



به‌شادی گیاهان زراعی و باغی

دوره ۲ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۳
صفحه‌های ۱۹۹-۲۱۲

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی‌آل در ژنوتیپ‌های گندم نان

حسن عبدی^{۱*}، محمدرضا بی‌همتا^۲، ابراهیم عزیز اف^۳ و رجب چوگان^۴

۱. مربی پژوهشی، بخش اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران، ایران
۲. استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران
۳. استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده بوتانیک، دانشگاه ملی باکو، باکو، جمهوری آذربایجان
۴. استادیار بخش تحقیقات ذرت و گیاهان علوفه‌ای، مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۳/۱۲/۲۱

تاریخ وصول مقاله: ۱۳۹۳/۰۶/۰۳

چکیده

به‌منظور برآورد اجزای ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان به روش تلاقی دی‌آل، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران، در پاییز ۱۳۹۱ اجرا شد. ۷ والد شامل گاسپارد، چمران، M86-4، M86-6، DN-11، WS-82-9 و M86-12 به همراه ۲۱ هیبرید حاصل، بررسی شد. صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد دانه در بوته، طول پدانکل، تعداد گلچه‌های عقیم و تعداد روز تا گل‌دهی ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌ها نشان داد. مدل جینکز-هیمن صادق‌بودن مدل را تنها برای صفات وزن هزاردانه و عملکرد دانه در بوته نشان داد. با تجزیه گرافیکی صفات معلوم شد که طول پدانکل، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه تحت کنترل اثر غالبیت ناقص ژن‌ها بود و سایر صفات تحت کنترل اثر فوق غالبیت ژن‌ها قرار گرفت. تجزیه ترکیب‌پذیری عمومی در لاین WS-82-9 بیانگر مقدار زیاد (g_i) برای صفات ارتفاع بوته، عملکرد دانه در بوته، وزن هزاردانه، طول پدانکل و صفت تعداد دانه در سنبله بود. همچنین لاین DN-11 و رقم چمران برای صفت وزن هزاردانه مقدار زیادی (g_i) داشتند. بنابراین، می‌توان از این والد‌ها در برنامه‌های اصلاحی برای تولید ارقام پرمحصول در گندم نان استفاده کرد. دورگ‌های 1×2 و 3×5 بیانگر مقادیر زیاد (s_{ij}) برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه بودند.

کلیدواژه‌ها: اثر ژن، ترکیب‌پذیری، گندم نان، وراثت‌پذیری.

مقدمه

گندم (با نام علمی *Triticum aestivum* L.) مهم‌ترین محصول زراعی از نظر سطح زیرکشت و میزان تولید در جهان است و نقش مهمی در تأمین نیاز غذایی جوامع بشری دارد. در نتیجه افزایش عملکرد در واحد سطح همراه با حفظ کیفیت غذایی آن چالش مهم تغذیه‌ای در جهان محسوب می‌شود (۱۹). بنابراین، افزایش عملکرد گندم هدفی مهم در برنامه‌های اصلاحی ملی و بین‌المللی است.

مطالعات ژنتیکی و دانستن نوع عمل ژن درگیر در بیان یک صفت و قدرت ترکیب‌پذیری، در روش‌های اصلاحی جوامع گیاهی اهمیت ویژه‌ای دارد و می‌تواند در رابطه با انتخاب روش‌های اصلاحی و گزینش لاین‌ها برای ترکیبات دورگی مفید واقع شود (۱). در این زمینه، از روش دی‌آلل به‌طور وسیعی در گیاهان مختلف از جمله گندم برای تعیین خصوصیات ژنتیکی استفاده شده است (۱۱). از روش‌های تجزیه و تحلیل ژنتیکی دی‌آلل روش جینکز و هیمن است که می‌تواند میانگین درجه‌ی غالبیت، وراثت‌پذیری، توزیع آلل‌ها در والدین و اثر متقابل غیرآللی (آثار اپیستازی) را برآورد کند (۱۰).

ارزیابی ژنتیکی صفات تعداد روز تا گل‌دهی و عملکرد دانه در گندم دوروم به روش دی‌آلل نشان داد که صفت تعداد روز تا گل‌دهی تحت کنترل تأثیرات فوق‌غالبیت ژن‌ها و عملکرد دانه تحت کنترل غالبیت ناقص ژن‌هاست (۳). در پژوهشی صفات عملکرد دانه و سایر اجزای آن در ۵ رقم گندم نان به روش نیمه دی‌آلل بررسی شد و نتایج نشان داد صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته به‌وسیله تأثیرات افزایشی و غالبیت نسبی و صفت وزن هزاردانه به‌وسیله ژن‌های فوق‌غالبیت کنترل می‌شود (۲).

در بررسی ژنتیکی صفات کمی و کیفی ۱۰ والد گندم هگزاپلوئید به روش تلاقی دی‌آلل گزارش شد که قابلیت

ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفات طول پدانکل، شاخص برداشت و وزن هزاردانه معنادار بود و عمل ژن نیز در تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته به‌صورت افزایشی گزارش شد (۱۲). اثر غیرافزایشی و اثر فوق‌غالبیت در کنترل طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزاردانه دخالت دارند (۶، ۹ و ۱۰). بررسی ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم نان از طریق تجزیه‌ی دی‌آلل نشان داد که نوع عمل ژن در مورد تعداد دانه در سنبله اصلی اثر ژنتیکی با غالبیت ناقص دارد ولی عملکرد دانه در تک‌بوته، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزاردانه، عمل ژن به‌صورت فوق‌غالبیت است (۴ و ۱۲). با استفاده از طرح دی‌آلل و ارزیابی ژنتیکی مشخص شد که در کنترل صفات تعداد روز تا گل‌دهی، طول دوره‌ی پرشدن دانه، ارتفاع بوته، تعداد پنجه در بوته، سطح برگ، عملکرد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، شاخص برداشت و عملکرد دانه تک‌بوته در گندم اثر غیرافزایشی نقش مهم‌تری دارد (۱۴). با استفاده از تلاقی‌های دی‌آلل، وراثت‌پذیری خصوصی طول سنبله اصلی، تعداد سنبله بارور، تعداد سنبله نابارور، تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن هزاردانه را در گندم مطالعه کردند. براساس نتایج پژوهش حاضر، طول سنبله اصلی، تعداد سنبله بارور، تعداد سنبلچه نابارور و تعداد دانه در سنبله اصلی وراثت‌پذیری نسبتاً بالایی داشتند، درحالی‌که وزن هزاردانه در سنبله قابلیت وراثت‌پذیری پایینی داشت (۲۱). گزینش و معرفی ارقام پرمحصول گندم نان در خودکفایی کشور به این محصول راهبردی امری واضح و مسلم است.

هدف از پژوهش حاضر، برای بررسی نحوه‌ی کنترل ژنتیکی و ماهیت عمل ژن در افزایش عملکرد و اجزای عملکرد دانه و اندازه‌گیری پارامترهای مختلف ژنتیکی است.

به‌ژادی گیاهان زراعی و باغی

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۷ ژنوتیپ گندم نان به‌منزله والدین انتخاب، در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران (ورامین) در سال زراعی ۱۳۸۹-۱۳۹۰ کشت شد و تلاقی‌های نیمه دی آلل بین آن‌ها انجام شد. مشخصات ارقام استفاده‌شده در جدول ۱ ذکر شده است. در سال زراعی ۱۳۹۰-۱۳۹۱ والدین و ۲۱ هیبرید f_1 حاصل از آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار بررسی شدند. روی هر خط، تعداد ۲۰ عدد بذر ضد عفونی‌شده از هر ژنوتیپ در ۲ ردیف، با فاصله ردیف ۱۰ و فاصله بین ۲ خط ۲۰ سانتی‌متر کشت شد.

صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد دانه در بوته، تعداد گلچه‌های عقیم و تعداد روز تا گل‌دهی بر مبنای میانگین ۱۰ بوته اندازه‌گیری شدند. تجزیه واریانس داده‌ها بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار انجام شد. میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها در تجزیه واریانس ساده معنادار شد. بنابراین، تجزیه واریانس جینکز-هیمن انجام شد.

در این روش، اجزای افزایشی (a) و غیرافزایشی (b) محاسبه شد که واریانس غیرافزایشی شامل سه جزء بود. b_1 غالبیت یک‌جته، جزء b_2 توزیع نامتقارن ژن‌ها و جزء b_3 واریانس غالبیت باقی‌مانده را که اجزای b_1 و b_2 قابلیت

توصیف آن را ندارند، آزمون می‌کند. اگر جزء b_3 معنادار باشد، باید پارامتر ژنتیکی آثار غیرافزایشی نیز معنادار شود. اگر a و b هر دو معنادار باشند، واریانس افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل صفت سهیم‌اند. در صورت معنادار شدن جزء b امکان برآورد پارامترهای ژنتیکی وجود دارد. برای صفاتی که جزء b در آن‌ها معنادار شد، تجزیه گرافیکی انجام گرفت. پارامترهای ژنتیکی محاسبه‌شده جینکز-هیمن شامل واریانس افزایشی (D)، واریانس غالبیت (H_1)، میانگین کواریانس تأثیرات افزایشی و غیرافزایشی کلیه ردیف‌ها (F)، نسبت ژن‌های با تأثیرات مثبت و منفی در والدین ($H_2/4H_1$) وراثت‌پذیری عمومی (H^2b)، وراثت‌پذیری خصوصی (H^2n) و میانگین درجه غالبیت

$$\left(\sqrt{\frac{H_1}{D}} \right) \text{ است (۱۱).}$$

از مدل دوم گریفینگ برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از جمله میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی استفاده شد. آزمون کلیه پارامترهای ژنتیکی محاسبه و تأثیرات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی از طریق آزمون t (تقسیم هر کمیت بر انحراف آن) انجام شد (۱۸). تجزیه گرافیکی داده‌ها نیز بر اساس روش ماترو جینکز و هیمن انجام شد (۷، ۸ و ۱۵). برای انجام تجزیه‌ها از نرم‌افزار آماری Diallel - SAS05 استفاده شد (۲۲).

جدول ۱. مشخصات ارقام استفاده‌شده

ژنوتیپ‌ها	میزان تحمل	شجره ارقام و لاین‌ها
گاسپارد	حساس	رقم
M-86-4	نیمه‌حساس	Ombul/A/amo/M.73-18
چمران	نیمه‌حساس	رقم
M-86-6	نیمه‌حساس	Alvd/A/dan/Las/3/Druchamps/4/Kauz/stm
M-86-12	نیمه‌حساس	CROC-1/AE.SUARROSA(224)//OPATA/3/KAUZ*2/Bow
WS-82-9	متحمل	Ww33G/Vee"s"//Mrn/4/HD2172/Bloudan//Azd
DN-11	متحمل	Azd/HD2172//Kayson/Glenson/3/1-70-28/Ning8201

نتایج و بحث

با توجه به معنادار بودن اثر ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات مطالعه شده در تجزیه واریانس (جدول ۲)، امکان تجزیه ژنتیکی و برآورد خصوصیات ژنتیکی براساس روش دی‌آلل فراهم شد. نتایج آزمون مقدماتی روش جینکز-همین نشان داد که ضریب رگرسیون w_r روی v_r برای عملکرد دانه تک‌بوته و وزن هزارانه اختلاف معناداری با یک نداشتند و در مقابل، اختلاف آن با صفر معنادار بود. علاوه بر آن آزمون $w_r v_r$ برای این صفات معنادار نبود. به این ترتیب، اثر ایستازی ژن‌ها در کنترل این صفات بعید به نظر می‌رسد. به عبارت دیگر، مدل افزایشی- غالبیت محرز و فرضیات مدل صادق بود (جدول ۳)، اما تفاوت معنادار شیب خط رگرسیون w_r روی v_r برای بقیه صفات بررسی شده، نشان داد که فرض وجود نداشتن ایستازی صادق نیست و نیاز به حذف برخی والد‌ها و آزمون مجدد شیب خط رگرسیون w_r روی v_r است. در این رابطه، برای صفت تعداد گلچه‌های عقیم با حذف والد M86-6، برای طول پدانکل، حذف والدین M86-12 و M86-6 برای ارتفاع بوته، حذف والدین M86-4 و M86-6، برای تعداد دانه در سنبله حذف والد چمران و برای تعداد روز تا

گل‌دهی، حذف والد M86-4 انجام و در نتیجه فرضیات مدل صادق شد.

در صفت ارتفاع بوته معنادار شدن اجزای a و b نشان می‌دهد که اثرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهم‌مند (جدول ۴). پارامترهای ژنتیکی واریانس افزایشی (D) و غالبیت (H_1) معنادار شدند که بیانگر وجود اثرات هم‌زمان افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت‌اند (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس افزایشی بیشتر از مقدار واریانس غالبیت است و مبین این است که اثر افزایشی در کنترل این صفت دخالت دارد. صفت ارتفاع بوته گندم توسط ژن‌های با اثر افزایشی کنترل می‌شود (۴ و ۱۲). میانگین درجه غالبیت برای صفت ارتفاع بوته کمتر از ۱ بود که مبین حالت غالبیت ناقص برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است. تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین ۰/۲۵ است که نشان‌دهنده توزیع متقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور w_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت بیانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۱).

جدول ۲. تجزیه واریانس ساده و دی‌آلل برای صفات ارزیابی شده در والدین و دورگ‌های آن‌ها

منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته (cm)	طول پدانکل (cm)	تعداد دانه در سنبله	تعداد گلچه‌های عقیم	تعداد روز تا گل‌دهی	عملکرد دانه در بوته (g)	وزن هزارانه (g)
ژنوتیپ‌ها	۲۷	۷۶/۴۱۰**	۱۸/۸۳**	۴۶/۴۸**	۳/۹۳**	۵/۳۳**	۴۶/۵۴**	۴۷/۴۴**
ترکیب‌پذیری عمومی (GCA)	۶	۶۹/۲۷۶**	۵۰/۶۰۸**	۲۱/۴۱۱**	۱۰/۸۸**	۱۲/۱۵**	۱۳۳/۰۲**	۱۳۳/۱۶**
ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA)	۲۱	۳۸/۳۰۶**	۱۱/۰۵۹**	۵۱/۰۷۴**	۱/۸۴**	۳/۳۹**	۱۴۳/۶۳**	۱۱/۹۴**
خطا آزمایش	۵۴	۲۳/۸۳۹	۷/۸۲۷	۱۵/۲۶۶	۱/۸۸	۱/۵۳	۱۲/۵۶	۱۷/۳۹

* و ** به ترتیب معنادار در سطوح احتمال ۱ و ۵ درصد

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان

جدول ۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی در تلاقی دی آلل یک‌طرفه ۵ لاین و ۲ رقم گندم نان به روش هیمن

وزن هزاردانه (g)	عملکرد دانه در بوته (g)	تعداد روز تا گل‌دهی	تعداد گلچه‌های عقیم	تعداد دانه در سنبله	طول پدانکل (cm)	ارتفاع بوته (cm)	خصوصیات ژنتیکی
۲۴/۶۳*	۵۳/۲۶	۴/۵۷*	۲/۰۱*	۱/۳۱	۶/۶۸	۳۱/۵۷**	D
۱۵/۷	۹۲/۴۹**	۳/۴۳	۱/۷۱	۵۰/۹۷**	۶/۶۱**	۳۰/۷	H ₁
۱۷/۹	۷۶/۳۲*	۴/۷۷**	۱/۵۸	۴۹/۶۹**	۹/۶۰**	۳۱/۰۴**	H ₂
۷/۸۱	۲۱/۹۰	۰/۹۲	۰/۸۶	۰/۸۲	۰/۱۴	۱۱/۷۹	F ₂
۰/۲۷	۰/۲۰۶	۰/۲۰۱	۰/۲۳	۰/۲۴	۰/۲۳	۰/۲۵	H ₂ /4H ₁
۰/۷۹	۱/۳۱	۱/۵۶	۰/۹۲	۶/۲۰	۱/۱۹	۰/۹۸	$\sqrt{\frac{H_1}{D}}$
۰/۶۶	۰/۵۱	۰/۷۶	۰/۷۳	۰/۷۲	۰/۷۰	۰/۶۸	H ² b
۰/۴۲	۰/۲۸	۰/۴۲	۰/۴۶	۰/۴۸	۰/۴۸	۰/۳۷	H ² n
۱/۳۴	۳۱/۲۹	۴۱/۷۵	۰/۰۱۸	۰/۰۷	۰/۰۲	۷/۴۵	MSOF wr-vr

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

D - واریانس افزایشی؛ H₁ - واریانس غالبیت؛ H₂ - واریانس غالبیت تصحیح‌شده؛ F - میانگین کواریانس تأثیرات افزایشی و غیرافزایشی کلیه ردیف‌ها؛ H₂/4H₁ - نسبت ژن‌های با تأثیرات مثبت و منفی در والدین؛ $(H_1/D)^{1/2}$ - میانگین درجه غالبیت؛ h²b - وراثت‌پذیری عمومی؛ h²n - وراثت‌پذیری خصوصی و W_r-V_r - اختلاف واریانس و کواریانس.

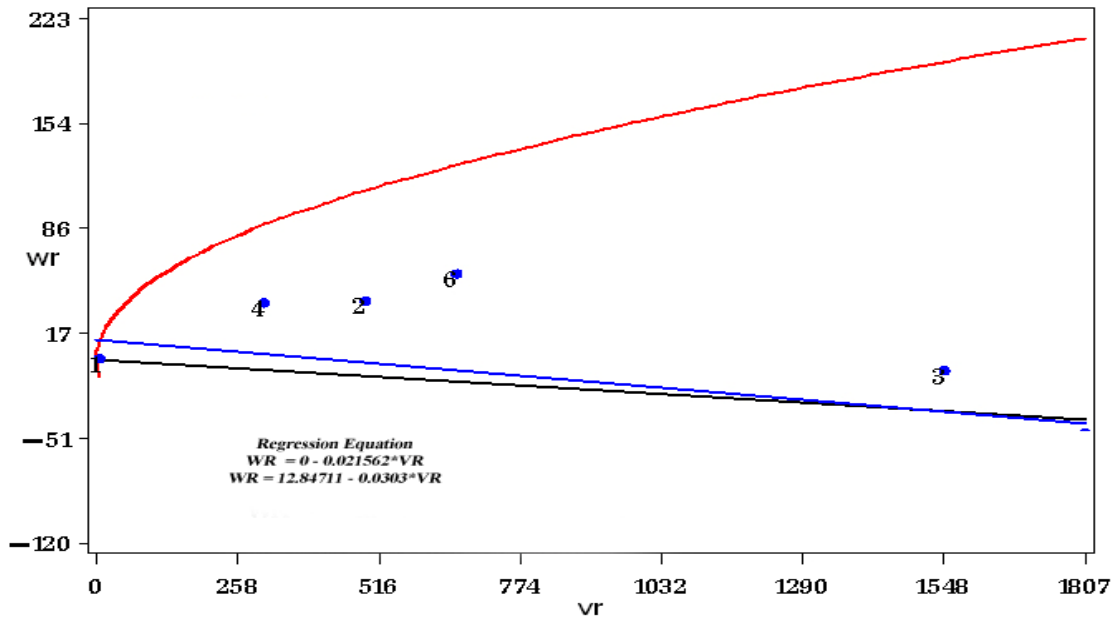
جدول ۴. تجزیه واریانس ژنتیکی صفات مختلف زراعی در تلاقی دی آلل یک‌طرفه ۵ لاین و ۲ رقم گندم نان

میانگین مربعات							
وزن هزاردانه (g)	عملکرد دانه در بوته (g)	تعداد روز تا گل‌دهی	تعداد گلچه‌های عقیم	تعداد دانه در سنبله	طول پدانکل (cm)	ارتفاع بوته (cm)	منابع تغییرات
۳۳۰/۸	۴۹۸/۵۳ ^{ns}	۲۹۴/۹۸ ^{ns}	۵/۶۷**	۹/۱۴ ^{ns}	۲/۵۸ ^{ns}	۱/۴۴ ^{ns}	تکرار
۲۸۰/۳۷*	۹۱۵/۹۴*	۲۱۱/۱۱**	۷/۳۹**	۱۸/۸۸	۲۷/۱۰**	۸/۵**	a
۱۶۸/۶۵**	۴۱۱/۴۴*	۳۲۶/۷*	۲/۹۵**	۵۱/۵۸*	۱۷/۷۸**	۱/۶**	b
۶۴	۵۲۲/۸۹	۵۸۲/۱۰	۲/۶۶	۲۳۵/۶۷	۱/۲۴	۰/۲۲	b ₁
۱۵۲/۲۳	۳۵۹/۷۹	۶۱۱/۶۹	۱/۳۶	۱۶/۴۵	۷/۵۷	۱/۲۵	b ₂
۱۸۳/۲	۶۴۵/۶۱	۱۵۶/۳۲	۳/۶۵**	۵۳/۸۱**	۲۳/۳۳**	۱/۸۵	b ₃
۱۴۳/۶۲	۶۴۵/۹۲	۲۷۵/۰۳	۱/۱۹	۱۵/۲۷	۷/۸۳	۱/۲	خطای آزمایش

^{ns}، * و ** به ترتیب غیرمعنادار و معنادار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد

به نژادی گیاهان زراعی و باغی

دوره ۲ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۳



شکل ۱. خط رگرسیون W_r - V_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای ارتفاع بوته در شرایط نرمال

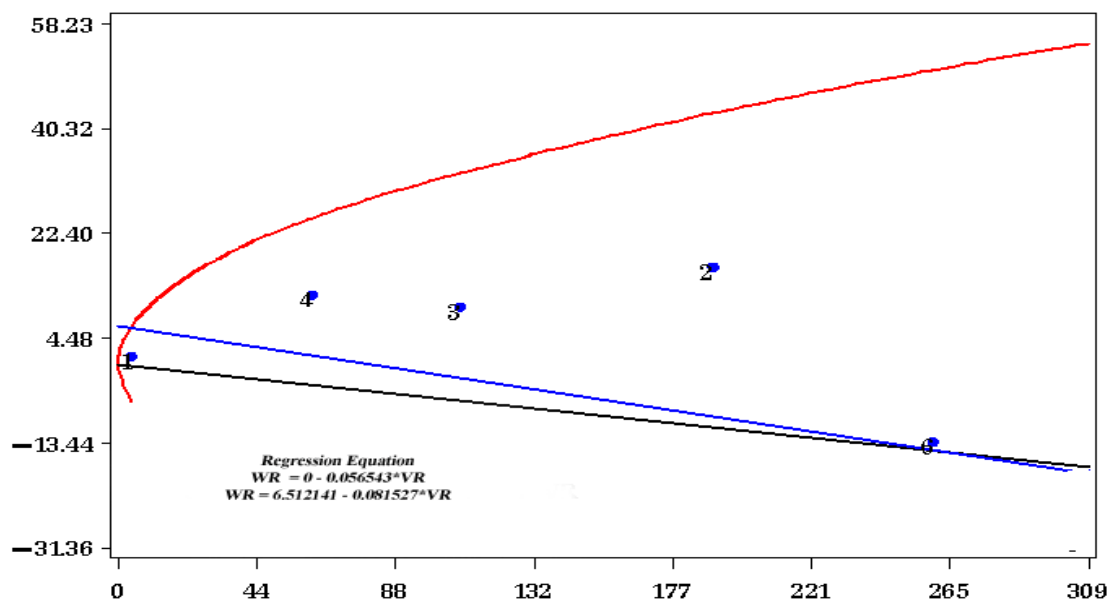
بیانگر حالت فوق غالبیت برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است.

تعداد بین آل‌های مثبت و منفی در والدین به مقدار ۰/۲۳ و حدود ۰/۲۵ است که نشان‌دهنده توزیع متقارن آل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور W_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت بیانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۲). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی‌آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان که والدین شماره ۱ و ۴ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر W_r و V_r و یا بیشترین ژن‌های غالب را دارند، درحالی‌که والد شماره ۵ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۳ و ۲ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۱ و ۴ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر W_r و V_r و یا بیشترین ژن‌های غالب را دارند، درحالی‌که والد شماره ۳ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۶ و ۲ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

در صفت طول پدانکل معنادار شدن اجزای a و b نشان می‌دهد که تأثیرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهم‌اند (جدول ۴). پارامترهای ژنتیکی واریانس افزایشی (D) و غالبیت (H_1) معنادار شد که بیانگر وجود تأثیرات هم‌زمان افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت هستند (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس افزایشی کمتر از مقدار واریانس غالبیت است که مبین اثر غالبیت یا فوق غالبیت در کنترل این صفت است. صفت طول پدانکل توسط ژن‌های غالبیت کنترل می‌شود (۳ و ۱۲). میانگین درجه غالبیت برای صفت طول پدانکل بیشتر از ۱ بود که

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان



شکل ۲. خط رگرسیون W_R-V_R و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای طول پدانکل در شرایط نرمال مشخصات والدین: الف) گاسپارد؛ ب) Ws-82-9؛ ج) DN-11؛ د) Chamran؛ ه) M-86-4؛ و) M-86-6؛ ز) M-86-12

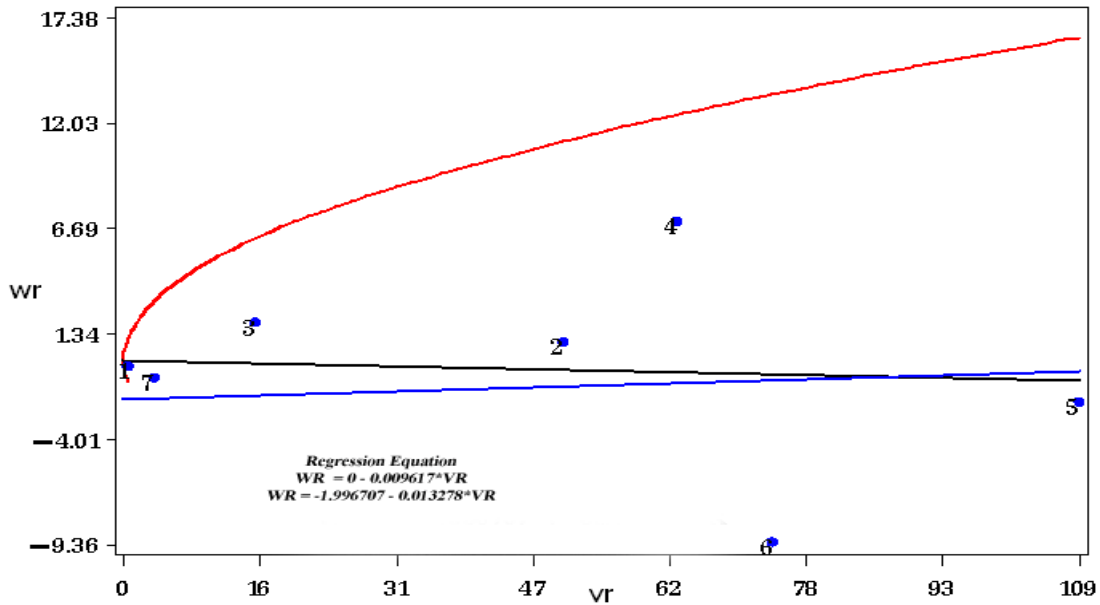
صفت است (شکل ۳). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۱، ۳ و ۷ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر W_R و V_R و یا بیشترین ژن‌های غالب را دارند، در حالی که والد شماره ۵ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۲ و ۴ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

در صفت تعداد دانه در سنبله معنادار شدن جزء b نشان می‌دهد که اثر غالبیت در کنترل این صفت نقش دارد (جدول ۴). پارامتر ژنتیکی غالبیت (H_1) نیز معنادار شد که بیانگر وجود اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت‌اند (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس غالبیت بیشتر از مقدار واریانس افزایشی است که بیانگر اثر غیرافزایشی در کنترل این صفت است. بررسی مطالعات بر روی گندم نشان داد که صفت تعداد دانه در سنبله توسط ژن‌های با اثر غیرافزایشی کنترل می‌شود (۵، ۱۴ و ۱۷). میانگین درجه غالبیت برای صفت تعداد دانه در سنبله بیشتر از ۱ بود که

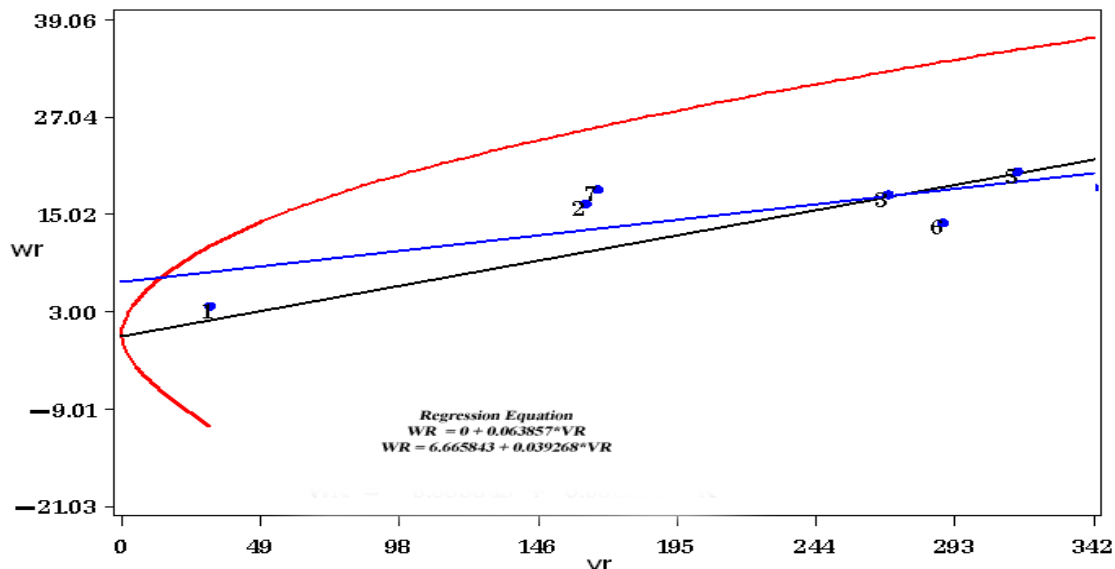
در صفت تعداد گلچه‌های عقیم در سنبله معنادار شدن اجزای a و b نشان می‌دهد که تأثیرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهم‌اند (جدول ۴). پارامتر ژنتیکی واریانس افزایشی (D) معنادار شد که بیانگر وجود اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت‌اند (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس افزایشی بیشتر از مقدار واریانس غالبیت است که مبین اثر افزایشی ژن در کنترل این صفت است. نتایج حاصل از این پژوهش با گزارش سایر پژوهشگران مشابهت دارد (۱۳ و ۱۴). میانگین درجه غالبیت برای صفت گلچه‌های عقیم در سنبله بیشتر از ۱ بود که مبین حالت فوق غالبیت برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است. تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین مقدار $0/23$ و حدود $0/25$ است که نشان‌دهنده توزیع متقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور W_R توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این

در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور w_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت بیانگر وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۴).

مبین حالت غالبیت ناقص ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است، تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین ۰/۲۰۱ و حدود ۰/۲۵ است که نشان‌دهنده توزیع متقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء



شکل ۳. خط رگرسیون w_r-v_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای تعداد گلچه عقیم در سنبله در شرایط نرمال



شکل ۴. خط رگرسیون w_r-v_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال مشخصات والدین: الف) گاسپارد؛ ب) Ws-82-9؛ ج) DN-11؛ د) Chamran؛ ه) M-86-4؛ و) M-86-6؛ ز) M-86-12

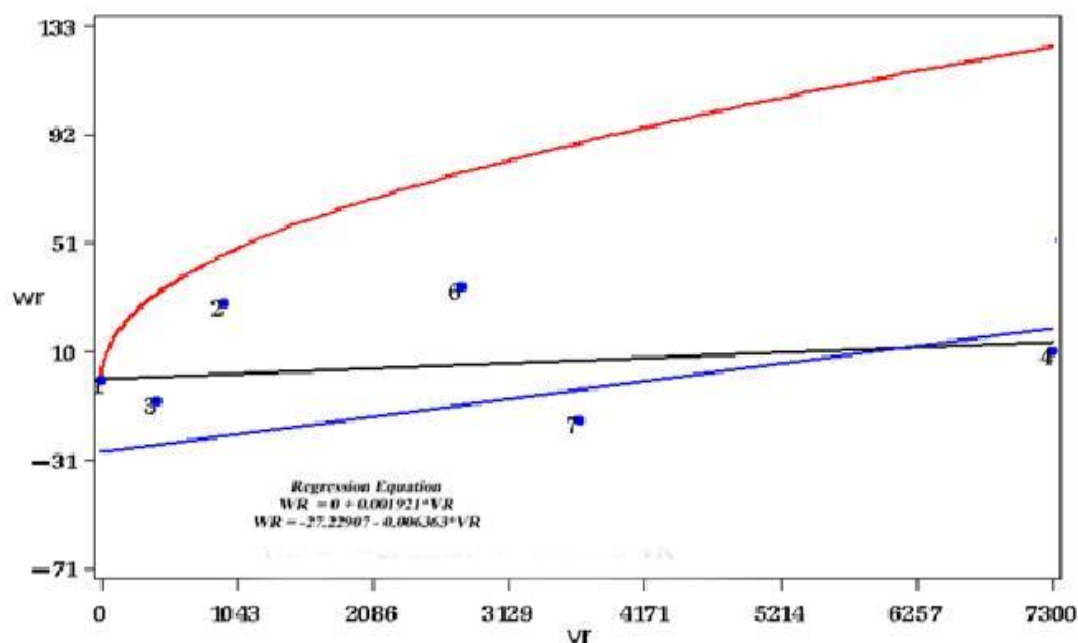
به نژادی گیاهان زراعی وبانی

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان

کنترل می‌شود (۵، ۱۴ و ۱۷). میانگین درجه غالبیت برای صفت تعداد روز تا گل‌دهی بیشتر از ۱ بود که مبین حالت فوق غالبیت برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفت است. تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین ۰/۲۰۱ و کمتر از ۰/۲۵ است که نشان‌دهنده توزیع نامتقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور w_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت بیانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۵). پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۱، ۲ و ۳ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر w_r و v_r یا بیشترین ژن‌های غالب را دارند، درحالی‌که والد شماره ۴ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۶ و ۷ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والد شماره ۱ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر w_r و v_r و به عبارت دیگر، بیشترین ژن‌های غالب را دارند، درحالی‌که والد شماره ۵ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۲، ۳ و ۷ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

در صفت تعداد روز تا گل‌دهی معنادار شدن اجزای a و b نشان می‌دهد که تأثیرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهیم‌اند، با معنادار شدن جزء a انتظار می‌رود این صفت وراثت‌پذیری بالایی داشته باشد (جدول ۴). پارامترهای ژنتیکی واریانس افزایشی (D) و غالبیت (H_1) معنادار شد که بیانگر وجود تأثیرات هم‌زمان افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت بود (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس افزایشی کمتر از مقدار واریانس غالبیت است که از اثر غالبیت یا فوق غالبیت در کنترل این صفت بیان می‌کند. صفت تعداد روز تا گل‌دهی در گیاه گندم توسط ژن‌های با اثر غالبیت



شکل ۵. خط رگرسیون w_r-v_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای تعداد روز تا گل‌دهی در شرایط نرمال

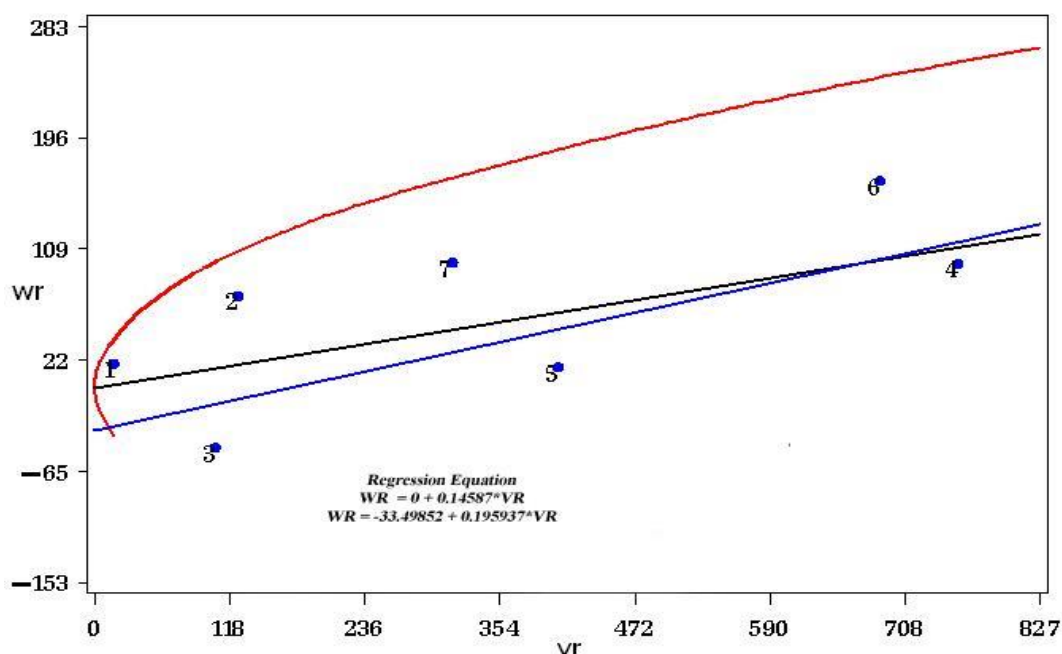
به‌نژادی گیاهان زراعی و باغی

دوره ۲ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۳

رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۱، ۲ و ۳ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر W_r و V_r و یا بیشترین ژن‌های غالب را دارند، در حالی که والد شماره ۶ و ۴ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۷ و ۳ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

صفت وزن هزاردانه در گیاه گندم توسط ژن‌های با اثر غالبیت کنترل می‌شود. میانگین درجه غالبیت برای صفت وزن هزاردانه کوچک‌تر از ۱ بود، برای این صفت می‌توان غالبیت نسبی را در نظر گرفت (۱۴، ۱۶ و ۲۱). تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین بیشتر از ۰/۲۷ و حدود ۰/۲۵ است که نشان‌دهنده توزیع متقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور W_r توسط خط رگرسیون در بخش مثبت بیانگر وجود اثر غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۷).

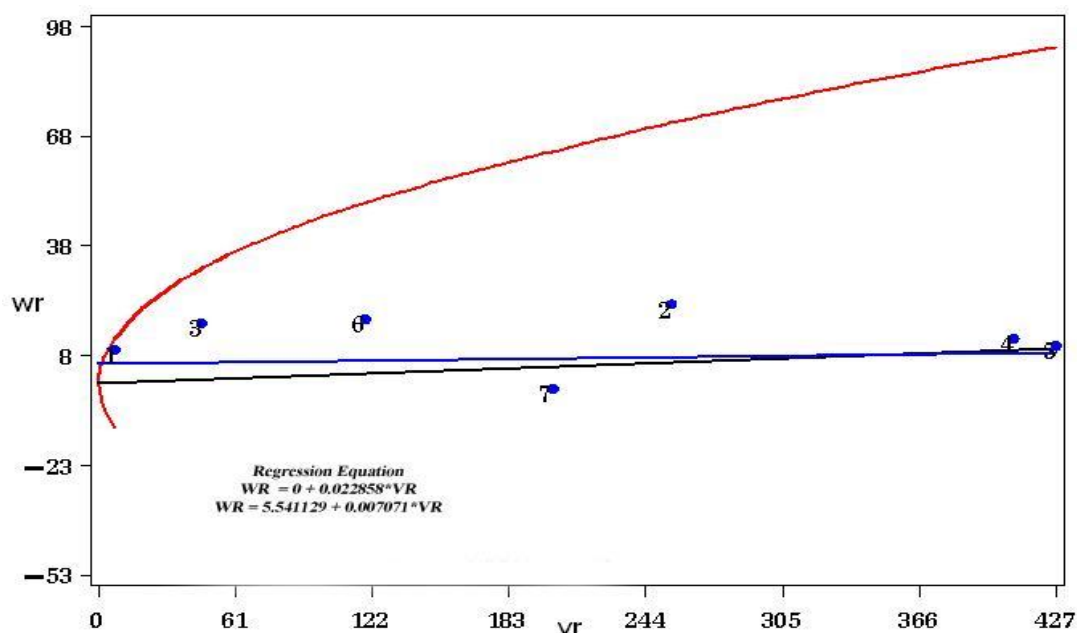
در صفت عملکرد دانه در بوته معنادار شدن اجزای a و b نشان می‌دهد که تأثیرات افزایشی و غالبیت هر دو در کنترل این صفت سهمینند، با معنادار شدن جزء a انتظار می‌رود این صفت وراثت‌پذیری بالایی داشته باشد (جدول ۴). پارامترهای ژنتیکی واریانس افزایشی (D) و غالبیت (H_1) معنادار شد که بیانگر وجود تأثیرات هم‌زمان افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت است (جدول ۳). همچنین مقدار واریانس افزایشی کمتر از مقدار واریانس غالبیت است که از اثر غالبیت یا فوق غالبیت در کنترل این صفت بیان می‌کند. تعادل بین آلل‌های مثبت و منفی در والدین حدود ۰/۲۰ است که نشان‌دهنده توزیع نامتقارن آلل‌های با اثر مثبت و منفی در والدین است. به دلیل معنادار شدن جزء b در این صفت تجزیه گرافیکی انجام شد. قطع محور W_r توسط خط رگرسیون در بخش منفی بیانگر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت است (شکل ۶). پراکنش والدین در اطراف خط



شکل ۶. خط رگرسیون W_r-V_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای عملکرد دانه در شرایط نرمال

مشخصات والدین: الف) گاسپارد؛ ب) Ws-82-9؛ ج) DN-11؛ د) Chamran؛ ه) M-86-4؛ و) M-86-6؛ ز) M-86-12

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان



شکل ۷. خط رگرسیون W_r-V_r و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای وزن هزاردانه در شرایط نرمال مشخصات والدین: الف) گاسپارد؛ ب) WS-82-9؛ ج) DN-11؛ د) Chamran؛ ه) M-86-4؛ و) M-86-6؛ ز) M-86-12

ژن‌ها در کنترل صفات یادشده اشاره شده است (۶، ۱۹ و ۲۰). معنادار بودن (g_i) در دو جهت مثبت و منفی در بیشتر صفات، می‌توان گفت که والدین از قابلیت انتقال میزان بالا و یا پایین صفات برخوردارند (جدول ۵). بدین ترتیب در مواردی که افزایش اندازه یک صفت مورد نظر است بایستی به مقادیر مثبت (g_i) توجه شود. در نتایج حاصل، ۵ والد WS-82-9 دارای بالاترین مقدار (g_i) برای صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، وزن هزاردانه و عملکرد دانه در بوته بود، بنابراین می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی (دورگ‌گیری) از این والد استفاده کرد (جدول ۵).

برای کاهش تعداد گلچه‌های غیربارور در سنبله و تعداد روز تا گل‌دهی می‌توان از والدین WS-82-9 و رقم چمران به دلیل داشتن کمترین مقدار (g_i) در برنامه‌های تولید دورگ بهره جست. والدین DN-11، رقم چمران و M-86-6 بیشترین مقدار (g_i) را داشتند، بنابراین، می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری برای بهبود صفات تعداد دانه در

پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان می‌دهد که والدین شماره ۱ و ۳ به دلیل نزدیک بودن به محور مختصات کوچک‌ترین مقادیر W_r و V_r و یا بیشترین ژن‌های غالب هستند، در حالی که والد شماره ۴ و ۵ به دلیل دوری از محور مختصات دارای ژن‌های مغلوب و والدین شماره ۲، ۶ و ۷ در میانه خط رگرسیون قرار داشتند و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بودند.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی نشان می‌دهد که میانگین مربعات GCA و SCA معنادار شده و نشان‌دهنده وجود تأثیرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات است (جدول ۲). با توجه به میانگین مربعات در جدول یادشده در صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد گلچه‌های عقیم، تعداد روز تا گل‌دهی و وزن هزاردانه، ترکیب‌پذیری عمومی بیشتر از خصوصی بود که بیانگر وجود اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات است، در پژوهش‌ها نیز به اثر افزایشی

اهمیت دارد. نتایج پژوهش حاضر نشان داد اگرچه ژن‌های با هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات مطالعه‌شده نقش داشتند، سهم هر یک از این اثرها در کنترل هر یک از آن‌ها متفاوت بود.

براساس نتایج حاصل، والدین WS-82-9 و DN-11 به دلیل داشتن بیشترین مقدار (gi) برای صفت عملکرد و اجزای آن و کمترین مقدار (gi) برای صفات تعداد گلچه‌های عقیم در سنبله و تعداد روز تا گل‌دهی، می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی، نسبت به افزایش عملکرد دانه و کاهش تعداد گلچه‌های عقیم در سنبله و تعداد روز تا گل‌دهی بهره جست. همچنین برای تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه تلاقی‌های ۱ × ۲ (Gasspard × WS82-9) و ۳ × ۵ (WS82-9 × M86-4) بیشترین مقدار (S_{ij}) را داشتند. بنابراین، گزینش در بین نتایج حاصل از این تلاقی‌ها سهم تأثیرات افزایشی ژن‌ها را بالا می‌برد و بازده ژنتیکی گزینش را بهبود خواهد بخشید.

سنبله و وزن هزاردانه به‌ترتیب از آن‌ها استفاده کرد. دورگ‌های ۱×۲، ۱×۶، ۳×۵، ۴×۵ و ۵×۷ برای تعداد دانه در سنبله و دورگ‌های ۱×۲، ۳×۵، ۳×۶ برای صفت وزن هزاردانه و همچنین دورگ‌های ۱×۲، ۲×۶، ۳×۵، ۳×۶، ۴×۵ و ۴×۷ برای صفت عملکرد دانه در بوته بالاترین مقدار (S_{ij}) را داشتند که نشان‌دهنده اثر غیرافزایشی ژن‌ها در این تلاقی‌هاست (جدول ۶).

صفات ارتفاع بوته، تعداد گلچه‌های عقیم، تعداد روز تا گل‌دهی و وزن هزاردانه تحت کنترل اثر افزایشی و صفات طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه در بوته تحت کنترل اثر غیرافزایشی ژن‌ها هستند (جدول ۳). بنابراین، برای اصلاح صفاتی که تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها هستند، به دلیل سهم بیشتر اثر افزایشی گزینش انفرادی و یا توده‌ای (پدیگری و بالک) توصیه می‌شود و در صفاتی که واریانس ژنتیکی غیرافزایشی به افزایشی برتری دارد، تولید هیبرید و سلکسیون در نسل‌های پیشرفته

جدول ۵. مقادیر قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (gi) والدین برای صفات بررسی شده

والدها	ارتفاع بوته (cm)	طول پدانکل (cm)	تعداد سنبله بارور در سنبله	تعداد سنبله غیربارور در سنبله	تعداد روز تا گل‌دهی (d)	عملکرد دانه (g)	وزن هزاردانه (g)
Gasspard	۳/۵۲**	۱/۸۴**	-/۸۰۰ ns	۰/۳۰۰ ns	۱/۱۹**	۰/۰۲۹ ^{ns}	-/۰۰۶ ns
Ws-82-9	۴/۳۱۳**	۲/۵۲**	۱/۰۹۸ ns	-/۰۴۸۲**	-/۰۴۰۲*	۲/۰۴۹**	۲۲۵/۶۷**
DN-11	۱/۵۹ ns	-/۰۱۶۵ ns	۳/۳۰۸**	-/۰۳۷۰*	-/۰۰۶۸ ns	۰/۳۴۲	-/۱۴۷/۹۸**
Chamran	-/۰۶۸ ns	۰/۱۸۶ ns	-/۲۳۱۷**	-/۰۳۹۴*	-/۰۴۰۹*	۰/۰۴۵ ^{ns}	۲۲۳/۹۸**
M-86-4	۰/۷۳ ns	-/۰۱۴ ns	۰/۳۹۷ ns	۰/۷۷۰**	-/۰۶۹۸**	۰/۰۱ ns	-/۳۸/۵۴**
M-86-6	-/۱۰۷۴ ns	۰/۵۲۲ ns	-/۰۰۳۹ ns	-/۱۰۵۹**	۰/۶۳۴**	۰/۰۰۵ ^{ns}	۳۴/۴۵**
M-86-12	-/۱۳۵۸ ns	-/۱۰۲۵*	۰/۹۶۶ ns	-/۰۲۹۵**	-/۰۲۵۳ ns	-/۰۰۱ ns	-/۱۱۸/۱۰۰**
LSD 0/05	۱/۶۸	۰/۹۶	۱/۳۵	۰/۴۷	۰/۴۳	۱/۲۳	۱/۴۵
LSD 0/01	۲/۲۱	۱/۲۶	۱/۷۸	۰/۶۲	۰/۵۶	۱/۶۲	۱/۹۰
S.E(gi)	۰/۸۶	۰/۴۹	۰/۶۹	۰/۲۴	۰/۲۲	۰/۶۳	۰/۷۴

ns، * و **. به ترتیب غیرمعنادار و معنادار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد

تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن با استفاده از روش دی آلل در ژنوتیپ‌های گندم نان

جدول ۶. مقادیر قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (S_{ij}) دورگ‌ها برای صفات ارزیابی شده

وزن هزاردانه (g)	عملکرد دانه (g)	تعداد روز تا گل‌دهی (d)	تعداد سنبلچه گلچه‌های در سنبله	تعداد دانه در سنبله	طول پدانکل (cm)	ارتفاع بوته (cm)	دورگ‌ها
۳/۷۳*	۰/۰۷ ^{ns}	۱/۰۹۵**	-۱/۲۶۸**	۱۰/۷۲**	۱/۴۰۴ ^{ns}	۳/۳۹۱**	۱ × ۲
-۲/۷۱۲ ^{ns}	۰/۷۳**	۰/۴۲۵ ^{ns}	-۰/۸۶۶ ^{ns}	-۲/۹۲ ^{ns}	۱/۱۴۳ ^{ns}	-۲/۵۲ ^{ns}	۱ × ۳
۰/۱۷۵ ^{ns}	۰/۱۴ ^{ns}	۰/۷۵۹*	-۰/۹۶۱ ^{ns}	۰/۰۲۷ ^{ns}	-۲/۷۰۴*	۲/۰۹۷ ^{ns}	۱ × ۴
۰/۲۸۷ ^{ns}	۰/۱۷ ^{ns}	-۰/۶۱۱*	۰/۱۸۱ ^{ns}	۰/۶۹۹ ^{ns}	۰/۲۷۴ ^{ns}	-۲/۱۳۷ ^{ns}	۱ × ۵
-۲/۵۲ ^{ns}	۰/۷۳**	-۰/۹۴۴*	۰/۸۰۰ ^{ns}	۳/۶۵۶*	-۰/۶۲۸ ^{ns}	۰/۰۹۰ ^{ns}	۱ × ۶
-۵/۰۸۹**	۰/۲۵*	-۰/۶۴۸*	۰/۷۱۶ ^{ns}	-۱/۹۹۱ ^{ns}	-۳/۴۷۱**	۴/۷۷**	۱ × ۷
۰/۱۹۴ ^{ns}	۰/۶۶**	۰/۳۵۱ ^{ns}	۰/۲۴۹ ^{ns}	۱/۷۲۴ ^{ns}	۳/۵۷۶**	۱/۶۳ ^{ns}	۲ × ۳
-۳/۴۱۶*	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۹۸۱ ^{ns}	۰/۰۸۶ ^{ns}	۱/۸۲۴ ^{ns}	-۲/۶۸۸*	-۶/۵۷**	۲ × ۴
۲/۸۹۸ ^{ns}	۰/۴۲**	-۰/۳۵۱ ^{ns}	۱/۶۳۶**	۰/۶۸۸ ^{ns}	-۱/۵۷ ^{ns}	۱/۷۰۰ ^{ns}	۲ × ۵
۳/۱۳۸ ^{ns}	۱/۷**	۰/۷۹۲ ^{ns}	۰/۸۹۳ ^{ns}	۲/۹۵۱ ^{ns}	۰/۳۶۲ ^{ns}	۵/۰۴۷**	۲ × ۶
۰/۶۹۴ ^{ns}	۰/۳۴**	۱/۰۱۸۵**	۰/۵۲۸ ^{ns}	-۰/۶۴۳ ^{ns}	۱/۷۲ ^{ns}	۰/۴۸۲ ^{ns}	۲ × ۷
۲/۱۳۸ ^{ns}	-۰/۳۸*	-۰/۰۱۸۵ ^{ns}	-۰/۲۴۰ ^{ns}	۱/۸۲۵ ^{ns}	-۰/۷۶۸ ^{ns}	۰/۴۸۸ ^{ns}	۳ × ۴
۳/۶۵۹*	۰/۹*	-۰/۰۱۸۸ ^{ns}	۰/۵۱۳ ^{ns}	۶/۰۸۵**	۲/۲۷۲ ^{ns}	۲/۵۵ ^{ns}	۳ × ۵
۳/۰۲۷*	۰/۳۹**	۱/۵۳۷**	۰/۴۸۲ ^{ns}	۰/۵۴۱ ^{ns}	۰/۳۴۶ ^{ns}	۴/۰۶۶**	۳ × ۶
۱/۰۲۷ ^{ns}	۰/۱۵ ^{ns}	-۱/۳۵۱*	۰/۱۸۱ ^{ns}	۱/۸۵ ^{ns}	۱/۹۸۵ ^{ns}	۳/۵۴ ^{ns}	۳ × ۷
۱/۲۱۲ ^{ns}	۰/۸**	۰/۳۱۴ ^{ns}	۰/۰۴۵ ^{ns}	۶/۴۲۵**	-۱/۱۳۶ ^{ns}	۰/۹۷۱ ^{ns}	۴ × ۵
-۴/۷۰۰**	۰/۳۲ ^{ns}	۰/۲۰۳ ^{ns}	-۰/۲۴۱ ^{ns}	-۱/۷۲۶ ^{ns}	۰/۶۹۴ ^{ns}	-۴/۰۶۴**	۴ × ۶
۱/۳۳۴ ^{ns}	۰/۴۹**	۰/۷۲۲ ^{ns}	-۰/۱۹۳ ^{ns}	-۳/۵۵*	۱/۵۶ ^{ns}	۳/۷۰۲**	۴ × ۷
۱/۶۹۴ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	-۲/۱۶۶**	-۰/۴۳۳ ^{ns}	-۰/۵۹۷ ^{ns}	۰/۶۱۸ ^{ns}	۰/۱۲۷ ^{ns}	۵ × ۶
-۲/۴۵۳ ^{ns}	۰/۳۴ ^{ns}	۰/۸۳۳ ^{ns}	۰/۸۲۲ ^{ns}	۵/۱۷۹**	۰/۷۰۸ ^{ns}	۴/۰۶۱**	۵ × ۷
-۱/۱۲۳ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۱/۳۷۴**	۱/۲۶۵**	۱/۳۲۶ ^{ns}	۱/۱۶۵ ^{ns}	۲/۲۳۰ ^{ns}	۶ × ۷

ns, * و ** به ترتیب غیرمعنادار و معناداری در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

3. Ağüstü 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 Forestry. 32: 249-258.

4. Budak N (2001) Genetic analysis of certain quantitative traits in the f_2 generation of a 8×8 diallel of durum wheat population. Turkish Journal Field Crops. 38: 63-7.

منابع

۱. طالع‌ی ع (۱۳۷۵) «بررسی میزان ترکیب‌پذیری و هتروزیس در ارقام گندم نان به روش دورگ‌گیری دی‌آلل». علوم کشاورزی ایران. ۲۷(۲): ۶۷-۷۵.

2. Abdul Rehman Rashid M, Salam Khan A and I ftikhar 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.

5. Farooq J, Imran H, Akhtar s, Nausher wan IK and Ghulam A (2006) Combining ability for yield and its components in breed wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Agricultural and Social Sciences. 4: 207-211.
6. Farshadfar E (1998) Application of Biometrical Genetics in plant breeding. Volume I. Tagh Bostan Press. Pp. 528. (in Persian).
7. Hayman BI (1954a) The analysis of variance of diallel crosses. Biometrics.10: 235-2544.
8. Hayman BI (1954b) The theory and analysis of diallel crosses. Genetics. 39: 789-809.
9. Hasni M, Saeidi G and Rezai SA (2006) Estimation of genetics Parameters and combining ability for grain yield and yield components in bread wheat. Agricultural and Natural Resources Science and Technology. 9(1): 157-170 (In Persian).
10. Heidare BA, Rezai M and 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: 121-139 (In Persian with English Abstract).
11. Jinks GL and Hayman I (1953) The analysis of diallel crosses Maize Genetics cooperation. News Letter. 27: 48-54.
12. Joshi SK, Sharma SN, Sigh DL and Sain, RS (2004) Combining ability in the F₁ and F₂ generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) Hereditas. 141(2): 115-121.
13. Kant LV, Mani P and Gupta HS (2001) Winter x spring wheat hybridization- A promising avenue for yield enhancement. Plant Breed. 120: 255-258.
14. Khan AS and Habib I (2003) Gene action in five parent diallel cross of spring wheat (*Triticum aestivum* L.) Pakistan Journal Biology Science. 6: 1945-1948.
15. Mather J and Jinks JL (1982) Biometrical Genetics d). Chapman and Hall, London, UK.
16. Rahim MA, Salam A, Saeed A and Shakeel A (2006) Combining ability for flag leaf area, yield and yield components in breed wheat. Journal of Agricultural Research. 44(3): 173-180.
17. Singh HS, Sharma N and Sain RS (2004) Combining ability for some quantitative characters in (*Triticum aestivum* L. *Theu*). Crop Science. 45: 68-72.
18. Singh RK and Chaudhary BD (1995) Biomerical methods in quantitative genetic analysis. Kalayani Publisher NewDelhi-Ludhiana, Indidia. Pp. 303.
19. Tilman D, Cassman KG, Matson PA, Naylor R and Polasky S (2002) Agricultural Sustainability and intensive production practices. Nature. 418: 671-677.
20. Topal AC, Aydin N, Akgan C and Bahaoglu N (2004) Diallel cross analysis in durum wheat: Identification of best parents for some kernel physical features field Crops Research. 82: 1-12.
21. Yao JG, Yao x, Yang C, Qian and Wang S (2004) Analysis on the combining ability and heritability of the spike character sin wheat. Acta Agriculture Shanghai. 20: 32-38.
22. Zhang Y, Kang MS and Lamky RK (2005) DIALLEL-SAS05: A Comprehensive Program for Griffing's and Gardner –Eberhart Analyses. Agronomy. 97: 1097-1106.