

Combining ability analysis and genes effect for grain yield and its' components in bread wheat

Leila Ahangar^{*1}, Hassan Ghojogh²

1. Corresponding Author, Dept. of Plant Production, College of Agriculture and Natural Resources of Gonbad, Gonbad Kavous University, Golestan, Iran. E-mail: l.ahangar63@gmail.com
2. Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Gonbad Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Golestan, Iran. E-mail: hghojogh@yahoo.com

Article Info

Article type:

Full Length Research Paper

Article history:

Received: 01.18.2022

Revised: 04.16.2022

Accepted: 05.29.2022

Keywords:

Combining ability,
Diallel,
Wheat,
Yield and Heritability

ABSTRACT

Background and Objectives: Wheat is the first important grain in the world and one of the strategic products of the country and the main source of protein and calories. Due to the growing trend of world population, the production and expansion of new varieties, has always been and will always be of interest to wheat breeders in the world. To achieve favorable outcomes in breeding programs, selection of parents based on general combining ability and specific combining ability is so important. Therefore, aim of this study was to investigate the general and specific combining ability of five different wheat cultivars and F₁ hybrids derived from them in order to study the genetic structure and heritability of yield and its components to determine the type of breeding method and selection of suitable parents and hybrids.

Materials and Methods: In this study, five wheat cultivars including Kuhdasht, Karim, Qaboos, Aseman and Line 17, were crossed in a half-Diallel method in the research farm of the Agricultural Research Station of Gonbad-e Qabous in 2018-19. In order to comparative experiment, seeds of 10 F₁ generations and parents were planted in a randomized complete blocks design with three replications in 2019-20. Then, traits days to spike emergence date, plant height (cm), spike length (cm), number of grain per spike, 1000-grain weight (g), plant yield (g / m²) were recorded /measured.

Results: Significance of analysis of variance indicated the existence of genetic differences between the genotypes and the possibility of continuing the analysis by Diallel method. Based on the results of genetic analysis based on the two method Griffing B models, general and specific combining abilities were significant for all traits, which indicates the simultaneous effect of additive and non-additive effects of genes in controlling traits. However, the share of additive gene effects for all traits except 1000-seed weight was higher than non-additive gene effects. In terms of increasing in spike length, number of seeds per spike, 1000-seed weight and yield, Aseman cultivar was the best compound. Also, line 17 cultivar with the lowest general combinability was the best one in of early maturity and dwarf traits. The best hybrid for 1000-seed weight and yield was Kuhdasht×line17, that had the highest specific combining ability. The results of the Jinks-Heyman test indicated that hypothesis of the genetic analysis were satisfied only for plant height, number of seeds per spike, spike length, plant yield. Evaluation of genetic parameters by Hayman

method showed that the parameters D and H1 were significant, but the high contribution of variance D showed that the additive effects of genes action had greatest importance in genetic control of these traits. The rate of specific heritability also varied from 0.63 in number of seeds per spike to 0.93 for plant height.

Conclusion: Result of Griffing and Hayman indicated, additive and non-additive gene effects were effective for all traits. But, the low values of the mean degree of dominance and regression line break in the positive part of the W_r axis and also the significance of the GCA/SCA ratio indicate the high share of additive effects in the control of these traits. Therefore, due to the importance of additive effects, the selection method can be a suitable method to breeding these traits.

Cite this article: Ahangar, Leila, Ghojogh, Hassan. 2023. Combining ability analysis and genes effect for grain yield and its' components in bread wheat. *Journal of Plant Production Research*, 29 (4), 121-139.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/JOPP.2022.19844.2906

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

برآورد اثرات ژنی و ترکیب‌پذیری صفات عملکرد و اجزای عملکرد در گندم نان

لیلا آهانگر^{۱*}، حسن قوجق^۲

۱. نویسنده مسئول، بخش تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی گنبد، دانشگاه گنبدکاووس، گلستان، ایران.
رایانامه: l.ahangar63@gmail.com
۲. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی گنبد، گلستان، ایران.
رایانامه: hghojogh@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی	سابقه هدف: گندم اولین غله مهم دنیا و یکی از محصولات راهبردی کشور و منبع اصلی تامین پروتئین و کالری به شمار می رود. با توجه به روند رو به رشد جمعیت جهان، تولید و ایجاد رقم‌های جدید همواره مورد توجه بهنژادگران می‌باشد. در برنامه‌های اصلاحی، انتخاب والدین بر اساس قدرت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی جهت دستیابی به نتایج مطلوب از اهمیت زیادی برخوردار است. این پژوهش با هدف بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و مطالعه نحوه کنترل ژنتیکی و وراثت‌پذیری عملکرد و اجزای عملکرد با استفاده از پنج رقم متنوع گندم و هیبریدهای F_1 حاصله از آن‌ها جهت تعیین بهترین روش اصلاحی و انتخاب ارقام و هیبریدهای برتر انجام گرفت.
واژه‌های کلیدی: ترکیب‌پذیری، دای‌الل، عملکرد و وراثت‌پذیری، گندم	مواد و روش‌ها: در این بررسی برای تهیه مواد ژنتیکی پنج ژنوتیپ گندم نان شامل کوهدشت، لاین ۱۷، کریم، قابوس و آسمان در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کشاورزی گنبد کاووس در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷ به روش تلاقی نیمه دای‌الل با یکدیگر تلاقی و در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۳۹۸ پنج والد به همراه ۱۰ هیبرید F_1 آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه کشت و مورد بررسی قرار گرفتند. در مجموع صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد دانه پر در سنبله، طول سنبله (سانتی‌متر)، وزن هزاردانه (گرم)، عملکرد (گرم/مترمربع) یادداشت‌برداری/ اندازه‌گیری شدند.
	یافته‌ها: معنی‌دار شدن اثرات در تجزیه واریانس ساده صفات بیانگر وجود تفاوت ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی و امکان ادامه تجزیه به روش دای‌الل بود. بر اساس نتایج تجزیه ژنتیکی بر اساس روش دو مدل B گریفینگ، ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای همه صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده تأثیر هم‌زمان اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل

صفات است ولی سهم اثرات ژنی افزایشی برای تمامی صفات به جز وزن هزاردانه بیش تر از اثرات ژنی غیرافزایشی بود. بهترین ترکیب شونده از حیث افزایش طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد رقم آسمان شناخته شد. هم چنین بهترین ترکیب شونده از نظر صفات زودرسی و پاکوتاهی رقم لاین ۱۷ با کم ترین ترکیب پذیری عمومی شناخته شد. بهترین دورگ برای صفات وزن هزاردانه و عملکرد هیبرید لاین ۱۷ × کوهدشت بود که بیش ترین ترکیب پذیری خصوصی را داشت. نتایج آزمون مقدماتی دلالت بر صحت فرضیات مدل جینکز و هیمن تنها برای صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، عملکرد بوته بود. بررسی پارامترهای ژنتیکی هیمن بیانگر معنی دار بودن پارامترهای D و HI بود اما سهم بالای واریانس D نشان داد که اثرات ژنی افزایشی ژن ها در کنترل ژنتیکی این صفات بیش ترین اهمیت را داشت. میزان وراثت پذیری خصوصی نیز از ۰/۶۳ در صفت تعداد دانه در سنبله تا ۰/۹۳ برای ارتفاع بوته متغیر بود.

نتیجه گیری کلی: نتایج گریفینگ و هیمن بیانگر تأثیر توام واریانس افزایشی و غیرافزایشی برای تمامی صفات بود. اما مقادیر پایین میانگین درجه غالبیت و قطع کردن خط رگرسیون در بخش مثبت محور Wr و هم چنین معنی دار بودن نسبت GCA/SCA بیانگر سهم بالای اثرات افزایشی در کنترل این صفات بود. بنابراین برای اصلاح این صفات با توجه به اهمیت اثرات افزایشی، روش گزینش و انتخاب می تواند روش مناسبی باشد.

استناد: آهنگر، لیلا، قوجق، حسن (۱۴۰۱). برآورد اثرات ژنی و ترکیب پذیری صفات عملکرد و اجزای عملکرد در گندم نان.

نشریه پژوهش های تولید گیاهی، ۲۹ (۴)، ۱۳۹-۱۲۱.

DOI: 10.22069/JOPP.2022.19844.2906



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

گندم اولین غله مهم دنیاست که بیش از ۲۰ درصد کالری و پروتئین را در رژیم غذایی انسان فراهم می‌کند و غذای اصلی بیش از ۴۰ درصد مردم جهان می‌باشد (۱). در ایران نیز گندم منبع اصلی تامین پروتئین و کالری بوده و به میزان ۴۵ درصد پروتئین و حدود ۵۵ درصد از کالری مورد نیاز مردم کشور را تامین می‌نماید (۲). با توجه به این‌که بیش‌تر زمین‌های قابل استفاده برای کشاورزی در حال حاضر زیر کشت می‌باشند و از آن‌جا که افزایش تولید از طریق افزایش سطح زیرکشت بسیار مشکل است، راهکارهای افزایش تولید در واحد سطح بیش از پیش مورد توجه قرار گرفته‌اند (۳). بنابراین جایگزین کردن ارقام اصلاح شده به‌جای ارقام بومی می‌تواند راهکار مناسب برای حل این مشکل به‌شمار رود. امروزه آگاهی از اطلاعات ژنتیکی عامل مهمی در پژوهش‌های به‌نژادی تلقی می‌گردد (۴). بنابراین تعیین روش‌های اصلاحی و گزینش مطلوب والدین، شانس اصلاح و ارتقاء ژنتیکی در گندم و هر گیاه دیگر را به‌طور چشمگیری افزایش می‌دهد. مطالعه بر روی اجزای ژنتیکی و قدرت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) می‌تواند به‌نژادگر را در انتخاب روش‌های اصلاحی به‌منظور تولید هیبرید کمک کند (۵). بنابراین به‌منظور شناخت ساختار ژنتیکی صفات، مدل‌های ژنتیکی - بیومتری مختلفی پیشنهاد شده است که از بین آن‌ها تجزیه و تحلیل براساس روش‌های پیشنهادی گریفینگ (۱۹۵۶) و هیمن (۱۹۵۴) از سایر روش‌ها مشهورتر می‌باشند (۶ و ۷). این روش توسط بسیاری از متخصصان اصلاح نباتات جهت تجزیه و تحلیل صفات کمی در ارتباط با وضعیت ژن‌ها، نحوه انتقال آن‌ها و تجزیه و تحلیل تنوع استفاده شده است (۸ و ۹). مطالعات افتخاری و همکاران (۲۰۱۷) طی بررسی بذور دورگ

F₂ گندم به همراه ۹ والد آن‌ها تحت تنش خشکی نشان دادند که اثر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات وزن هزاردانه، طول ساقه، تعداد روز تا رسیدگی و طول پدانکل در سطح آماری یک درصد معنی‌دار بود. نتایج اثرات ژنی بیانگر سهم بالای واریانس غیرافزایشی برای عملکرد دانه بود. از سویی میزان وراثت‌پذیری عمومی بالای ۵۵ درصد برای بیش‌تر صفات، بیانگر دخیل بودن بالای اثرات ژنتیکی در کنترل صفات بود (۱۰). نتایج مطالعات کاندیل و همکاران (۲۰۱۶) بر روی جمعیت حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل از ۸ ژنوتیپ گندم بیانگر معنی‌دار شدن میانگین مربعات SCA و GCA برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد در جمعیت حاصله بود. رقم Sids12 به‌عنوان بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای تمامی صفات به‌جز تعداد دانه در سنبله انتخاب گردید. از سویی این پژوهش‌گران با توجه به اهمیت اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل تمامی صفات به‌جز وزن هزاردانه، روش اصلاحی مبتنی بر انتخاب را برای اصلاح این صفات بسیار مناسب دانستند (۱۱). هم‌چنین اهمیت اثرات ژنتیکی افزایشی و غیرافزایشی در کنترل عملکرد و اجزای آن در گندم توسط آدل و علی (۲۰۱۳) و شریف و همکاران (۲۰۰۶) گزارش گردید (۱۲ و ۱۳). عبدالرحمان رشید و همکاران (۲۰۱۲) با استفاده از پنج رقم گندم نان به روش نیمه دی‌آلل نشان دادند که بین ژنوتیپ‌ها برای عملکرد و اجزای آن اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد دیده می‌شود. نمودار گرافیکی هیمن نیز 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 اثرات فوق غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود (۱۴). مطالعات اجاقی و آخوندی (۲۰۱۰) بر روی هشت والد گندم نان براساس طرح نیمه دی‌آلل بیانگر معنی‌دار بودن اثرات

شرقی و ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه عرض شمالی است. ارتفاع ایستگاه نیز ۴۵ متر بالاتر از سطح دریا می‌باشد و میانگین بارندگی سالانه ۴۳۵ میلی‌متر است. هر کدام از نتاج F_1 و والدین در یک ردیف ۲ متری با فاصله ۲۰ سانتی‌متر بین ردیف و ۵ سانتی‌متر روی ردیف کاشته شدند. عملیات زراعی به‌طور یکنواخت برای همه تکرارها انجام گرفت. بدین منظور در زمان کشت ۷۵ کیلوگرم کود سوپرفسفات تریپل و ۵۰ کیلوگرم کود اوره در هکتار به خاک اضافه گردید. در زمان پنجه‌دهی میزان ۵۰ کیلوگرم اوره در هکتار به‌عنوان سرک استفاده شد. برای کنترل علف هرز از علفکش دومنظوره آتلانتیس به میزان ۱/۵ لیتر در هکتار استفاده شد. صفات مورد ارزیابی شامل تعداد روز تا ظهور سنبله که برای تعیین این صفت ۵۰ درصد کرت ملاک بود. سپس در پایان دوره رشدی صفات زراعی شامل ارتفاع بوته (سانتی‌متر) با اندازه‌گیری ارتفاع بوته از محل طوقه تا انتهای بلندترین سنبله، تعداد دانه پر در هر سنبله، با شمارش تعداد دانه در سنبله‌هایی که به‌طور تصادفی در هر کرت انتخاب شدند، طول سنبله (سانتی‌متر) با اندازه‌گیری انتهای پدانکل تا نوک آخرین سنبلچه، وزن هزاردانه (گرم) با انتخاب تصادفی نمونه از توده بذر و شمارش و توزین آن و عملکرد (گرم/مترمربع) اندازه‌گیری شد.

نرمال بودن داده‌ها با استفاده از روش کولموگروف-اسمیرنوف ارزیابی شد. جهت بررسی اختلاف نتاج نسل اول و والدین، داده‌ها تجزیه واریانس شدند. پس از معنی‌دار بودن واریانس ارقام و هیبریدها، تجزیه دای‌الل توسط روش دو مدل B گریفینگ (۱۹۵۶) و روش هیمن-جینکز (۱۹۵۳) انجام شد (۶ و ۱۶). بر این اساس مجموع مربعات ژنوتیپ به دو جزء ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) تفکیک شد. اثرات

ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای عملکرد، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته بود که نشان‌دهنده نقش هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفات می‌باشد. درحالی‌که برای صفات تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته سهم اثرات افزایشی و برای صفات تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد پنجه در بوته سهم اثرات فوق‌غالبیت بیش‌تر بود (۱۵). ارقام کوهدشت، لاین ۱۷، کریم، قابوس و آسمان با توجه به ضریب نفوذ آن‌ها در منطقه و سازگاری نسبی تا خوب به شرایط اقلیمی منطقه گنبدکاووس در شرایط دیم از اهمیت بالایی برخوردار می‌باشند. بنابراین با توجه به اهمیت استراتژیکی گندم و اهمیت اطلاع از ساختار ژنتیکی گیاهان برای اجرای یک طرح اصلاحی موفق، این پژوهش در قالب طرح دای‌الل یک‌طرفه جهت بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و مطالعه نحوه کنترل ژنتیکی و وراثت‌پذیری برخی از صفات کمی جهت تعیین نوع روش اصلاحی و انتخاب ارقام و هیبریدهای برتر حاصل از این ارقام و هم‌چنین کاربرد نتایج این مطالعات در برنامه‌های اصلاحی آتی انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

در این بررسی پنج ژنوتیپ گندم نان شامل کوهدشت، لاین ۱۷، کریم، قابوس و آسمان به‌دست آمده از ایستگاه تحقیقات کشاورزی گنبدکاووس، در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷ به روش تلاقی نیمه دای‌الل با یکدیگر تلاقی داده شدند (جدول ۱). در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۳۹۸ پنج والد مورد بررسی به همراه ۱۰ هیبرید F_1 آن‌ها به‌صورت طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار در همان مرکز کشت گردیدند. مشخصات جغرافیایی ایستگاه تحقیقات کشاورزی گنبدکاووس به ترتیب ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه طول

تفسیر آن از طریق محاسبه ضریب رگرسیون W_r روی V_r انجام شد. در صورت این‌که شیب خط رگرسیون تفاوت معنی‌داری با یک ($\beta=1$) نداشته باشد و با صفر تفاوت معنی‌دار برای صفات مورد مطالعه داشته باشد، فرضیات هیمن برقرار می‌باشد و امکان برآورد پارامترهای ژنتیکی از جمله قابلیت توارث امکان‌پذیر می‌باشد. در روش هیمن هم‌چنین برای تجزیه و تحلیل بهتر از روش گرافیکی استفاده شد. برای تجزیه داده‌ها از نرم‌افزارهای SAS V.9.1 (۱۷) و AGD-R V. 5 (۱۸) استفاده شد.

ترکیب‌پذیری عمومی برای هر رقم (g_i) و ترکیب‌پذیری خصوصی برای هر دورگ (S_{ij}) محاسبه و آزمون معنی‌دار بودن آن‌ها با استفاده از آزمون t انجام شد. هم‌چنین از تقسیم واریانس ترکیب‌پذیری عمومی به واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی و تست آن با آزمون F به طور تقریبی نوع اثر ژن مشخص گردید. در روش هیمن-جینکز به منظور برقراری فرضیات هیمن ابتدا واریانس ردیف (V_r) و کوواریانس هر ردیف با والد غیرمشترک (W_r) محاسبه و سپس از تجزیه واریانس $W_r - V_r$ استفاده گردید. هم‌چنین وجود اثرات متقابل ژنی و

جدول ۱- مشخصات ارقام و لاین‌های والدینی در تجزیه دی‌آلل گندم نان.

Table 1. Characteristic of cultivars and parents lines in diallel cross of bread wheat.

ژنوتیپ	تیپ رشدی	شجره	وزن هزاردانه (گرم)	مقاومت به خشکی
Genotype	Growth type	Pedigree	1000-seed weight	Drought resistance
کوه‌دشت	بهاره	TR8010200-29R	38	نیمه مقاوم
Kohdasht	Spring			Semi-Resistant
کریم	بهاره	T.AEST/SPRWS//CA8055/3/BACANORA86	36	مقاوم
Karim	Spring			Resistant
لاین ۱۷	بهاره	JUP/ALDS//ATT"S"/VEE"S"/3/	35	نیمه حساس
Line 17	Spring			Semi-sensitive
قابوس	بهاره	KAUZ/PASTOR//BAV92/RAYON	33	مقاوم
Qaboos	Spring			Resistant
آسمان	بهاره	KABY/4/TEU2/3/URES/FUN//KAUZ	30	مقاوم
Aseman	Spring			Resistant

نتایج و بحث

مورد بررسی (والدین به همراه F_1 ها) از نظر تمامی صفات مورد ارزیابی اختلاف معنی‌داری را در سطح آماری ($P < 0.01$) نشان دادند که بیانگر وجود تنوع در واریانس ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد بررسی است. بنابراین انجام تجزیه و تحلیل دی‌آلل به روش گریفینگ و هیمن برای صفات مورد مطالعه امکان‌پذیر است. میزان ضریب تغییرات بین ۱/۴۴ برای صفت

نتایج تست بر اساس روش کولموگروف-اسمیرنوف، بیانگر نرمال بودن داده‌ها برای صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، ارتفاع بوته، تعداد دانه پر در هر سنبله، طول سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد بود (جدول ۲). نتایج تجزیه واریانس برای صفات مورد بررسی در جدول ۳، درج شده است. ژنوتیپ‌های

تعداد روز تازهور سنبله تا ۵/۸ برای صفت عملکرد متغیر بود که بیانگر دقت کافی در اندازه‌گیری است. تجزیه گریفینگ صفات مورد بررسی: نتایج حاصله از تجزیه واریانس به روش گریفینگ بیانگر معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) برای صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، ارتفاع بوته، تعداد دانه پر در هر سنبله، طول سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد بود (جدول ۴). معنی‌دار بودن هم‌زمان دو اثر GCA و SCA در سطح آماری یک درصد بر این دلالت دارد که در کنترل تمامی صفات هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی نقش داشته‌اند. در حالی‌که معنی‌دار بودن نسبت GCA/SCA نشانگر اهمیت بیش‌تر اثرات افزایشی زن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات مذکور به جز وزن هزاردانه بود. علی‌خوخار و همکاران (۲۰۱۹)، نیز طی مطالعه بر روی ۶ ژنوتیپ گندم در قالب یک طرح نیمه‌دای‌الل، اثرات GCA و SCA معنی‌داری را برای صفت روز تا ظهور سنبله گزارش نمودند اما سهم اثرات افزایشی را در کنترل صفت مهم‌تر دانستند (۱۹). محمدی و خدامباشی (۲۰۰۸) طی مطالعات بر روی ژنوتیپ‌های گندم بالای سهم بالاتری از اثرات افزایشی را در کنترل صفات ارتفاع بوته، عملکرد، طول برگ پرچم و طول سنبله گزارش نمودند (۲۰). نتایج به‌دست آمده هم‌چنین با نتایج خواهانی و همکاران (۲۰۱۸)، طوسی مجرد و قنادها (۲۰۰۸) و فلاحی و همکاران (۲۰۱۵) مطابقت داشت (۲۱، ۲۲ و ۲۳). نتایج مطالعات پروین و همکاران (۲۰۱۸) بر روی ۵ ژنوتیپ گندم در یک تلاقی دای‌الل دوطرفه نیز بیانگر سهم بالایی از اثرات غیرافزایشی در کنترل صفت وزن هزاردانه بود (۲۴).

تفکیک مقادیر اثرات قابلیت ترکیب‌پذیری والدین و هیبریدها به روش گریفینگ برای صفات مختلف در جدول‌های ۵ و ۶ ارائه شده است. زمانی که اثرات

ترکیب‌پذیری عمومی در دو حد مثبت و منفی معنی‌دار می‌باشد، به این معناست که آن والدین به‌ترتیب قادر به انتقال میزان بالا و یا پائین یک صفت می‌باشند. بنابراین به‌نژادگر بر اساس هدف اصلاحی می‌تواند هر یک از والدین را انتخاب نماید. بالاترین مقدار ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برای صفت تعداد روز تا ظهور سنبله به رقم کوهدشت (۱/۲۲) و کم‌ترین آن به والدین لاین ۱۷ (۱/۲۹-) و آسمان (۰/۶۲-) اختصاص داشت (جدول ۵). بنابراین می‌توان از والدین لاین ۱۷ و آسمان، جهت تولید دورگ‌هایی با تعداد روز تا ظهور سنبله کم‌تر استفاده نمود. دورگ آسمان × لاین ۱۷، با بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار (۱/۴۱) بدترین و دورگ‌های کریم × قابوس (۱/۵۳-) و کوهدشت × آسمان (۱/۱۱-) با بیش‌ترین اثر SCA منفی و معنی‌دار بهترین دورگ برای کاهش صفت تعداد روز تا ظهور سنبله بود (جدول ۶). نتایج نشان داد که والدین لاین ۱۷، کوهدشت و کریم به ترتیب بیش‌ترین مقدار ترکیب‌پذیری عمومی منفی و معنی‌دار را برای صفت ارتفاع بوته به خود اختصاص دادند که اختلاف قابل‌توجهی با سایر والدین داشتند. بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار نیز در والد آسمان (۱۴/۳۵) مشاهده گردید (جدول ۵). با توجه به این‌که در گندم اثرات ترکیب‌پذیری منفی برای ارتفاع بوته مطلوب است بنابراین والدین لاین ۱۷، کوهدشت و کریم پتانسیل مناسب جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی برای کاهش صفت مذکور را دارند. هم‌چنین دورگ لاین ۱۷ × کریم، با بیش‌ترین مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی منفی و معنی‌دار (۲/۴۴-) بهترین دورگ برای کاهش صفت ارتفاع بوته بود (جدول ۶). نتایج نشان داد که برای صفت طول سنبله والد آسمان تنها والد با ترکیب‌پذیری مثبت و معنی‌دار (۲/۰۳) بود (جدول ۵). با توجه به تأثیر مثبت طول

بدترین دورگ برای صفت وزن هزاردانه بودند (جدول ۶). مطالعات ترکیب‌پذیری بیانگر آن بود که سه والد قابوس، کریم و آسمان به ترتیب با مقادیر بالا و معنی‌دار GCA (۱۹/۹، ۵/۹ و ۴/۷۸) بهترین والد برای افزایش عملکرد در برنامه اصلاحی بودند. در حالی‌که والد لاین ۱۷ با بیش‌ترین GCA منفی و معنی‌دار (۲۸/۹-) بدترین والد برای کاهش عملکرد دانه محسوب گردید (جدول ۵). دورگ‌های لاین ۱۷ × کوهدشت (۲۰/۸۷)، لاین ۱۷ × کریم (۱۱/۹) و کوهدشت × کریم (۱۱/۶۸) با بیش‌ترین SCA مثبت و معنی‌دار بهترین دورگ برای بهبود صفت مذکور بودند.

تجزیه ژنتیکی هیمن: به منظور بررسی اعتبار فرضیات دای‌الل هیمن، آزمون همگنی مقدار ($W_r - V_r$) و آزمون شیب خط رگرسیون به روش جینکز و هیمن انجام شد (جدول ۷). نتایج آزمون بیانگر غیرمعنی‌دار بودن مقایسه میانگین مربعات $W_r - V_r$ برای تمامی صفات بود. اما از سوی دیگر تجزیه دای‌الل هیمن زمانی معتبر و از استنباط درستی برخوردار است که ضریب رگرسیون W_r روی V_r به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک باشد. در نتایج آزمون ضریب رگرسیون این پژوهش برای هیچ‌یک از صفات مورد مطالعه به جزء تعداد روز تا ظهور سنبله تفاوت معنی‌دار از یک مشاهده نشد. برای آزمون ضریب رگرسیون تفاوت معنی‌داری از صفر، برای همه صفات به‌جز وزن هزاردانه مشاهده شد. بنابراین صحت فرضیات هیمن - جینکز برای تجزیه دای‌الل که عدم وجود اثر متقابل غیرآلی کنترل‌کننده صفات در والدین مورد تلاقی است، تنها برای چهار صفت ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و عملکرد تأیید گردید. بنابراین می‌توان تجزیه و تحلیل پارامترهای ژنتیکی و گرافیکی دای‌الل را به‌طور کامل برای این صفات انجام داد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس به روش هیمن - جینکز نشان داد که جزء a که برآوردی از ترکیب‌پذیری عمومی می‌باشد در تمام

سنبله در پر شدن دانه‌ها در شرایط تنش می‌توان از این لاین در برنامه‌های دورگ‌گیری برای تولید ارقام هیبرید در جهت افزایش طول سنبله و در نتیجه برای میزان بالایی از عملکرد دانه بهره‌جست (۲۵ و ۲۶). در حالی‌که سایر والدین مقادیر منفی از ترکیب‌پذیری عمومی برای صفت طول سنبله نشان دادند که کم‌ترین میزان GCA در لاین ۱۷ (۰/۸۴-) دیده شد. هم‌چنین دورگ آسمان × لاین ۱۷، با بیش‌ترین مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار (۲/۰۶) در زمره دورگ‌های برتر برای افزایش صفت طول سنبله قرار گرفت (جدول ۶). بیش‌ترین مقدار ترکیب‌پذیری GCA برای صفت تعداد دانه در سنبله در والد قابوس (۱/۵۴) و آسمان (۰/۷۳) مشاهده شد. بیش‌ترین GCA منفی نیز در والدین لاین ۱۷ و کوهدشت با مقدار مشابه (۱/۴-) دیده شد (جدول ۵). با توجه به این‌که قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی بر مبنای اثر افزایشی ژن‌ها بوده است و صفت تعداد دانه در سنبله یکی از اجزای مهم عملکرد می‌باشد بنابراین والد‌هایی که دارای قابلیت ترکیب‌پذیری مثبت و بالا بودند را می‌توان در جهت تولید ارقام ترکیبی استفاده نمود. هم‌چنین دورگ آسمان × کوهدشت با بیش‌ترین مقدار SCA مثبت و معنی‌دار (۱/۵) در زمره دورگ‌های برتر برای صفت تعداد دانه در سنبله قرار گرفت (جدول ۶). بر اساس نتایج (جدول ۵)، بیش‌ترین مقدار GCA مثبت و معنی‌دار برای صفت وزن هزاردانه در والدین آسمان (۰/۹) و کوهدشت (۰/۵) مشاهده شد که اهمیت بالایی در برنامه به‌نژادی در جهت بهبود صفت دارا بودند. در حالی‌که بیش‌ترین GCA منفی و معنی‌دار در والد لاین ۱۷ (۰/۹-) مشاهده شد. هم‌چنین دورگ‌های لاین ۱۷ × کوهدشت (۲/۶) و قابوس × آسمان (۱/۱۴) با بیش‌ترین مقدار SCA و دورگ کوهدشت × آسمان با کم‌ترین مقدار SCA (۱/۶۴-) به ترتیب بهترین و

والدین را تعیین می‌کند برای صفات ارتفاع گیاه و طول سنبله معنی‌دار بود که نشان‌دهنده وجود هتروزیس در کنترل این صفات است. آماره b2 که هتروزیس خاص هر والد را نشان می‌دهد برای همه صفات به جز تعداد دانه در سنبله معنی‌دار ($P < 0.01$) شد، بنابراین توزیع آلل‌های غالب- مغلوب برای این صفات نامتقارن است. آماره b3 که برابر با ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیه‌گریفینگ است (۲۷) برای تمام صفات به جز تعداد دانه در سنبله در سطح یک درصد معنی‌دار بود که نتایج حاصل از تجزیه‌گریفینگ را مورد تأکید قرار داد.

صفات مورد مطالعه در سطح یک درصد معنی‌دار می‌باشد. بنابراین واریانس ژنتیکی افزایشی برای تمامی این صفات نقش داشت (جدول ۸). پارامتر b که دلالت بر عمل ژن‌ها با اثر غیرافزایشی و غالبیت دارد برای تمامی صفات در سطح آماری ($P < 0.01$) و برای صفت تعداد دانه در سنبله در سطح آماری ($P < 0.05$) معنی‌دار بود. شایان ذکر است که تجزیه‌های بعدی داده‌ها به روش هم‌چنین زمانی معتبر است که جز b نیز معنی‌دار باشد. آماره b به اجزای b1، b2 و b3 تفکیک می‌شود. شاخص b1 که مقایسه بین میانگین دورگ‌های F_1 و متوسط

جدول ۲- نتایج تست نرمال بودن داده‌های مربوط به صفات مورد ارزیابی.

Table 2. Normality test analysis of data related to evaluated traits.

منابع تغییرات Source of variance	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ²)
Statistic	0.195	0.141	0.202	0.191	0.122	0.165
sig	0.13 ^{ns}	0.2 ^{ns}	0.1 ^{ns}	0.14 ^{ns}	0.2 ^{ns}	0.2 ^{ns}

^{ns} غیر معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد

^{ns} non-significant at 5 probability levels, respectively

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات ریخت‌شناسی، عملکرد و اجزای عملکرد در گندم.

Table 3. Analysis of variance of morphological, field and its components traits in wheat.

منابع تغییرات Source of variance	df	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ²)
Repeat	تکرار	2	0.28 ^{ns}	0.09 ^{ns}	0.26*	0.42 ^{ns}	25.69 ^{ns}
Parents	والدین	4	17.73**	802.06**	12.9**	17.16**	135.5**
Hybrids	تلاقی‌ها	9	4.2**	386.98**	10.27**	10.01**	1696.3**
Genotype	ژنوتیپ	14	7.8**	492.83**	10.85**	11.49**	2541.50**
CV	ضریب تغییرات	-	1.44	3.57	5.48	3.08	5.85
Error	خطا	28	0.71	1.35	0.048	1.01	28.81

^{ns}، * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}، * and ** non-significant and significant at 5 and 1% probability levels, respectively

جدول ۴- تجزیه واریانس دای ال صفات اندازه گیری شده در گندم بر اساس روش دوم مدل گریفینگ به همراه مقادیر واریانس ترکیب پذیری عمومی و خصوصی.

Table 4. Diallel analysis of variance of traits measured in wheat based on the second method of Griffing model along with General and Specific combining ability values.

منابع تغییرات Source of variance	df	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
GCA ترکیب پذیری عمومی	4	20.7**	1623.99**	28.68**	34.2**	11.01**	6798.32**
SCA ترکیب پذیری خصوصی	10	2.6**	40.37**	3.72**	2.4*	5.37**	838.77**
MS(GCA)/MS(SCA)	-	7.98**	40.22**	7.70**	14.25**	2.05	8.1**
δ^2_{gca} واریانس ترکیب پذیری عمومی	-	0.86	75.4	1.18	1.5	0.26	283.7
δ^2_{sca} واریانس ترکیب پذیری خصوصی	-	0.64	13.03	1.22	0.47	1.65	270.05
$\delta^2_{gca} / \delta^2_{sca}$	-	1.34	5.7	0.96	3.15	0.16	1.05
δ^2_e واریانس محیطی	-	0.68	1.26	0.048	0.97	0.42	28.6

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5 and 1% probability levels, respectively

جدول ۵- برآورد قابلیت ترکیب پذیری عمومی والدین برای صفات اندازه گیری شده در گندم.

Table 5. Estimation of parents' general combinability for traits measured in wheat.

والدین Parents	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
Line17 لاین ۱۷	-1.29**	-7.89**	-0.84**	-1.4**	-0.9**	-28.93**
Koohdasht کوهداشت	1.22**	-5.36**	-0.07	-1.2**	0.5*	-1.70
Karim کریم	0.6*	-2.98**	-0.66**	0.35	-0.13	5.92**
Qaboos قابوس	0.085	1.88**	-0.45**	1.54**	-0.38*	19.92**
Aseman آسمان	-0.62*	14.35**	2.03**	0.73*	0.92**	4.78*
S.E (gi)	0.16	0.22	0.04	0.19	0.12	1.04

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5 and 1% probability levels, respectively

جدول ۶- برآورد قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی صفات ارزیابی شده تلاقی‌ها.

Table 6. Estimation of the specific combining abilities of the evaluated traits.

تلاقی‌ها Crosses	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
1×2	-0.77	-1.06	0.43**	-1.01	2.6**	20.87**
1×3	-0.51	-2.44**	-0.25*	0.41	0.156	11.92**
1×4	0.031	1.37*	0.64**	0.88	-1.59**	3.59
1×5	1.41**	4.56**	2.06**	-0.63	-1.26**	-25.94**
2×3	0.31	4.37**	-0.79**	-0.44	0.41	11.68**
2×4	0.84	2.17**	-0.60**	1.03	-0.37	8.68**
2×5	-1.11*	3.03**	0.92**	1.5*	-1.64**	-17.17**
3×4	-1.53**	-0.54	0.52**	0.46	0.49	-7.94*
3×5	0.174	3.32**	0.74**	0.27	0.43	-11.13**
4×5	0.69	0.46	-0.70**	-0.92	1.14**	4.21
S.E (sij)	0.42	0.56	0.11	0.49	0.32	2.69

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5 and 1% probability levels, respectively

والدین: ۱- لاین ۱۷، ۲- کوه‌دشت، ۳- کریم، ۴- قابوس، ۵- آسمان

Parents: 1- Line17, 2- Kuhdasht, 3- Karim, 4- Qaboos, 5- Aseman

هزاردانه و عملکرد بوته دخالت دارند، اما سهم اثرات افزایشی برای صفات ارتفاع و عملکرد در بوته بیش‌تر بود (۲۸). آماره F (میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت) تنها برای صفات ارتفاع بوته ($P < 0/01$) و عملکرد بوته معنی‌داری ($P < 0/05$) شد، که به معنی عدم تساوی فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین بود. از سویی مثبت بودن علامت این پارامتر برای صفات عملکرد بیانگر این است که آلل‌های غالب صرف نظر از مثبت یا منفی بودن در بین والدین فراوانی بیشتری دارند. در مطالعه‌ای بر روی نسل‌های F_1 و F_2 حاصل تلاقی دو

برآورد صفات ژنتیکی و شاخص‌های آماری بیانگر معنی‌دار شدن واریانس افزایشی (D) و واریانس‌های غالبیت H1 و H2 برای تمامی صفات به‌جز تعداد دانه در سنبله بود که بیانگر نقش هم‌زمان اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفات بود (جدول ۹). اما مقادیر بالای میزان شاخص ژنتیکی D بیانگر سهم بالای اثرات افزایشی در کنترل این صفات بود. نتایج دیگری از یک بررسی دای‌آلل با ۷ ژنوتیپ گندم نشان داد که اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها به‌طور مشترک در توارث صفات ارتفاع گیاه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن

میزان وراثت پذیری خصوصی (h^2n) که بیانگر سهم واریانس افزایشی در کنترل صفات است در صفت تعداد دانه در سنبله (۰/۶۳) دیده شد، درحالی که صفات ارتفاع بوته با میزان ۰/۹۳ درصد بیشترین میزان وراثت پذیری خصوصی را نشان داد.

پراکنش والدین در طول خط رگرسیون بیانگر سهم نسبی ژنهای غالب و مغلوب و یا هر دو در والدین می باشد (۳۱). بنابراین برای صفت ارتفاع بوته والد شماره ۵، تعداد دانه در سنبله والد شماره ۴، طول سنبله والد شماره ۴ و ۵ و عملکرد بوته والد شماره ۳ به دلیل نزدیک بودن به مبدا مختصات بیشترین آلل غالب را دارا بودند. در حالی که بیشترین آلل مغلوب برای صفت ارتفاع بوته در والد شماره ۱، ۲ و ۳، تعداد دانه در سنبله در والد شماره ۲، طول سنبله در والد شماره ۱ و عملکرد بوته در والد شماره ۵ دیده شد (شکل ۱). سایر والدین دارای مقادیر مساوی از آللهای غالب و مغلوب بودند. بنابراین با توجه به توزیع والدین چنانچه صفتی در حالت مغلوب مورد توجه و اهمیت باشد از والدینی با حداکثر آلل مغلوب در انتقال این صفت استفاده می گردد و برعکس ارقام با آللهای غالب در کنترل صفاتی که در حالت غالبیت مطلوب می باشند نقش بسیار مهمی دارند. در صفات تعداد دانه در سنبله، ارتفاع گیاه، طول سنبله و عملکرد بوته خط رگرسیون محور Wr را در بخش مثبت قطع نمود که بیان کننده این است که در ارتباط با این صفات اثر غلبه نسبی ژنهای حاکم است (شکل ۱). نتایج تحلیل گرافیکی عمل ژن با نتایج شاخص میانگین درجه غالبیت برای صفات مذکور مطابقت داشت.

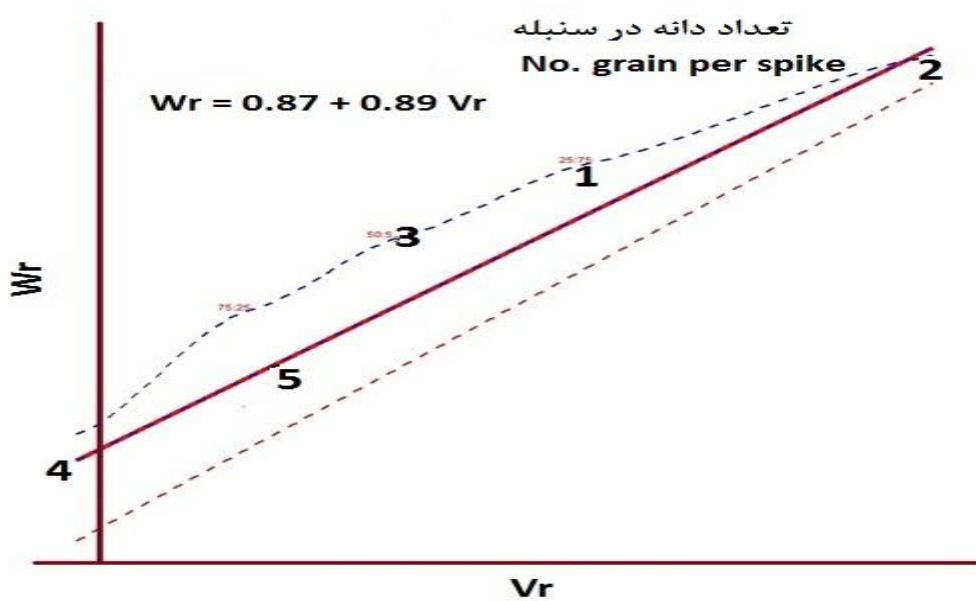
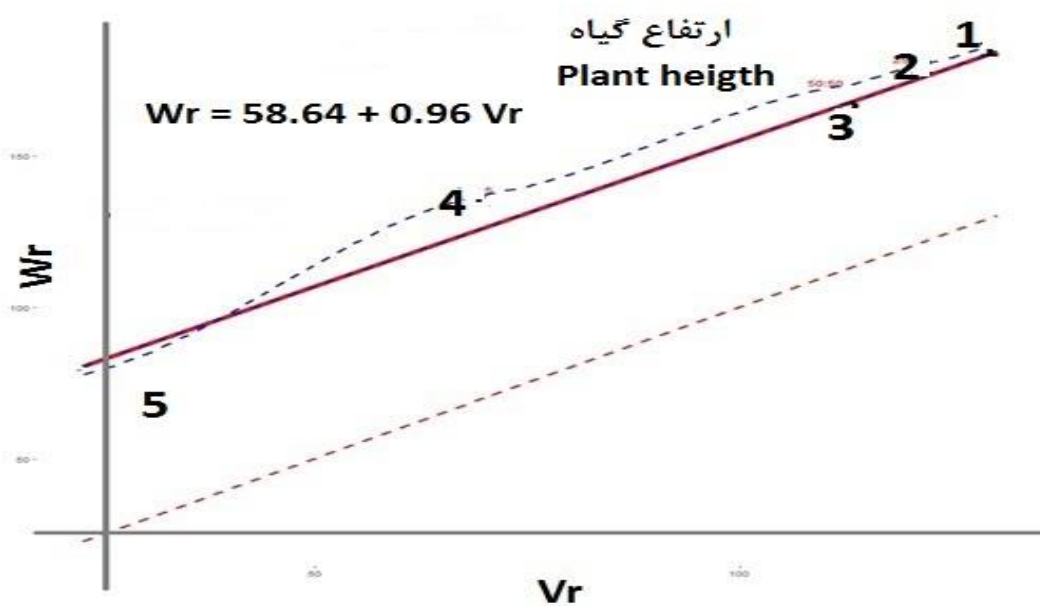
ژنوتیپ گندم در دو آزمایش مختلف مقادیر مثبتی از فاکتور F برای صفات طول خوشه، عملکرد و شاخص برداشت گزارش گردید (۲۹).

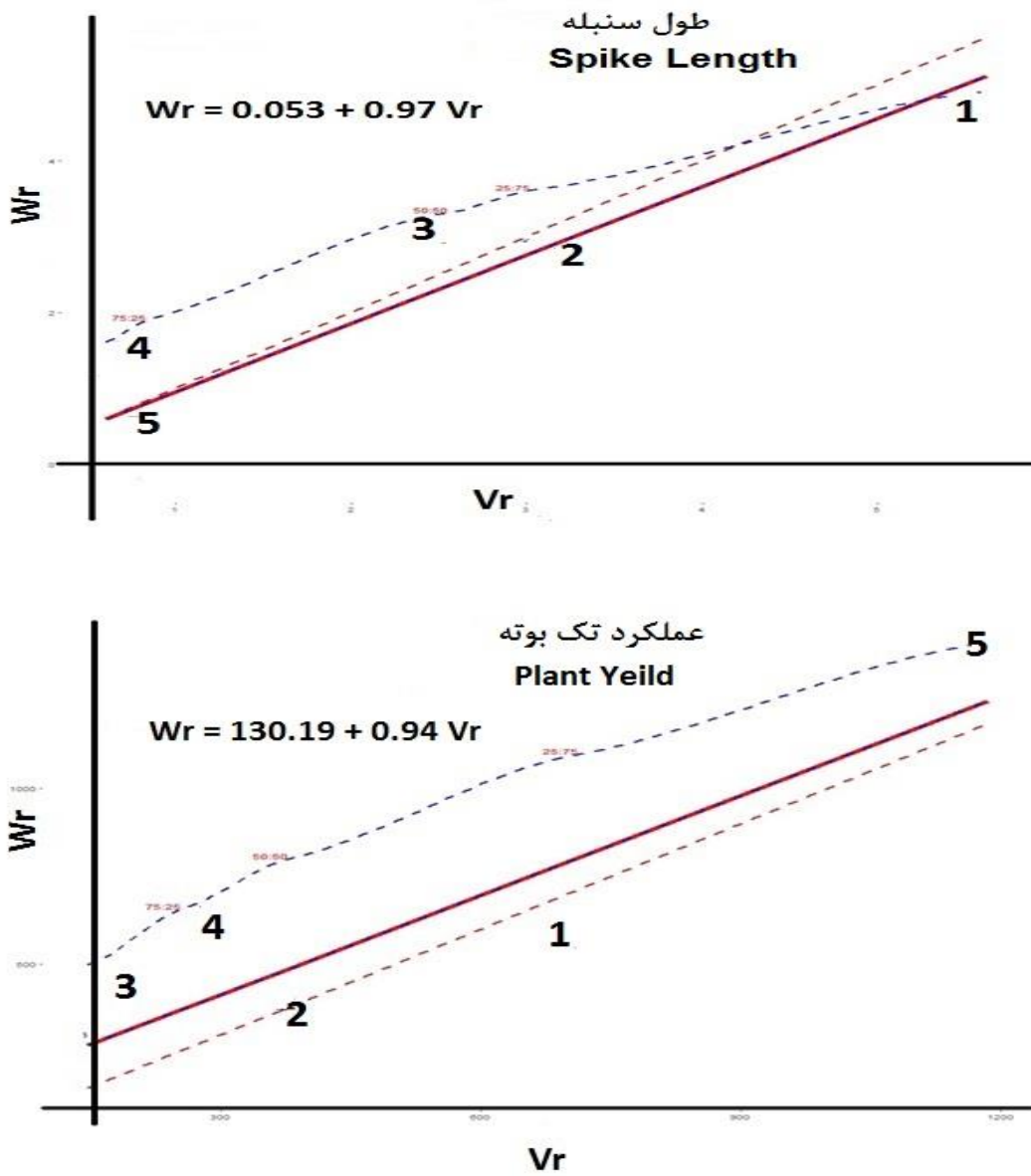
معنی دار بودن پارامتر واریانس محیطی E تنها برای صفات تعداد دانه در سنبله ($P < 0/01$) بیانگر سهم اثرات محیطی در بروز صفت مذکور است. جزء h^2 که شامل مجموع انحراف غالبیت بر روی تمام مکانهای ژنی در فاز هتروزیگوت در تمام تلاقیها است در صفات ارتفاع بوته و طول سنبله معنی دار بود که بیانگر جهت دار بودن غالبیت برای این صفات می باشد. میانگین درجه غالبیت برای صفات طول سنبله حدود یک برآورد گردید که بیانگر غالبیت کامل برای ژنهای کنترل کننده صفات بود و برای سایر صفات کم تر از واحد برآورد گردید که بیانگر وجود غالبیت نسبی است (جدول ۹)، به طوری که نتایج حاصله با نتایج حاصل از نسبت GCA/SCA در بخش گریفینگ منطبق می باشد. نتایج به دست آمده از پژوهش های عبدی و فتوکیان (۲۰۱۷)، زارع کوهان و حیدری (۲۰۱۲) با نتایج این پژوهش مبنی بر اهمیت نقش اثرات افزایشی ژن ها در کنترل صفات مورد مطالعه مطابقت داشت (۲۸ و ۳۰). همبستگی بین مقدار والدینی (Y_r) و ردیف والدین غالبیت (W_r+V_r) برای صفت عملکرد بوته مثبت ارزیابی شد که بیانگر آن است که افزایش در میزان صفت مذکور با آللهای مغلوب کنترل می شوند، درحالی که برای سایر صفات مقدار منفی همبستگی نشان دهنده این امر است که آللهای افزایش دهنده صفات مذکور غالب می باشند. میزان وراثت پذیری عمومی (h^2b) از ۰/۷ برای صفت تعداد دانه در سنبله تا مقدار ۰/۹۹ برای صفات ارتفاع بوته و طول سنبله متغیر بود. کمترین

زودرس بهره جست. با شناخت نحوه عمل ژن در صفات، انتخاب روش اصلاحی مناسب تسهیل خواهد شد. آنچه از مجموع نتایج هیمن و گریفینگ می‌توان نتیجه‌گیری کرد این است که واریانس افزایشی و غیرافزایشی برای همه صفات معنی‌دار بود که بیانگر آثار توأم اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفات می‌باشد. اما مقادیر پایین میانگین درجه غالبیت و قطع کردن خط رگرسیون در بخش مثبت محور Wt بیانگر سهم بالای اثرات افزایشی در کنترل این صفات است که با معنی‌دار بودن نسبت GCA/SCA در تجزیه گریفینگ مطابقت داشت. بنابراین با توجه به نتایج این پژوهش، تمامی صفات به صورت افزایشی کنترل شدند، بنابراین هر گونه روش اصلاحی که انتخاب از روی فنوتیپ باشد، می‌تواند برای اصلاح تمامی صفات مورد مطالعه مناسب باشد. از سویی نتایج بیانگر برتری دورگ‌های لاین $17 \times$ کوهدشت، لاین $17 \times$ کریم و کریم \times قابوس در صفات مورد ارزیابی بود که می‌توانند به عنوان ترکیب مناسب مورد مطالعه و پژوهش قرار گیرند و با انجام کارهای اصلاحی و گزینش بر روی نتایج آن‌ها می‌توان رقم جدیدی را برای منطقه گنبدکاووس معرفی نمود.

شناسایی ساختار ژنتیکی و قابلیت ترکیب‌پذیری ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و اجزای عملکرد که به پیشرفت در افزایش میزان تولید منجر شود، ارزشمند است. قابلیت ترکیب‌پذیری به‌عنوان یک ابزار تجزیه و تحلیل قابل قبول نه تنها برای انتخاب والدین مطلوب مفید است، بلکه اطلاعات مربوط به ماهیت و اهمیت اثرات ژنی مؤثر بر صفات کمی را در اختیار پژوهش‌گر قرار می‌دهد که می‌تواند در انتخاب درست اثرگذار باشد. نتایج حاصله از تجزیه گریفینگ بر روی ۵ ژنوتیپ گندم نشان داد که والد آسمان برای صفات زودرسی، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه و والد قابوس برای صفات تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه و همچنین والد لاین ۱۷ برای صفات زودرسی و ارتفاع گیاه می‌تواند بهترین والد در برنامه‌های دورگه‌گیری باشد.

در میان تلاقی‌ها، دورگ لاین ۱۷ \times کوهدشت برای صفات وزن هزاردانه و عملکرد دانه و دورگ لاین ۱۷ \times کریم برای صفات پاکوتاهی و عملکرد دارای بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی می‌باشند. همچنین می‌توان از دورگ کریم \times قابوس به‌عنوان بهترین دورگ در جهت تولید سینگل‌کراس‌های





شکل ۱- خط رگرسیون Wr بر روی Vr والدین: ۱- لاین ۱۷، ۲- کوهدشت، ۳- کویر، ۴- قابوس، ۵- آسمان.

Fig. 1. Regression line Wr on Vr for Grain yield Parents: 1- Line17, 2- Kohdasht, 3- Kavir, 4- Qaboos, 5- Aseman.

جدول ۷- بررسی فرضیات دای‌الل به روش هیمن برای صفات ریخت‌شناسی، عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم.

Table 7. Assay of diallel hypothesis using Hayman method for phonological, morphological traits, yield and its components in wheat genotypes.

پارامترها Parameters	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike Emergence Date	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزاردانه 1000 Grain Weight	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
b (Regression)	1.36	0.97	0.90	0.90	0.59	0.94
H ₀ : β = 0	16.04**	18.15**	4.77*	7.27**	0.93 ^{ns}	3.50*
H ₀ : β = 1	-4.28*	0.62 ^{ns}	0.53 ^{ns}	0.81 ^{ns}	0.63 ^{ns}	0.21 ^{ns}
W _r + V _r	280870.96 ^{ns}	370286.04 ^{ns}	50.02 ^{ns}	8684.37 ^{ns}	1452.81 ^{ns}	81932003.4 ^{ns}
W _r - V _r	449827.43 ^{ns}	314872.78 ^{ns}	16.91 ^{ns}	8439.37 ^{ns}	81932003.4 ^{ns}	77844772.6 ^{ns}

^{ns}, * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}, * and ** non-significant and significant at 5 and 1% probability levels, respectively

جدول ۸- تجزیه واریانس صفات ریخت‌شناسی، عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم بر اساس روش هیمن.

Table 8. Analysis of variance of morphological traits, yield and its components in wheat genotypes based on Hayman method.

منابع تغییرات	df	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
a	4	1623.99**	28.68**	34.20**	6798.32**
b	10	40.37**	3.72**	2.42*	838.77**
b1	1	208.54**	7.86**	2.18	1.34
b2	4	24.52**	4.57**	0.88	1436.60**
b3	5	19.41**	2.21**	3.69	527.99**

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5 and 1% probability levels, respectively

جدول ۹- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات ریخت‌شناسی، عملکرد و اجزای عملکرد در گندم با استفاده از روش هیمن.

Table 9. Estimation of genetic parameters for morphological traits, yield and its components in wheat using Hayman method.

پارامترهای ژنتیکی Genetic parameters	ارتفاع گیاه Plant height (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	عملکرد بوته Plant yield (g.m ⁻²)
D	266.00**	4.25**	4.70**	1663.91**
H1	42.13**	4.96**	0.57	1215.78**
H2	36.08*	3.71**	0.93	830.81*
F	-55.4**	-0.77	-2.15	809.67*
E	1.35	0.05	1.02**	28.81
h2	52.52**	1.98*	0.00	0.00
√(H ₁ /D)	0.40	1.08	0.35	0.85
R[Y _r ,(W _r +V _r)]	-1.00	-0.83	-0.95	0.23
h ² _b	0.99	0.99	0.70	0.97
h ² _n	0.93	0.74	0.63	0.72

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5 and 1% probability levels, respectively

منابع

1. Giraldo, P., Benavente, E., Manzano-Agugliaro, F. and Gimenez, E. 2019. Worldwide research trends on Wheat and Barely: A bibliometric comparative analysis. *Agron.* 9:352. doi:10.3390/agronomy9070352.
2. Mohammadi, M., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Rostaei, M. 2017. Evaluating the genetic parameters for some morpho-physiological traits in wheat using diallel analysis. *Cereal Res.* 7: 3. 343-356. (In Persian with English abstract)
3. Foroozfar, M., Bihamta, M.R., Peyghambari, S.A. and Zeinali, H. 2011. Evaluation of bread wheat genotypes under normal and water stress conditions for agronomic traits. *J. Agric. Sci. Sustain. Prod.* 21: 3. 33-46. (In Persian with English abstract)
4. Nabovati, S., Aghaei, M., Sarbarzeh, R., Choukan, F., Ghanavati, S. and Najafian, G. 2010. Genetic variation in agronomic characteristics and grain quality traits of durum wheat genotypes. *Seed. Plant Improve. J.* 26: 331-350. (In Persian with English abstract)
5. Norouzi, M.A., Ahangar, L., Peygamzadeh, K., Sabouri, H. and Sajadi, S.J. 2021. Heritability and gene action of different traits in spring oilseed rape using Diallel analysis. *J. Cell Biol.* 13: 39. 166-178. (In Persian with English abstract)
6. Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity.* 10: 31-50.
7. Hayman, B.I. 1954. The analysis of variation of diallel tables. *Biometrics.* 10: 235-244.
8. Ahmad, F., Khan, S., Latif, A., Khan, H., Khan, A. And Nawaz, A. 2011. Genetics of yield and related traits in bread wheat over different planting dates using diallel analysis. *Afr. J. Agric. Res.* 6: 6. 1564-1571.
9. Moghadam, S.F., Talei, A. and Peighambari, S.A. 2020. Improving the salinity tolerance of wheat genotypes by using diallel cross. *Iran. J. Field Crop Sci.* 50: 4. 175-188. (In Persian with English abstract)
10. Eftekhari, A., Baghizadeh, A., Abdoshahi, R. and Yaghoubi, M.M. 2017. Estimation of Genes Effect and Combining Ability of Agronomic Traits in Some Bread Wheat Varieties under Drought Stress. *J. Crop Breed.* 9: 22. 98-108. (In Persian with English abstract)
11. Kandil, A.A., Sharief, A.E. and Gomaa, H.S.M. 2016. Estimation of general and specific combining ability in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Int. J. Agron. Agric. Res.* 8: 2. 37-44.
12. Adel, M.M. and Ali, E.A. 2013. Gene action and combining ability in a six parent diallel cross of wheat. *Asian J. Crop Sci.* 5: 14-23.
13. Sharief, A.E., EL Hindi, M.H., Sultan, M.S., Abdel EL Latif, A.H. and EL Hawary, M.N. 2006. Heterosis in some bread wheat crosses under normal and water stress conditions. *Egypt J. Plant Breed.* 10: 1-14.
14. Abdul Rahman Rashid, M., Salam Khan, A. And Iftikhar, R. 2012. Genetic studies for yield and yield related parameters in bread wheat. *Am-Eurasian J. Agric. Environ. Sci.* 12: 12. 1579-1583.
15. Ojaghi, J. and Akhundi, A. 2010. Genetic effects for grain yield and its related traits in doubled Haploid lines of wheat. *Inter. J. Agric. Biol.* 12: 1. 86-90.
16. Jinks, J.L. and Hayman, B.I. 1953. The analysis of diallel crosses. *Maize Genet.* 43: 223-234.
17. SAS. 2017. Statistical Analysis Systems (SAS). SAS Version 9.1. SAS Institute Inc., Cary, USA., SAS Institute.
18. Rodríguez, F., Alvarado, G., Pacheco, Á., Crossa, J. and Burgueño, J. 2015. AGD-R (Analysis of genetic designs with R for Windows) version 4.0. CIMMYT.
19. Ali Khokhar, A., Gul Nizamani, F., Rind, R.A., Nizamani, M.M., Khokhar, M.U., Shah, A., Nizamani, A.L. and Rind, M.R. 2019. Combining ability estimates in 6×6 half diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *PAB.* 8(3): 1980-1990.

20. Mohammadi, S.H. and Khodambashi Emami, M. 2008. Graphical analysis for grain yield of wheat and its components using diallel crosses. Seed. Plant J. 24: 475-486 (In Persian with English abstract)
21. Fellahi, Z.E.A., Hannachi, A. and Bouzerzour, H. 2015. Partial diallel analysis of genetic behavior for several polygenic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Int. J. Plant Biol. Res. 3: 1042-1049.
22. Khahani, B., Bihamta, M.R. and Naserian, B. 2018. Estimation of general and specific combining abilities of morphological traits and grain yield in bread wheat. J. Cell Biol. 10: 25. 53-62.
23. Tousi Mojarrad, M. and Ghannadha, M. 2008. Diallel Analysis for estimation of genetic parameters in relation to traits of wheat height in normal and drought conditions. J. Water. Soil Sci. 12: 43. 143-155. (In Persian with English abstract)
24. Parveen, N., Kanwal, A., Amin, E., Shahzadi, F., Aleem, S., Tahir, M., Younas, A., Aslam, R., Aslam, N., Ghafoor, I., Makhdoom, M., Shakir, M.A. and Najeebullah, M. 2018. Assessment of heritable variation and best combining genotypes for grain yield and its attributes in bread wheat. Americ. J. Plant Sci. 9: 1688-1698.
25. Arminian, A. and Houshmand, S. 2017. Investigation and importance of relationships of grain yield and yield components in wheat breeding (*Triticum aestivum* L.). J. Crop Breed. 9: 23. 1-8.
26. Saberi, M.H., Arazmjoo, E and Amini, A. 2016. Assessment of diversity and identifying of effective traits on grain yield of bread wheat promised lines under salt stress conditions. J. Crop Breed. 8: 20. 31-40.
27. Singh, R.K. and Chaudhary, B.D. 2007. Biometrical methods in quantitative genetic analysis (3th ed.). Kalyani Publishers.
28. Abdi, H. and Fotokian, M.H. 2017. Graphical analysis of grain yield and its components in some bread wheat cultivars by diallel-Hayman method. Iran. J. Field Crop Sci. 48: 4. 913-922. (In Persian with English abstract)
29. Kamalizadeh, M., Hoseinzadeh, A. and Zeinali Khanghah, H. 2013. Evaluation of inheritance for some quantitative traits in bread wheat using generation mean analysis under water deficit condition. Iran. J. Field Crop Sci. 44: 2. 317-326.
30. Zare Kohan, M. and Heidari, B. 2012. Estimation of genetic parameters for maturity and grain yield in diallel crosses of five wheat cultivars using two different models. J. Agric. Sci. 4: 8. 74-85.
31. Sadeghi, F. 2014. Evaluation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallel method. J. Crop Breed. 6: 13. 101-113. (In Persian)

