صفت اشاره نموده‌اند.

مقایسه میانگین هیبریدها با توجه به معنی‌دار بودن قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی انجام شد. تلاقی‌های برتر برای صفت عملکرد دانه تک بوته عبارت از 8×1 ، 7×3 ، 9×1 ، 12×1 و 11×10 بودند (جدول ۶). قطع محور Wt توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۵). پراکنش



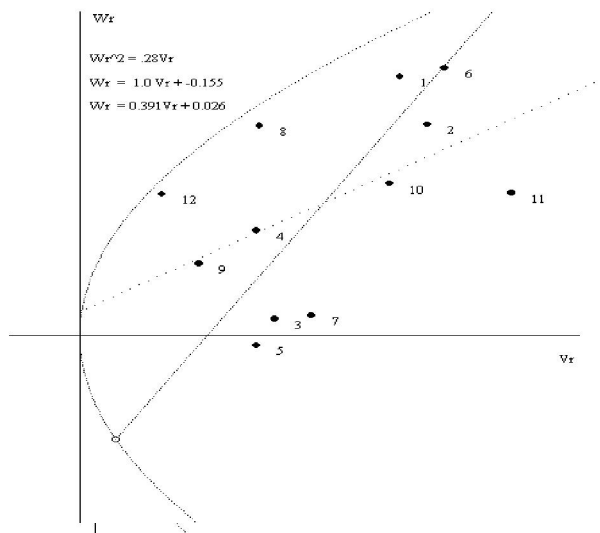
شکل ۵- خط رگرسیون W_r-V_r و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت وزن دانه در سنبله در شرایط نرمال

نشانگر برتری والدین شماره ۳، ۵ و ۷ بود (جدول ۵). مقایسه قابلیت ترکیب پذیری خصوصی برتری تلاقی‌های 1×4 ، 3×4 ، 3×10 ، 6×9 و 11×10 بود (جدول ۶). قطع محور W_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت مبداء مختصات بیانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد (شکل ۶).

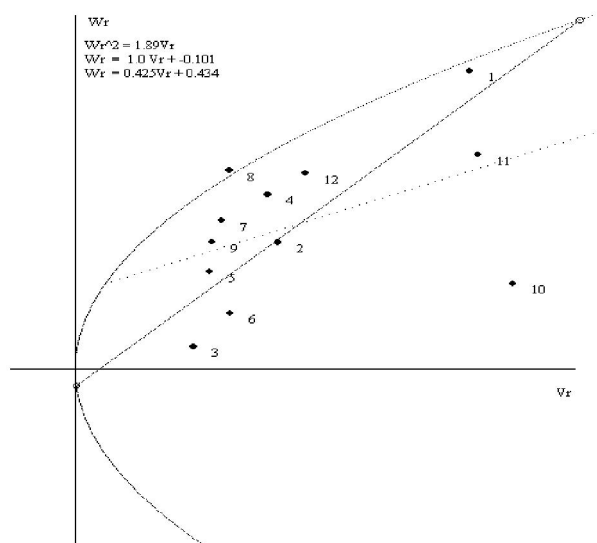
والدین شماره ۳ و ۷ دارای بیشترین ژن‌های غالب، در حالی که والد شماره ۹ دارای ژن‌های مغلوب فراوان بود. با توجه به نتایج توارث پذیری و نوع عمل غالبیت ناقص ژن‌ها، روش اصلاحی مناسب گزینش فنوتیپ غالب و نیز روش‌های اصلاحی تک بوته یا شجره‌ای و گزینش مستقیم امکان پذیر است. سریواستاوا و همکارانش (۱۹۹۳) و حسنی و همکاران (۲۰۰۵) در تحقیقات خود بر نحوه کنترل ژنتیکی شاخص برداشت بر کنترل این صفت توسط غالبیت ناقص ژن‌ها تاکید

شاخص برداشت: تجزیه واریانس قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی نشانگر معنی‌دار بودن هر دو در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۲) که نشان می‌دهد اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل این صفت نقش دارند. مقدار واریانس افزایشی ۱/۵۵٪ بیش از واریانس غالبیت ۹/۴۴٪ بود (جدول ۳). میانگین درجه غالبیت برای شاخص برداشت کمتر از یک (۰/۹۱۲) که مبین حالت غالبیت ناقص برای ژن‌های کنترل کننده این صفت است. با توجه به مقدار پارامترهای افزایشی و غالبیت، سهم اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت بیشتر از غالبیت ژن‌ها بود. تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین ۲۴۵/۰ که نزدیک به ۲۵/۰ می‌باشد، نشان دهنده توزیع متقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. مقایسه قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی در صفت شاخص برداشت

نموده‌اند. بیشتر بودن سهم اثرات افزایشی نسبت به اثرات غالبیت ژن‌ها در کنترل صفت شاخص گزارش شده است.



شکل ۶- خط رگرسیون W_r-V_r و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت شاخص برداشت در شرایط نرمال



شکل ۷- خط رگرسیون W_r-V_r و سهمی محدود کننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای صفت عملکرد بیولوژیک در شرایط نرمال

عملکرد بیولوژیکی: تجزیه واریانس قابلیت ترکیب پذیری نشان دهنده معنی دار بودن قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی بترتیب در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪ بود (جدول ۲). مقایسه توارث پذیری عمومی با توارث پذیری خصوصی نشان داد که توارث پذیری عمومی (۰/۶۴۹) بیشتر از توارث پذیری خصوصی (۰/۳۷۲) می باشد (جدول ۴). مقادیر بالا برای وراثت پذیری عمومی حاکی از کنترل ژنتیکی این صفت توسط اثرات افزایشی و غالبیت می باشد (تورچی و همکاران، ۱۳۸۶). سهم واریانس افزایشی ۴۵/۹٪ و سهم واریانس غالبیت در این صفت ۵۴/۱٪ بود. با توجه به معنی دار شدن واریانس های GCA و SCA تجزیه قابلیت ترکیب پذیری عمومی در والدین و تجزیه قابلیت ترکیب پذیری خصوصی در نسل های در حال تفکیک انجام گردید (جداول ۵ و ۶). مقایسه میانگین در هیبریدها نشان داد که بیشترین عملکرد بیولوژیک در هیبریدهای ۱×۸، ۱×۱۲ و ۵×۱۱ وجود داشت (جدول ۶). قطع محور Wt توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود فوق غالبیت ژن ها در کنترل این صفت است (شکل ۷). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می دهد که والدین شماره ۳ و ۶ دارای بیشترین ژن های غالب، در حالیکه والدین شماره ۱ و ۱۱ دارای ژن های مغلوب فراوان بودند (شکل ۷).

نتیجه گیری

نتایج تحقیق نشان داد که افزایش عملکرد دانه تک بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته و طول

پدانکل توسط آلل های مغلوب و افزایش شاخص برداشت توسط آلل های غالب کنترل می شود. به دلیل بالا بودن قابلیت ترکیب پذیری عمومی برای اغلب صفات مورد مطالعه در والدین ۳، ۵، ۸، ۹ و ۱۲، می توان از این والدین به عنوان ژنوتیپ های با پتانسیل ژنتیکی خوب جهت افزایش عملکرد استفاده نمود. با توجه به نتایج تجزیه گرافیکی مبنی بر قطع شدن محور Wt و سهمی محدود کننده بوسیله خط رگرسیون در بخش منفی، عمل ژن ها در صفات عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، طول پدانکل و عملکرد تک بوته، فوق غالبیت بود. پراکنندگی والدین در طول خط رگرسیون در صفات مورد ارزیابی نشانگر تنوع ژنتیکی و نیز وجود ژن های غالب و مغلوب در والدین مورد مطالعه بودند. والد ۱۱ دارای بیشترین آلل های مغلوب برای صفات طول پدانکل، تعداد سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیولوژیک و عملکرد تک بوته و ژنوتیپ های ۱، ۲ و ۶ با بیشترین عملکرد دانه دارای آلل های مغلوب بیشتری بودند. پس می توان نتیجه گرفت که افزایش عملکرد دانه در ژنوتیپ های مورد مطالعه تحت تأثیر آلل های مغلوب است. رقم گونش لی در تلاقی با سه ژنوتیپ ۸، ۹ و ۱۲ هیبریدهایی با بیشترین عملکرد در بین تمام ژنوتیپ ها تولید نمود. بنابراین، امکان بهره گیری از تلاقی های آن جهت دستیابی به نتایج با عملکرد بالا استفاده کرد. از آنجایی که در کنترل عملکرد، هم اثرات افزایشی و هم غیر افزایشی دخیل می باشند، می توان با انتخاب روش اصلاحی مناسب مثل انتخاب دوره ای، امکان

تجمیع ژن‌های مناسب افزایشی و فرصت بهره‌برداری از واریانس غالبیت را فراهم کرد. با توجه به بررسی هیبریدهای مورد مطالعه، استفاده از تلاقی‌های قیمت‌لی ۲/۱۷ × کوه‌دشت، BC-۱۷ × گونش‌لی با عملکرد دانه بیشتر، در برنامه‌های تولید هیبرید توصیه می‌شوند.

منابع:

- بی‌نام. ۱۳۹۴. آمارنامه کشاورزی وزارت جهاد کشاورزی.
- تورچی محمود، شکبیا محمدرضا، مقدم محمد، صبا جلال. ۱۳۸۶. بررسی ژنتیکی عملکرد دانه و اجزاء آن در گندم به روش دی‌آلل. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. جلد ۱۴ (۴). صفحات ۵۴-۴۳.
- حیدری بهرام، سعیدی قدرت‌الله، طباطبایی بدرالدین سید ابراهیم، سوئناگا کازوهیرو. ۱۳۸۵. بررسی تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری برخی صفات کمی در لاین‌های دابل‌هاپلوئید گندم. فصلنامه علوم کشاورزی ایران. ۳۷ (۲). صفحات: ۳۵۶-۳۴۷.
- گل‌پرور احمد رضا، متقی سمانه، لطفی فرامید. ۱۳۹۰. تجزیه و تحلیل دی‌آلل عملکرد دانه و اجزای آن در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط تنش خشکی. مجله فناوری تولیدات گیاهی. شماره ۱۱ (۱۹). صفحات: ۵۱-۶۱.
- طهماسبی سیروس، خدامباشی امامی محمود، رضایی عبدالمجید. ۱۳۸۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و صفات مرتبط به روش تلاقی دی‌آلل در شرایط رطوبتی مطلوب و تنش خشکی. مجله علوم آب و خاک-علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی. جلد ۱۱ (۱). صفحات: ۲۴۱-۲۲۹.
- عبدی حسن، بی‌همتا محمدرضا، عزیزاف ابراهیم، چوگان رجب. ۱۳۹۳. تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی‌آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان. مجله به‌نژادی گیاهان زراعی و باغی. جلد ۲ (۲). صفحات: ۱۹۹-۲۱۲.
- موسوی سید سعید، یزدی صمدی بهمن، زالی عباسعلی، قنادها محمد رضا. ۱۳۸۵. بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی صفات کمی‌گندم نان در شرایط نرمال و تنش رطوبتی. فصلنامه علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۱ (۱). صفحات: ۲۳۸-۲۲۷.
- وندا میترا، هوشمند سعداله. ۱۳۹۰. ارزیابی ساختار ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته با استفاده از روش دی‌آلل در ژنوتیپ‌های گندم دوروم. مجله علوم زراعی ایران. جلد ۱۳ (۱). صفحات: ۲۱۸-۲۰۶.
- یارخواه سماغچه قاسم. ۱۳۹۲. مطالعه توارث چند صفت زراعی مهم در پنج رقم گندم نان با استفاده از تلاقی دی‌آلل. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه فردوسی مشهد. ۸۰ صفحه.

- Abdul Rehman Rashid M, Salam Khan A, Iftikha R. 2012. Genetic Studies for Yield and Yield Related Parameters in Bread Wheat, *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences* 12(12): 1579-1583.
- Agustu N. 2008. Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.), *Turkish Journal of Agriculture and Forestr*, 32: 249-258.
- Akhtar N, Chowdhry MA. 2006. Genetic analysis of yield and some other quantitative traits in bread wheat. *International Journal of Agriculture and Biology* 4: 523- 527.
- Amawate JS, Behl PN. 1995. Genetic analysis of some quantitative components of yield in bread wheat//Indian. *Journal of Genetics* 55: 120–125.
- Arshad M, Chowdhry MS. 2003. Genetic behavior of wheat under irrigated and drought stress environment. *Asian Journal of Plant Science* 2: 58-64 .
- Awaad HA. 1996. Genetic system and prediction for yield and its attributes in four Wheat crosses) *Triticum aestivum* L.). *Annals of Agricultural Sciences* 34: 69-90.
- Bitzer MJ, Patterson FL, Nyquist WE. 1982. Hybrid vigor and combining ability in a high-low yielding eight-parent diallel cross of soft red winter wheat. *Crop Science* 22:1126-1128.
- Budak N. 2001. Genetic analysis of certain quantitative traits in the f2 generation of a 8 × 8 diallel of durum wheat population, *Turkish Journal Field Crops* 38: 63-72.
- Chowdhry MA, Gilani SM, Ahsan M. 2001. Genetic control of some yield attributes in bread wheat. *Pakistan Journal of Biology* 4: 980- 982.
- Dana I, Dasgupta T. 2001. Combining ability in black gram. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 61: 170-171 .
- Farooq J, Imran H, Akhtar S, Nausher Wan IK, Ghulam A. 2006. Combining ability for yield and its components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agricultural and Social Sciences* 4: 207-211.
- Fethi B, El-Gassh M. 2010. Epistasis and Genotype by environment interaction of grain protein content in durum wheat. *Genetic and Molecular Biology* 33(1): 125-130.
- Griffing JB. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity* 10: 31-50.
- Hasani M, Saidi GH, Rezaei AM. 2005. Evaluation of genetic parameters and combining ability of grain yield and its components in bread wheat. *Journal of Natural Resources of Science Technology* 9: 157-170.
- Hayman BI. 1954a. The analysis of variance of diallel crosses. *Biometrics* 10: 235-254.
- Hayman BI. 1954b. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789-809.
- Heidare BA, Rezaei M, Mirmohammadi Maibody A. 2006. Diallel analysis for the estimation of genetic parameters for grain yield and grain yield components in bread Wheat, *Journal Science and Technology Agricultural and Natural Resources* 10: 121-139 .

- Jinks JL, Hayman BI. 1953. The analysis of diallel crosses, *Maize Genetics Co-op, News*, 23: 48-54
- Joshi SK, Sharma SN, Sigh DL, Sain RS. 2004. Combining ability in the F1 and F2 generation of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.), *Hereditas* 141(2): 115-121.
- Joshi AB, Paroda RS. 1970. Genetic architecture of yield and components of yield in wheat, *Indian Journal of Genet and Plant Breeding* 30 (2): 298-314.
- Lonc W, Zalewski D. 1991. "Diallel analysis of quantitative characters in F1 hybrids in winter wheat. *Plant Breeding* 62: 49-54.
- Mather J, Jinks JL. 1977. *Introduction to biometrical genetics*. Cornell Univ. Press, Ithaca, NY 73-80 pp.
- Mather J, Jinks JL. 1982. *Biometrical Genetics d*). Chapman and Hall, London, UK.
- Menon U, Sharma SN. 1995. Inheritance studies for yield and yield component traits in bread wheat over the environments, *Wheat Information Service* 89: 1-5.
- Mostafavi Kh, Hosseinizadeh AH, Zeinalikhaneghah H. 2005. Genetic analysis of yield and correlated traits in bread wheat. *Iranian Journal of Agricultural Science* 36: 187-197.
- Nazan D. 2008. Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.), *Turkish Journal of Agriculture Forestry* 32: 249-258
- Nazir A, Khaliq I, Farooq J, Mahmood K, Mahmood A, Hussain M, Shahid M. 2014. Pattern of Inheritance in Some Yield Related Parameters in Spring Wheat (*Triticum aestivum* L.). *American Journal of Biology and Life Sciences* 2(6): 180-186.
- Quarrie SA, Stojanovic J, Pekic S. 1999. Improving drought tolerance in small-grain cereals: A case study, progress and prospects. *Plant Growth Regulation* 29: 1-21.
- Richards RA. 1996. Defining selection criteria to improve yield under drought. *Plant Growth Regulation* 20: 157-166.
- Roy D. 2000. *Plant Breeding Analysis and Exploitation of Variation*, Alpha Science International, LTD 70 pp.
- Randhawa AS, Gill KS. 1978. Response to selection for the improvement of grain yield in a winter × spring cross of wheat. *Crop Improvement* 5: 11-20.
- Riaz R, Chowdhry MA. 2003. Genetic analysis of some economic traits of wheat under drought condition. *Asian Journal of Plant Science* 2: 790-796.
- Sadeghi F. 2014. Estimation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum Aestivum* L.) using diallele method. *Journal of Crop Breeding* 6: 101-113.
- Sharma SN, Sain RS, Sharma RK. 2002. Gene system governing grain yield per spike in macaroni wheat. *Wheat Information Service*. 94: 14-18.
- Sharma JC, Ahmad Z. 1980. Genetic architecture of some traits in spring wheat, *Indian Journal of Agricultural Science* 50: 54-61.

- Singh HS, Sharma N, Sain RS. 2004. Combining ability for some quantitative characters in (*Triticum aestivum* L. Theu). Crop Science 45: 68-72.
- Sharma RC, Smith EL, Mc-New RW. 1991. Combining ability analysis for harvest index in winter wheat. Euphytica 55: 229-234.
- Srivastava AN, Nema DP. 1993. Graphical analysis of physiological traits and yield in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Indian Journal of Agricultural Science 63: 79-83.
- Walia DPTD, Plaha P, Chaudhry HK. 1995. Gene effect controlling grain yield and its components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Agricultural Science 15: 29-31.
- Zhang Y, Kang MS, Lamky RK. 2005. DIALLEL-SAS05: A Comprehensive Program for Griffing's and Gardner -Eberhart Analyses. Agronomy 97: 1097-1106.

Genetic investigation of grain yield and its components in bread wheat genotypes using diallel method

G.R. Khalilzadeh*

I-Agriculture and Natural Resources Research Center of West Azarbaijan, Agricultural, Research Education and Extension Organization (AREEO), Urmia, Iran

Abstract

In order to estimate genetic variance components and to determine the gene function, this experiment was conducted using crosses from 12 parents through diallel mating design in bread wheat. A total of 66 F₂ hybrids obtained from a one-way diallel cross with their parents in a randomized complete block design (RCBD) were conducted in West Azarbaijan Agricultural Research Station in Saatlu region in three replications during 2013. The results of analysis of variation showed a significant difference between parents and F₂ crosses in studied traits. The significance of the mean square of the parents against the crosses indicated a significant heterozygosity for the traits. Considering the significant differences for mean squares of General Combination Analysis (GCA) and Special Combination Analysis (SCA) in plant height, number of spikelet per spike, harvest index and biological yield, both additive and non-additive effects gene effects played a significant role in genetic control of traits. The highest heritability was belong to plant height with 83.7% and the lowest one was belong to harvest index with 54.2%. Narrow sense heritability varied from 16.1 for grain number per spike to 54.2% for plant height. Two parents of Qirmizigul-1 and Qiymatli-2/17 had the highest rank in most traits of yield components and had the highest GCA. In the studied traits, the frequency of dominant and recessive alleles was not in equilibrium in most traits, and dominant alleles were more than recessive ones. According to the graphical analysis of Hayman-Jinks analysis, it can be concluded that for peduncle length, number of seeds per spike, single plant grain yield and biological yield, are controlled by over dominant gene actions, while harvest index was controlled by relative dominant one. Final results of this experiment showed that increasing of grain yield per plant, number of seeds per spike, spikelet number, biological yield, plant height and peduncle length were controlled by recessive alleles. Since both additive and non-additive effects are involved in controlling of grain yield, it is possible to assemble additive genes and create an opportunity to gain of dominance variation in a breeding program with suitable selection method, such as periodic selection.

Key words: Diallel, Grain yield, General combining ability, Special combination ability, Heritability.

* Corresponding author: gkhalilzade@yahoo.com Received: 2017/06/20 Accepted: 2018/01/08