تجزیه و تحلیل دای آلل به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن در گندم نان

بهرام حیدری، عبدالمجید رضایی و سیدعلی محمد میرمحمدی میبدی[۱]

چکیده

به منظور برآورد میزان ترکیب‌پذیری، نوع عمل ژن، تعداد ژن‌های کنترل کننده صفات، قابلیت‌های توارث و دیگر پارامترهای ژنتیکی دانه از تلاقی‌های دای آلل ۹ ژنوتیپ گندم استفاده شد. والدها و ۳۶ تلاقی آنها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه، برای ۹ صفت کمی در سال ۱۳۷۷ مورد ارزیابی قرار گرفتند. تجزیه ژنتیکی به روش‌های هیمن و روش دوم در مدل ثابت گریفینگ انجام شد. میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات از نظر آماری در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. با توجه به معنی‌دار بودن میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و هم‌چنین معنی‌دار بودن میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی برای کلیه صفات به جز تعداد سنبلچه در سنبله اصلی نتیجه گیری شد که نقش هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در بروز ژنتیکی آنها مهم است. برآورد میانگین درجه غالبیت نشان داد که تعداد دانه در سنبله اصلی و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی توسط اثر غالبیت نسبی ژن‌ها کنترل می‌شوند، در حالی که عمل ژن برای عملکرد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزار دانه از نوع فوق غالبیت است. ارقام الوند و روشن برای عملکرد دانه در بوته، الوند برای تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی و الوند و الموت برای وزن هزار دانه از بهترین ترکیب پذیرهای عمومی بودند، بنابراین استفاده از آنها برای بهبود ژنتیکی صفات مذکور مفید خواهد بود. عملکرد دانه در بوته هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری با تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن هزار دانه، وزن دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی داشت.

واژه‌های کلیدی: درجه غالبیت، قابلیت ترکیب‌پذیری، قابلیت توارث، گندم نان

مقدمه

انتخاب دقیق روش‌های اصلاحی، بسته به ماهیت ژنتیکی صفت مورد مطالعه متفاوت خواهد بود. نتایج حاصل از به کارگیری روش‌های مختلف ژنتیک کمی مانند تلاقی‌های دای آلل، پژوهشگر را به اطلاعات مورد نیاز برای برنامه‌ریزی‌های به نژادی رهنمون می‌کند. طرح تلاقی‌های دای آلل یکی از معمول‌ترین روش‌های برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری است. اصول و مبانی این نوع تلاقی‌ها را

۱. به ترتیب دانشجوی دکتری، استاد و دانشیار زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جینکز و هیمن (۱۱)، همین (۸ و ۹) و هم‌چنین گریفینگ (۶ و ۷) در دهه ۱۹۵۰ ارائه نموده‌اند. از آن پس این روش‌ها در بسیاری از گیاهان زراعی با موفقیت به کار گرفته شده‌اند. علی‌رغم مشکلاتی که در تجزیه و تحلیل آماری تلاقی‌های دای آلل و تفسیر نتایج وجود دارد، طرح تلاقی‌های دای آلل اطلاعات بسیار زیادی را در مدت زمان کوتاهی فراهم می‌سازد. پرودانویچ (۱۷) در گندم نوع عمل ژن برای تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته را غالبیت و برای تعداد سنبلچه در سنبله افزایشی گزارش نمود، اما برای طول دوره رشد بر اهمیت بیشتر آثار غیر افزایشی ژن‌ها تأکید کرد. هنرنژاد (۴) نیز به منظور برآورد اثر ژن‌های کنترل کننده برخی از صفات کمی برنج، سهم آثار غیر افزایشی ژن‌ها برای طول دوره رشد را بیشتر از آثار افزایشی گزارش نمود. اهدایی و قادری (۱) در مطالعه تعدادی از صفات زراعی گندم نوع عمل ژن برای ارتفاع بوته را، فوق غالبیت گزارش نمودند. در این راستا، ناندا و همکاران (۱۶) و نیز موندال و داسگوپتا (۱۵) برای مطالعه قابلیت ترکیب‌پذیری صفات اقتصادی و فیزیولوژیکی گندم از طرح تلاقی‌های دای آلل استفاده نمودند. برای صفات تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله میانگین مربعات GCA (General Combining Ability) معنی‌دار بود. این نتیجه نشان دهنده سهم بیشتر واریانس افزایشی در کنترل این صفات است. نتایج مطالعه لی و همکاران (۱۲) به منظور بررسی ژنتیکی تعدادی از صفات گندم دوروم نشان داد که نوع عمل ژن برای تعداد سنبلچه درسنبله اصلی افزایشی است.

میشرا (۱۴) در مطالعهٔ قابلیت ترکیب‌پذیری ۶ ژنوتیپ گندم زراعی از طرح تلاقی‌های دای آلل استفاده نمود. در این راستا آثار GCA بالا و معنی‌داری برای تعداد دانه و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی مشاهده شد که بیانگر سهم بیشتر واریانس افزایشی در کنترل این صفات است. منزوی کرباسی (۳) در مطالعه‌ای به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی در گندم، سهم آثار غیر افزایشی ژن‌ها را برای تعداد دانه در سنبله اصلی و شاخص برداشت بیشتر از آثار افزایشی ژن‌ها گزارش کرده است.

ایکرام و تاناک (۱۰) در مطالعهٔ ژنتیکی برخی صفات زراعی گندم دوروم تاکید نموده‌اند که بیشتر بودن واریانس SCA (Specific Combining Ability) برای صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته، حاکی از اهمیت بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها و اپیستازی در کنترل این صفات است. چاوداری (۵) نیز برای این صفات به نتیجه مشابهی دست یافت. نتایج مطالعهٔ سرجی و همکاران (۱۸) نشان داد که نسبت میانگین مربعات GCA به SCA برای عملکرد بیولوژیک بوته معنی‌دار نیست، بنابراین اثر غیر افزایشی ژن‌ها سهم زیادی در کنترل ژنتیکی این صفت دارد. این پژوهش به منظور برآورد میزان ترکیب‌پذیری، نوع عمل ژن، تعداد ژن‌های کنترل کنندهٔ صفات، قابلیت‌های توارث و دیگر پارامترهای ژنتیکی ۹ ژنوتیپ گندم نان و تلاقی‌های حاصل از آنها طرح ریزی شده است.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه ۹ ژنوتیپ گندم، شامل ۳ رقم بومی به نام‌های سفید علی‌آباد، امام بوغداسی و سفیدصالح‌آباد و ۶ رقم گندم اصلاح شده به نام‌های الوند، کراس آزادی، الموت، سبلان، روشن و بیات به عنوان والدین تلاقی‌های دای آلل انتخاب و کلیه تلاقی‌های ممکن بین آنها انجام شد. مقدار مساوی از بذرهای تلاقی‌های اصلی و معکوس مخلوط و در پائیز ۱۳۷۸ بذرهای ۳۶ تلاقی و والدین آنها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان کشت و مورد ارزیابی قرار گرفتند. هر کرت آزمایشی شامل دو ردیف کشت به فاصله ۲۰ سانتی‌متر و طول یک متر بود. اندازه‌گیری تمام صفات روی ۱۰ بوته تصادفی از وسط هر کرت انجام و میانگین آنها در محاسبات منظور شد. این صفات عبارت بودند از: طول دوره رشد (روز تا رسیدگی از زمان کاشت)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد سنبلچه در سنبله اصلی، تعداد دانه در

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

سنبله، وزن سنبله اصلی (گرم)، وزن هزار دانه (گرم)، شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک (در رطوبت ۱۴ درصد) و عملکرد دانه در بوته (گرم). ابتدا داده‌ها مورد تجزیه واریانس قرار گرفت. سپس در صورت معنی‌دار بودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه واریانس دای آلل بر اساس روش ۲ در مدل ثابت گریفینگ (۶) و جینکز- هیمن (۱۱) انجام شد. هم‌چنین مجموع مربعات ژنوتیپ‌ها به سه بخش مربوط به والدها، تلاقی‌ها و والدها در مقابل تلاقی‌ها تفکیک شد. در روش جینکز- هیمن پس از آزمون صادق بودن فرضیات مدل، پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات از جمله نوع عمل ژن، تعداد ژن‌های کنترل کننده، فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برآورد شد.

از روش ۲ در مدل ثابت گریفینگ (۶) به منظور برآورد قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی والدها و قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی تلاقی‌ها استفاده شد (۶). برای محاسبات آماری از نرم‌افزارهای اس. ا. اس و دای آلل استفاده به عمل آمد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در جدول ۱ درج شده است. بر این اساس تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات معنی‌دار بود. بنابراین امکان تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی بر اساس طرح دای آلل برای آنها وجود داشت. تفکیک واریانس ژنوتیپ‌ها به سه جزء والدها، تلاقی‌ها و والدها در برابر تلاقی‌ها و معنی‌دار شدن میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها برای تمام صفات به جز روز تا رسیدگی، بیانگر بروز هتروزیس برای این صفات بود. علاوه بر این میانگین مربعات والدها و تلاقی‌ها برای کلیه صفات معنی‌دار بود، که حاکی از وجود تنوع کافی در بین والدهای مورد بررسی و تلاقی‌های F_1 است. نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه به روش ۲ گریفینگ در جدول ۲ آورده شده است. میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برای تمامی صفات معنی‌دار بود که بیانگر اهمیت اثر افزایشی ژن‌هاست. میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای تمامی صفات به جز تعداد سنبلچه در سنبله معنی‌دار شد. معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA برای عملکرد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک، حاکی از اهمیت هر دو آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی آنهاست، اما معنی‌دار بودن این نسبت برای بقیه صفات، بیانگر سهم بیشتر آثار افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی آنها می‌باشد. در سایر مطالعات (۳، ۱۶و ۲۰) نیز چنین نتایجی گزارش شده است.

روز تا رسیدگی

میانگین طول دوره رشد (روز تا رسیدگی از زمان کاشت) برای والدها از ۲۱۰/۶ تا ۲۲۷ روز و برای تلاقی‌ها از ۲۱۳/۳ تا ۲۲۹/۶ روز متغیر بود. ارقام بیات و سبلان به ترتیب زودرس‌ترین و دیررس‌ترین والدها بودند (جدول ۵). تلاقی‌های کراس آزادی × سفیدعلی‌آباد و سفیدصالح‌آباد × سفیدعلی‌آباد به ترتیب با میانگین‌های ۲۲۹/۶ و ۲۲۸/۶ روز، دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. اما تلاقی‌های بیات× امام بوغداسی (۲۱۳/۲روز) و روشن × بیات (۲۱۴/۳ روز) کمترین طول دوره رشد را داشتند. علی‌رغم معنی‌دار بودن نسبت میانگین مربعات GCA به SCA (جدول ۲) مقایسه مقادیر واریانس‌های GCA (۲/۰۵) و SCA (۹/۸۱) بیانگر سهم بیشتر آثار غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی روز تا رسیدگی بود. پرودانوویچ (۱۷) در گندم و هنرنژاد (۴) در برنج نیز بر اهمیت بیشتر اثرات غیر افزایشی ژن‌ها برای روز تا رسیدگی (طول دوره رشد) تأکید نموده‌اند. قابلیت توارث عمومی این صفت بر مبنای اجزای واریانس ۹۲ درصد برآورد گردید، در حالی که قابلیت توارث خصوصی این صفت ۲۷ درصد بود. تفاوت زیاد این دو برآورد نیز حاکی از سهم بیشتر واریانس غالبیت در کنترل ژنتیکی روز تا رسیدگی است. بنابراین تصمیم‌گیری برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر مبنای قابلیت

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7] [Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

جدول ۱. تجزیه واریانس دای آلل برای صفات مورد مطالعه در ٤٥ ژنوتیپ (۹ والد و ۳٦ تلاقی مربوط)در گندم نان

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		روز تا رسیدگی	ارتفاع بوته	تعداد سنبلچه در سنبله اصلی	تعداد دانه در سنبله اصلی	وزن سنبله اصلی	وزن هزار دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	عملکرد دانه
ژنوتیپ	٤٤	٤٤/٩٢**	٥٢١/٥٨**	٥/٥٢**	٤١٢/٢٥**	١/٤٢**	٩٤/٩٩**	٦٦٣/٩٧**	٤٦/٦٦**	١٣٧/٥٣**
والدها	٨	٧٣/٨٣**	٦٥٧/٣٥**	٣/٦١**	٣٨٦/٠٣**	٠/٨٧٥**	١٣٠/٤٩**	٨٩٩/٨٠**	٢٨/٢٣**	١٠٧/٢٩**
تلاقی‌ها	٣٥	٣٨/٤٢**	٣٩٤/١٦**	٥/٨٣**	٤٥٢/٨١**	١/٤٨٢**	٨٠/٦٣**	٥٨٢/٧٦**	٤٦/١٧**	١٢٦/٦٦**
والدها در مقابل تلاقی‌ها	١	١/٧٨	٣٨٩٥/١٣**	١٠/١١*	١٤٧/٢٣**	٤/٠١١**	٣٢٠/٣٦**	١٦١٩/٦٦**	٢١١/٣٤**	٧٥٩/٨٠**
خطا	٨٨	٣/١٦	١٢٢/٠١	١/٧٦	٣٤/٧٥	٠/٣١	١٦/٢	١٤٢/٢١	٦/٠٣١	٢٠/٦٤

جدول ۲. تجزیه واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی صفات مورد مطالعه به روش گریفینگ در تلاقی‌های دای آلل ۹ رقم گندم نان

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		روز تارسیدگی	ارتفاع بوته	تعداد سنبلچه در سنبله اصلی	تعداد دانه در سنبله اصلی	وزن سنبله اصلی	وزن هزار دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	عملکرد دانه
تلاقی	٤٤	٤٤/٨٠	٥٢١/٥٧	٢/٥٢	٤٢١/٤٠	١/٤٢	٩٤/٧٢	٦٨٧/٦٣	٤٦/٦٦	١٣٧/٢٥
GCA	٨	١٠٠/١٥**	١٠٢٧/١٤**	٢٠/٩٧**	١٨٢٧/٨٦**	٤/٥٥**	٣٣٧/٧٨**	٨٤١/٥٠**	٩٩/٧٢**	١٦٣/٤٩**
SCA	٣٦	٣٢/٥٠**	٤٠٩/٢٢**	٢/٠٩	٩٧/٨٥**	٠/٧٣*	٤٠/٧٠**	٦٥٣/٤٤**	٣٤/٨٧**	١٣١/٤٢**
خطا	٨٨	٣/١٦	١٢٢/٠١	١/٧٦	٣٤/٧٥	٠/٣١	١٦/٢	١٤٢/٢١	٦/٠٣١	٢٠/٦٤
MSGCA / MSSCA		٣/٠٨**	٢/٠٥*	١٠/٠٣**	١٨/٦٣**	٦/٢٣**	٨/٢٩**	١/٢٨	٢/٨*	١/٢٤

توارث عمومی باید با احتیاط بیشتری انجام شود. ارقام سبلان، الموت، سفیدصالح‌آباد و روشن کمترین اثر GCA منفی و معنی‌دار را داشتند (جدول ۳)، بنابراین استفاده از این ارقام برای انتخاب لاین‌های زودرس در نسل‌های درحال تفرق نتایج مطلوبی به دنبال خواهد داشت. تلاقی‌های سفیدصالح‌آباد × کراس آزادی، امام بوغداسی× کراس آزادی و امام بوغداسی× بیات، کمترین اثر SCA منفی و معنی‌دار را نشان دادند، بنابراین در بین نتاج حاصل از این تلاقی‌ها می‌توان جهت زودرسی، اقدام به گزینش نمود. قابلیت توارث خصوصی نسبتاً کم و سهم بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای این صفت حاکی از پیچیده بودن کنترل ژنتیکی آن است. بنابراین انتخاب برای ژنوتیپ‌های مورد نظر در برنامه به نژادی در نسل‌های اولیه از راندمان پایینی برخوردار است و تنها می‌توان از ارقام بیات، الموت، سفیدصالح‌آباد و روشن برای تولید ارقام زودرس استفاده نمود.

ارتفاع بوته

ارقام بیات و سبلان به ترتیب با میانگین‌های ۷۵/۹۶ و ۱۱۷/۵ سانتی‌متر، کوتاه‌ترین و بلندترین والدها از نظرارتفاع بوته بودند (جدول ۵). در بین تلاقی‌ها، امام بوغداسی× سفیدعلی‌آباد، بلندترین و تلاقی کراس آزادی× سفیدصالح‌آباد کوتاه‌ترین ارتفاع بوته را داشتند (جدول ۳). تلاقی کراس آزادی× سفیدصالح‌آباد نیز دارای کمترین میانگین روز تا رسیدگی بود. وجود اثر GCA منفی و معنی‌دار برای ارقام بیات، کراس آزادی و الموت (جدول ۵) این امید را می‌دهد که در بین نتاج تلاقی‌ها این والدها بتوان گیاهان پاکوتاهی را گزینش نمود. تلاقی کراس آزادی× سفید صالح‌آباد، کمترین اثر SCA منفی و معنی‌دار را برای ارتفاع بوته و روز تا رسیدگی داشت (جدول ۴). هم‌چنین والدهای این تلاقی کمترین ترکیب‌پذیری عمومی را برای ارتفاع بیشتر بوته و طول دوره رشد داشتند. بنابراین نتاج حاصل از این تلاقی و تلاقی‌های روشن× سفیدعلی‌آباد و کراس آزادی × سبلان با کمترین اثر SCA منفی و معنی‌دار برای ارتفاع بوته و طول دوره رشد، می‌توانند منشأ گزینش ژنوتیپ‌های زودرس و پاکوتاه باشند. آزمون مقدماتی مدل جینکز- هیمن (جدول ۶) برای ارتفاع بوته پس از حذف رقم کراس آزادی نشان داد که ضریب رگرسیون W_r (کوواریانس ردیف‌های جدول دای آلل) روی V_r (واریانس ردیف‌های جدول دای آلل) به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک است. بنابراین حذف این والد و حذف اثر متقابل ژن‌های آن با سایر والدها در تلاقی‌های مربوط باعث شد که فرضیات مدل صادق شوند. خط رگرسیون W_r روی V_r در قسمت منفی، محور W_r را قطع نمود (شکل ۱). بنابراین، این صفت تحت تأثیر اثر فوق غالبیت ژن‌هاست. پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون نشان داد که رقم روشن، نزدیک‌ترین والد به محل قطع خط رگرسیون با محور W_r است. بنابراین دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب است. با توجه به نزدیکی ارقام سفید صالح‌آباد و سفیدعلی‌آباد به رقم روشن و رقم بیات به رقم الموت و میانگین ارتفاع بوته آنها می‌توان نتیجه گرفت که این ارقام از نظر ژنوتیپی برای این صفت شبیه به یکدیگرند. هم‌چنین ارتفاع بوته بیشتر با ژن‌های غالب و پاکوتاهی با ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. مقدار مثبت (H_1-H_2) نشان می‌دهد که فراوانی آلل‌های غالب (u) و مغلوب (v) در تمام مکان‌های ژنی کنترل کننده ارتفاع بوته، مساوی نمی‌باشد (جدول ۶). نسبت $H_2/4H_1$ =۰/۲۳ نیز اثبات دیگری بر این مدعاست. نسبت $[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$ نشان داد که ارقام مورد مطالعه از نظر ارتفاع بوته، دارای آلل‌های غالب بیشتری نسبت به آلل‌های مغلوب می‌باشند. علامت جبری ضریب رگرسیون (W_r+V_r) و Y_r مبین اثر افزایشی آلل‌های غالب است. بنابراین در برنامه‌های تلاقی برای به نژادی، استفاده از ارقام روشن، سفیدعلی‌آباد و سفیدصالح‌آباد با بیشترین ژن‌های مغلوب، ارتفاع بوته را در نتاج کاهش می‌دهد. میانگین درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ دلالت بر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌هاست. نسبت $4h^2/H_2$ نشان داد که حداقل تعداد ژن که درجه‌ای از غالبیت را نشان می‌دهند برابر ۱۱ است. بنابراین حداقل ۱۱ ژن یا گروه ژنی در کنترل این صفت نقش دارند. نسبت $1/2F/[D(H_1 - H_2)]^{1/2}$ به یک نزدیک بود،

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جدول ۳. میانگین صفات مختلف برای ۳۶ تلاقی دای آلل ۹ رقم گندم نان

تلاقی	طول دوره رشد	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	تعداد سنبلچه در سنبله اصلی	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله اصلی (گرم)	وزن هزار دانه(گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت (گرم)	عملکرد دانه (گرم)
سبلان × سفیدعلی آباد	۲۲۱/۰	۱۰۶/۸	۱۸/۵	۵۰/۳	۳/۱۷	۵۰/۸۲	۶۱/۸	۳۸/۴	۲۳/۷
کراس آزادی × سفیدعلی آباد	۲۲۹/۶	۱۲۵/۷	۲۱/۰	۶۶/۸	۴/۶۵	۵۳/۲۷	۹۱/۸	۳۸/۵	۳۵/۳
الوند × سفیدعلی آباد	۲۲۲/۰	۱۰۹/۵	۲۰/۵	۶۷/۳	۴/۶۸	۵۵/۵۹	۶۹/۱	۴۳/۳	۳۰/۰
امام بوغداسی× سفیدعلی آباد	۲۲۳/۳	۱۳۰/۸	۱۹/۱	۴۳/۹	۳/۲۷	۵۷/۸۶	۹۴/۵	۳۲/۲	۲۹/۷
روشن × سفید علی آباد	۲۱۹/۶	۱۰۴/۱	۱۹/۸	۵۶/۰۳	۳/۲۱	۴۵/۴۲	۶۳/۶	۳۹/۴	۲۵/۱
سفید صالح‌آباد × سفید علی‌آباد	۲۲۸/۶	۱۱۶/۹	۲۰/۳	۵۴/۳	۳/۷۸	۵۰/۹۷	۸۳/۹	۴۰/۰	۳۳/۵
الموت × سفید علی‌آباد	۲۲۰/۶	۱۱۱/۷	۲۰/۴	۵۸/۹	۳/۷۱	۴۸/۲۵	۷۲/۱	۴۰/۲	۲۴/۴
بیات × سفیدعلی آباد	۲۲۴/۰	۱۲۲/۰	۲۰/۴	۶۷/۹	۴/۴۱	۵۰/۵۷	۸۹/۵	۴۵/۰	۳۹/۹
کراس آزادی × سبلان	۲۱۹/۰	۹۵/۴	۱۹/۶	۵۳/۷	۳/۰۷	۴۵/۴۰	۵۷/۳	۴۴/۰	۲۴/۸
الوند × سبلان	۲۱۹/۶	۱۱۴/۲	۲۰/۸	۶۸/۴	۴/۳۲	۴۹/۰۲	۷۹/۳	۴۱/۳	۳۲/۷
امام بوغداسی × سبلان	۲۲۱/۰	۱۲۸/۵	۱۹/۰	۴۷/۹	۲/۹۶	۴۹/۳۰	۶۴/۴	۳۸/۱	۲۴/۶
روشن × سبلان	۲۲۱/۰	۱۲۳/۱	۲۱/۰	۵۴/۵	۳/۴۷	۴۸/۵۶	۷۹/۳	۳۸/۳	۲۹/۵
سفید صالح‌آباد × سبلان	۲۲۲/۳	۱۲۰/۰	۲۰/۰	۴۹/۲	۳/۰۱	۴۶/۸۸	۸۱/۰	۳۷/۶	۳۰/۴
الموت × سبلان	۲۱۸/۳	۱۰۷/۲	۲۰/۸	۷۳/۹	۴/۲۷	۴۳/۸۰	۷۳/۶	۴۱/۹	۳۱/۰
بیات × سبلان	۲۱۹/۹	۱۰۸/۱	۲۰/۶	۷۴/۰	۳/۸۱	۴۵/۷۴	۵۰/۰	۴۱/۶	۲۰/۴
الوند × کراس آزادی	۲۲۲/۳	۱۰۰/۹	۲۱/۷	۸۰/۷	۴/۳۱	۴۰/۸۸	۷۰/۳	۴۵/۶	۳۱/۹
امام بوغداسی × کراس آزادی	۲۱۵/۶	۱۰۳/۴	۱۸/۵	۵۵/۶	۲/۹۴	۴۱/۶۰	۶۶/۶	۳۷/۰	۲۴/۷
روشن × کراس آزادی	۲۱۱/۶	۱۱۵/۹	۲۱/۱	۷۲/۳	۴/۴۹	۴۷/۷۲	۸۱/۰	۴۳/۵	۳۵/۳
سفید صالح‌اباد × کراس آزادی	۲۱۴/۳	۷۴/۷	۱۷/۸	۵۵/۴	۲/۷۱	۴۱/۲۱	۴۴/۰	۴۴/۳	۱۹/۵
الموت × کراس آزادی	۲۲۰/۶	۱۰۱/۹	۲۲/۵	۷۳/۵	۳/۷۷	۳۵/۴۸	۸۴/۴	۴۲/۰	۳۵/۵
بیات × کراس آزادی	۲۲۴/۶	۹۵/۴	۲۰/۸	۸۴/۹	۳/۹۹	۴۱/۲۱	۵۷/۶	۴۰/۸	۲۵/۱
امام بوغداسی × الوند	۲۲۲/۰	۱۲۰/۸	۲۱/۲	۶۳/۸	۳/۹۲	۴۶/۳۵	۸۰/۵	۴۱/۵	۳۳/۳
روشن × الوند	۲۱۷/۳	۱۲۴/۱	۲۱/۸	۶۴/۲	۴/۱۱	۴۴/۳۱	۸۳/۹	۴۶/۱	۳۸/۵
سفید صالح آباد × الوند	۲۱۹/۰	۱۱۰/۶	۲۰/۴	۶۵/۵	۳/۷۲	۴۱/۰۶	۷۴/۲	۴۲/۸	۳۱/۸
الموت × الوند	۲۲۱/۰	۱۰۶/۴	۲۴/۰	۸۲/۸	۵/۰۰	۴۵/۰۷	۸۷/۸	۴۱/۳	۳۶/۱
بیات× الوند	۲۲۳/۶	۱۰۷/۳	۲۳/۲	۸۶/۵	۵/۴۳	۴۵/۳۵	۸۲/۱	۴۲/۰	۳۴/۴
روشن × امام بوغداسی	۲۲۱/۳	۱۱۹/۹	۲۰/۱	۴۸/۹	۳/۲۵	۵۰/۷۵	۷۸/۱	۳۶/۷	۲۸/۶
سفید صالح‌آباد × امام بوغداسی	۲۱۸/۰	۱۰۱/۰	۱۷/۸	۴۳/۶	۲/۷۱	۴۸/۶۱	۶۴/۳	۴۱/۸	۲۶/۹
الموت × امام بوغداسی	۲۱۹/۶	۱۰۱/۱	۱۹/۰	۵۸/۸	۳/۰۵	۳۹/۴۶	۶۵/۱	۳۴/۵	۲۲/۵
بیات × امام بوغداسی	۲۱۳/۳	۱۰۴/۹	۱۹/۴	۴۶/۲	۲/۳۳	۳۵/۷۶	۳۰/۷	۲۶/۵	۸/۳
سفید صالح‌آباد × روشن	۲۲۰/۶	۱۰۹/۴	۱۹/۶	۴۸/۷	۲/۸۳	۴۳/۹۹	۵۸/۹	۳۶/۵	۲۱/۴
الموت × روشن	۲۱۸/۳	۱۱۸/۸	۲۱/۸	۶۶/۶	۴/۰۴	۴۶/۷۱	۸۷/۶	۴۱/۵	۳۸/۰۱
بیات × روشن	۲۱۴/۳	۱۱۱/۴	۲۱/۳	۶۸/۳	۳/۷۴	۴۱/۴۷	۷۹/۵	۳۹/۶	۳۵/۴۰
الموت × سفید صالح‌آباد	۲۱۶/۶	۱۱۴/۱	۲۰/۹	۷۰/۹	۳/۹۴	۴۵/۳۸	۸۳/۷	۴۱/۱	۳۴/۴
بیات × سفید صالح‌آباد	۲۱۶/۶	۱۰۴/۰	۱۹/۴	۶۶/۳	۳/۷۰	۳۹/۵۷	۶۷/۰	۴۵/۱	۳۰/۲۰
بیات × الموت	۲۱۵/۶	۸۸/۸	۲۲/۴	۷۵/۰	۳/۹۷	۳۷/۵۳	۷۴/۲	۴۲/۳	۳۱/۴۰
LSD (P<۰/۰۵)	۲/۷۳	۱۶/۹۶	۲/۰۳	۹/۰۴	۰/۸۵	۶/۱۷	۱۸/۳۰	۶/۹۷	۳/۷۶

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جدول ۴. اثر قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) تلاقی‌های دای آلل ۹ رقم گندم نان

تلاقی	طول دوره رشد	ارتفاع بوته (سانتی متر)	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله اصلی	وزن هزار دانه	عملکرد بیولوژیک	عملکرد دانه	شاخص برداشت
سبلان × سفیدعلی آباد	−۳/۴۶**	−۱۱/۰	−۱/۰	−۴/۴	−/۴۸	−۱/۸	−۱۸/۳*	−۵/۵*	۰/۵
کراس آزادی × سفیدعلی آباد	۵/۱۳**	۱۸/۶**	۱/۱	۳/۱	۰/۷۶*	۵/۰*	۱۳/۸*	۴/۵	−۲/۰
الوند×سفیدعلی آباد	−۱/۳۴	−۱/۵	−۰/۵	−۰/۱	۰/۲۵	۴/۱	−۱۰/۰	−۱۲/۵**	۱/۶
امام بوغداسی× سفیدعلی آباد	−۰/۱۰	۱۲/۵*	۰/۳	−۰/۳	۰/۰۸	۶/۳**	۲۰/۸**	۳/۸	−۳/۳*
روشن × سفید علی آباد	−۲/۶۴**	−۱۴/۶*	−۰/۳	۱/۶	−۰/۵۳	−۷/۱**	−۱۸/۲**	−۶/۵**	۰/۳
سفید صالح آباد × سفید علی‌آباد	۶/۳۸**	۷/۴	۱/۴*	۴/۰	۰/۵۰	۰/۵	۱۰/۰	۵/۴*	۰/۹
الموت × سفید علی‌آباد	−۱/۲۲	۴/۴	−۰/۳	−۵/۰	−۰/۲۰	۱/۱	−۸/۲	−۵/۹*	۱/۴
بیات × سفیدعلی آباد	۳/۱۳**	۱۷/۱**	۰/۱	۲/۲	۰/۴۶	۳/۸	۲۱/۰**	۱۲/۸**	۵/۹**
کراس آزادی × سبلان	−۳/۳۵**	−۱۲/۴*	−۰/۴	−۱۱/۴**	−۰/۵۵	۱/۳	−۱۵/۷*	−۴/۲	۳/۳*
الوند × سبلان	−۱/۷	۲/۳	−۰/۴	−۰/۵	۰/۱۵	۱/۷	۵/۰	۱/۹	−۰/۴
امام بوغداسی × سبلان	−۰/۲۵	۸/۵	۰/۱	−۰/۵	۰/۰۲	۱/۹	−۴/۲۰	۰/۴	۲/۵
روشن × سبلان	−۰/۶۵	۳/۵	۰/۶	−۱/۴	−/۰۲	۰/۱	۲/۵	−/۴	−۰/۷
سفید صالح‌آباد × سبلان	۱/۰۱	۹/۷	۱/۰	−۲/۶	−/۰۱	۰/۶	۱۲/۱	۴/۰	−۱/۴
الموت × سبلان	−۱/۵۸	−۰/۸	−۰/۱	۸/۳*	۰/۶	۰/۸	−۱/۷	۲/۳	۳/۱*
بیات × سبلان	۰/۴۴	۲/۴	۰/۱	۶/۷*	۰/۱۲	۳/۲	−۱۳/۴**	−۴/۸	۲/۵
الوند × کراس آزادی	۱/۰۷	−۰/۱	۰/۲	۲/۸	−/۰۷	−۱/۹	−۱/۸	−/۳	۱/۲
امام بوغداسی × کراس آزادی	−۵/۴**	−۴/۷	−۰/۷	−۱/۸	−/۲۰	−۱/۳	۰/۱	−/۹	−۱/۲
روشن × کراس آزادی	−۲/۵۵**	۷/۱	۰/۴	۷/۴*	۰/۷۷*	۳/۷	۶/۲	۳/۸	۱/۷
سفید صالح‌اباد × کراس آزادی	−۵/۸۶**	۲۴/۷**	−۱/۴*	−۵/۳	−۰/۵۳	−۰/۵	−۲۲/۷*	−۸/۳**	۲/۵
الموت × کراس آزادی	۰/۸۶	۴/۶	۱/۲	−۰/۹	−۰/۱۰	−۳/۰	۱۱/۱	۵/۴*	۰/۵
بیات × کراس آزادی	۵/۸۹**	۰/۶۲	۰/۱	۸/۷**	۰/۰۸	−۳/۱۷	−۳/۷	−۱/۶	−۰/۹
امام بوغداسی × الوند	−۲/۴*	۸/۵	۰/۸	۲/۶	۰/۲۲	۰/۲	۱۲/۷	۵/۹*	۱/۲
روشن × الوند	−۰/۷۰	۱۱/۴	−۰/۱	۴/۳	−۰/۱۴	−۲/۸	۷/۹	۵/۳*	۳/۲*
سفید صالح آباد × الوند	−۰/۰۱	۷/۱	−۰/۱	۱/۰	۰−/۰۶	−۳/۹	۶/۱	۲/۲	−۰/۱
الموت × الوند	۲/۳۸**	۵/۱	۱/۶*	۴/۶	۰/۵۷	۳/۳	۱۳/۳*	۳/۴	−۱/۲
بیات× الوند	۶/۰۷**	۸/۴	۱/۱	۶/۶*	۰/۹۸**	۴/۱	۱۹/۵**	۵/۹*	−۰/۸۰
روشن × امام بوغداسی	۳/۴۱**	−۰/۲	۰/۵	۰/۷	۰/۲۳	۳/۴	۷/۷	۲/۲	۰/۱۰
سفید صالح‌آباد × امام بوغداسی	−۰/۸۹	−۹/۵	−۰/۴	۰/۴	۰/۱۵	۳/۵	۱/۸	۳/۹	۵/۱**
الموت × امام بوغذاسی	۱/۱۶	۹/۰	−۱/۰	۱/۰	−۰/۱۳	−۲/۳	−۳/۸	−۲/۷	−۱/۹
بیات × امام بوغداسی	−۴/۱۳**	−۱/۱	−۰/۳	−۱۳/۲**	−۰/۸۸**	−۵/۵*	−۲۶/۲*	−۱۳/۵**	−۹/۹**
سفید صالح‌آباد × روشن	−۲/۶۸**	−۱/۶	−۰/۱	−۲/۷	−۰/۲۸	−½	−۱۱/۷	−۷/۳**	−۳/۷**
الموت × روشن	۰/۷۴	۹/۹	۰/۲	۱/۴	۰/۲۸	۳/۸	۱۰/۵	۷/۰**	۳/۶**
بیات × روشن	−۲/۲۲**	۴/۹	۰/۱	۱/۵	−۰/۰۳	−۰/۹	۱۴/۲*	۷/۸**	−۰/۶
الموت × سفید صالح‌آباد	−۰/۸۹	۱۴/۵*	۰/۶	۹/۸**	۰/۶۶**	۴/۷	۱۴/۵*	۶/۹**	۱/۲
بیات × سفید صالح‌آباد	۰/۱۳	۶/۸	−۰/۳	۳/۵	۰/۳۹	−۰/۶	۹/۷	۶/۰*	۴/۸**
بیات × الموت	−۰/۴۶	−۶/۱	۰/۷	−۱/۴	۰/۰۲	۰/۶	۱۰/۴	۰/۵*	۲/۴

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

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جدول ۵. اثر قابلیت ترکیب پذیری عمومی (GCA) و میانگین والدها (اعداد داخل پرانتز) برای صفات مختلف در ۹ رقم گندم

والدها	طول دوره رشد	ارتفاع بوته	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله اصلی	وزن هزار دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	عملکرد دانه
سفیدعلی آباد	۳/۳۱**	۴/۶۶*	-۰/۴۶	۴/۶۲**	۰/۱۴	۶/۰۳**	۷/۲**	-۰/۹۷*	۱/۳
	(۲۲۳/۶)	(۱۰۰/۵)	(۱۹/۱)	(۵۳/۹)	(۳/۴۹)	(۵۰/۸۶)	(۷۹/۷)	(۳۵/۱)	(۲۷/۹)
سبلان	۱/۳۴**	۵/۴۷*	-۰/۳۲	-۳/۰۳*	-۰/۱۱	۱/۸۴*	۲/۲	-۰/۹۱	-۰/۳
	(۲۲۷)	(۱۱۷/۵)	(۱۹/۷)	(۵۹/۴)	(۳/۴۹)	(۴۴/۴۳)	(۹۱/۹)	(۳۳/۲)	(۳۰/۷)
کراس آزادی	۱/۲۲	-۵/۳۴*	۰/۰۲	۵/۸۵**	۰/۱۰	-۲/۶۱**	۰/۱	۱/۷۴**	۱/۱
	(۲۱۹/۳)	(۱۰۲/۵۳)	(۲۰/۱)	(۷۲/۸)	(۳/۷۷)	(۳۶/۳۲)	(۷۷/۴)	(۴۰/۷)	(۳۱/۴)
الوند	۰/۰۴	۱/۳۲	۱/۹۰**	۹/۵۶**	۰/۶۴**	۰/۵۸	۱/۳	۲/۸۷**	۲/۹**
	(۲۱۶/۶)	(۸۴/۳۳)	(۲۱/۴)	(۷۵/۰)	(۳/۹۷)	(۴۳/۴۷)	(۴۷/۰)	(۴۲/۸)	(۲۲/۶)
امام بوغداسی	-۰/۰۷	۵/۸۶*	-۱/۱۰۳**	-۱۰/۸۵**	-۰/۵۸**	۰/۰۷	-۴/۲	-۳/۲۹**	-۳/۷**
	(۲۲۲/۳)	(۱۰۷/۹۰)	(۱۸/۵)	(۴۸/۱)	(۲/۷۰)	(۴۳/۰۷)	(۵۷/۷)	(۳۶/۴)	(۲۱/۱)
روشن	-۰/۹۸**	۶/۳۲**	۰/۳۶	-۳/۴۵**	-۰/۰۲	۱/۷۵**	۴/۰	۰/۲۳	۲/۰*
	(۲۱۹/۳)	(۱۱۰/۰۳)	(۲۰/۳)	(۵۳/۴)	(۳/۴۵)	(۴۹/۲۴)	(۶۹/۰)	(۳۸/۳)	(۲۶/۳)
سفید صالح‌آباد	-۱/۰۱**	-۲/۶۹	-۱/۰۶**	-۷/۵۲**	-۰/۴۹**	-۰/۴۱	-۳/۹	۰/۱۹	-۱/۵
	(۲۱۶/۶)	(۹۶/۹۵)	(۱۷/۹)	(۴۳/۷)	(۲/۲۳)	(۴۲/۹۰)	(۵۲/۷)	(۳۵/۴)	(۱۷/۶)
الموت	-۱/۴۱**	-۵/۱۲*	۰/۸۷**	۶/۲۰**	۰/۱۴	۳/۷۱**	۲/۵	-۰/۱۰	۰/۷
	(۲۱۶/۶)	(۷۷/۱۳)	(۲۰/۵)	(۶۵/۹)	(۳/۰۷)	(۷۸/۳۲)	(۵۲/۵)	(۳۴/۹)	(۱۸/۳)
بیات	-۲/۴۴**	-۷/۵۸**	۰/۴۶	۷/۸۶**	۰/۱۶	۴/۱۷**	-۹/۴**	۰/۲۳	-۲/۶**
	(۲۱۰/۶)	(۷۵/۹۶)	(۲۰/۴)	(۷۰/۷۶)	(۳/۳۷)	(۳۲/۵۲)	(۳۶/۰)	(۳۸/۶)	(۱۴/۱)

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

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

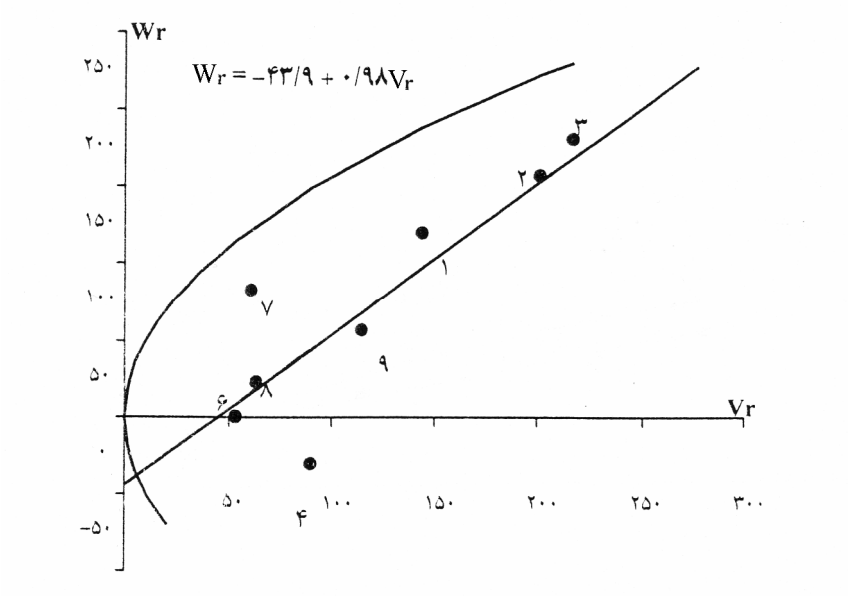
[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جدول ۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری برای ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد سنبلچه در سنبله اصلی، تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن هزار دانه (گرم)، عملکرد بیولوژیک (گرم در بوته)، شاخص برداشت (درصد) و عملکرد دانه (گرم در بوته) در تلاقی‌های دای آلل ۹ رقم گندم

پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری	مقادیر برآورده شده						
	ارتفاع بوته	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله اصلی	وزن هزار دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	عملکرد دانه در بوته
b (ضریب رگرسیون)	۰/۹۸	۰/۶۳	۰/۵۹	۰/۹۸	۰/۷۰	۰/۸۶	۰/۵۹
D	۲۰۵/۴۰	۰/۶۸	۳/۳۸	۳۸/۱۰	۰/۶۴	۱۰/۱۴	۱۹/۱۲
H_1	۳۱۹/۹۸	۰/۶۴	۰/۰۲	۳۸/۳۰	۲/۳۳	۲۲/۴۸	۱۰۰/۷۴
H_2	۲۹۸/۹۳	۰/۸۲	۱/۸۷	۳۶/۳۵	۱/۵۹	۲۲/۰۵	۷۹/۴۵
F	۱۳۶/۷۱	−۱/۶۴	−۱/۶۰	−۰/۳۹	۱/۳۸	۵/۵۱	۲۹/۰۴
h^2	۸۲۸/۶۳	۰/۴۸	۱/۲۲	۴۴/۹۴	۰/۳۳	۶۲/۱۴	۳۵/۵۹
H_1- H_2	۲۱/۰۵	−۰/۱۸	−۱/۸۵	۱/۹۵	۰/۴۷	۰/۴۳	۲۱/۲۹
$H_2/4H_1$	۰/۲۳	۰/۳۲	۰/۱۷	۰/۲۳	۰/۱۷	۰/۲۴	۰/۱۹
$(H_1/D)^{1/2}$	۱/۲۴	۰/۹۶	۰/۸۸	۱/۰۰۲	۱/۸۹	۱/۴۸	۲/۲۹
$\frac{(4DH_1)^{1/2}+F}{(4DH_1)^{1/2}-F}$	۱/۷۲	−۰/۱۰	−۰/۵	۰/۹۹	۳/۵۷	۱/۴۴	۱/۹۹
ضریب رگرسیون (Wr+Vr) روی Y_r	−۹/۶۶	−۲/۷۷	−۱۲/۰۰	−۰/۱۷	−۰/۷۰	−/۳۳	−۱/۸۳
$4h^2/H_2$	۱۱/۰۸	۲/۳۴	۲/۶۰	۴/۹۵	۰/۸۳	۱۱/۲۷	۱/۷۹
$\frac{1}{2F\sqrt{D(H_1-H_2)}}$	۱/۰۳	−	−	−۰/۰۲	۱/۲۵	۱/۳۱	۰/۷۱
قابلیت توارث عمومی	۰/۷۴	۰/۶۸	۰/۹۲	۰/۸۴	۰/۶۹	۰/۷۸	۰/۸۴
قابلیت توارث خصوصی	/۲۸۰	۰/۵۷	۰/۷۹	۰/۵۸	۰/۱	۰/۲۴	۰/۱۸

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۱. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند، ۲- بیات، ۳- الموت، ۴- سفید علی آباد ۶- روشن، ۷- سبلان، ۸- سفید صالح آباد و ۹- امام بوغداسی) در طول خط رگرسیون برای ارتفاع بوته

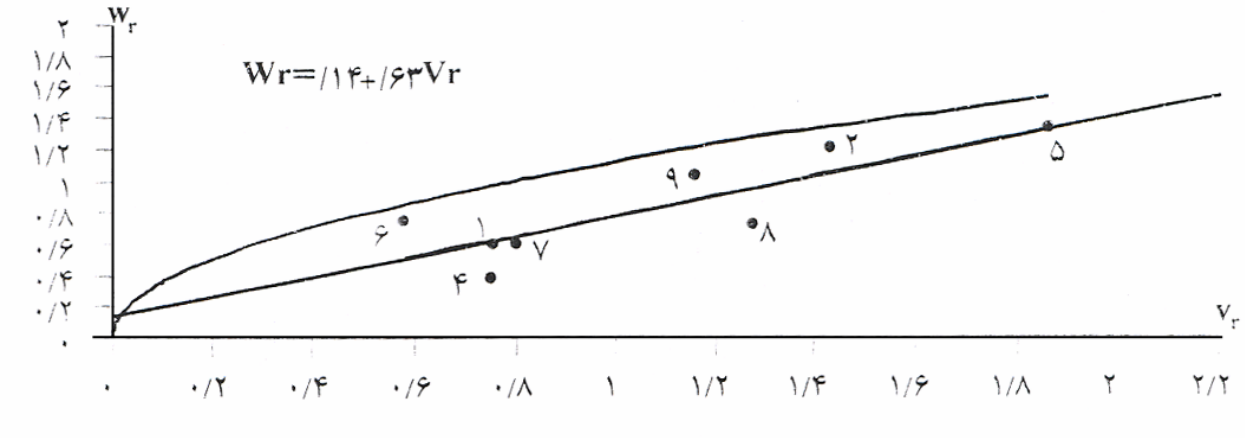
بنابراین تغییرات سطح غالبیت از یک مکان به مکان ژنی دیگر چندان محسوس نیست. برآوردهای قابلیت توارث عمومی و خصوصی بر اساس روش دای آلل و مدل جینکز- هیمن به ترتیب ۷۴ و ۲۸ درصد (جدول ۶) محاسبه شد. علی‌رغم قابلیت توارث عمومی بالای ارتفاع بوته که حاکی از تأثیر نسبتاً کم عوامل محیطی بر این صفت و کارآیی انتخاب مستقیم برای آن است، وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها، معنی‌دار بودن اثر والدها در برابر تلاقی‌ها و قابلیت توارث خصوصی کم، بیانگر آن است که انتخاب برای ژن‌های پاکوتاه در نسل‌های اولیه موفقیت‌آمیز نیست.

تعداد سنبلچه در سنبله اصلی

والدها و تلاقی‌ها از نظر تعداد سنبلچه در سنبله اصلی اختلاف معنی‌داری داشتند (جدول ۱). میانگین تعداد سنبلچه در سنبله اصلی از ۱۷/۹ برای رقم سفیدصالح‌آباد تا ۲۱/۴ برای الوند متغیر بود (جدول ۵). تلاقی‌های الوند × الموت و سفیدصالح‌آباد × امام بوغداسی به ترتیب با ۲۴ و ۱۷/۸ بیشترین و کمترین تعداد سنبلچه در سنبله را داشتند (جدول ۳). میانگین مربعات GCA برای این صفت معنی‌دار بود (جدول ۲). معنی‌دار نبودن میانگین مربعات SCA دلالت بر سهم بسیار زیاد اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت دارد. هم‌چنین معنی‌دار بودن نسبت بالای میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA (جدول ۲) و سهم بیشتر واریانس افزایشی در واریانس ژنتیکی، دلیلی بر این مدعاست. سیرواستاوا و همکاران (۱۹) و موندال و داسگوپتا (۱۵) نیز بر اهمیت بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت تأکید نموده‌اند. ارقام الوند و الموت به ترتیب بیشترین اثر GCA مثبت و معنی‌دار را داشتند (جدول۵). این ارقام هم‌چنین بیشترین تعداد سنبلچه در سنبله اصلی که بیانگر ارتباط میانگین این صفت با اثر GCA است را دارا بودند (جدول ۵). الوند در تلاقی با الموت اثر SCA مثبت و معنی‌داری را نشان داد (جدول ۴). بنابراین ارقام الوند و الموت به ترتیب با میانگین ۲۱/۴ و ۲۰/۴ سنبلچه در سنبله اصلی نه تنها موجب افزایش این صفت در نتاج حاصل از تلاقی‌ها می‌شوند، بلکه استفاده از آنها و نتاج حاصل از تلاقی آنها در برنامه‌های به نژادی این صفت ممکن است نتایج بسیار امیدوار کننده‌ای (با توجه به سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۲. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند ۲- بیات ۴- سفید علی آباد ۵- کراس آزادی ۶- روشن ۷- سبلان ۸- سفید صالح آباد و ۹- امام بوغداسی)در طول خط رگرسیون برای تعداد سنبلچه در سنبله اصلی

کنترل ژنتیکی این صفت) به دنبال داشته باشد. آزمون مقدماتی مدل جینکز- هیمن (جدول ۶) برای این صفت پس از حذف والد الموت، حاکی از آن بود که ضریب رگرسیون W_r روی V_r به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک است. خط رگرسیون W_r روی V_r در قسمت مثبت، محور W_r را قطع نمود (شکل ۲). بنابراین این صفت با غالبیت نسبی ژن‌ها کنترل می‌شود. برآورد میانگین درجه غالبیت (جدول ۶) نیز بر اثر غالبیت نسبی ژن‌ها دلالت دارد. لی و کالتیسکیس (۱۲) نیز نوع عمل ژن برای این صفت را غالبیت نسبی گزارش کردند. رقم سفیدعلی‌آباد نزدیک‌ترین والد به محل قطع رگرسیون با محور W_r می‌باشد، بنابراین دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب است و با توجه به ضریب رگرسیون (V_r+W_r) روی Y_r که بیانگر اثر افزایشی آلل‌های غالب است، این رقم با متوسط ۱۹ سنبلچه در سنبله اصلی، موجب افزایش این صفت در نتاج تلاقی‌ها می‌شود.

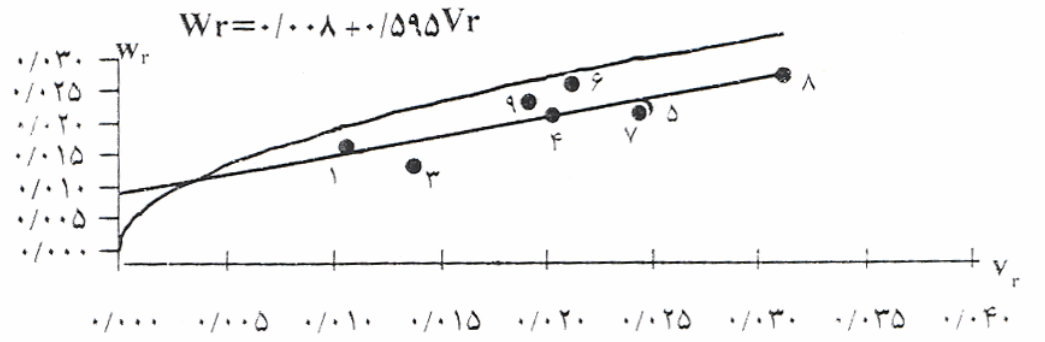
نسبت $4h^2/H_2$ (جدول ۵) نشان داد که حداقل ۲ تا ۳ ژن یا گروه ژنی با درجه‌ای از غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. قابلیت توارث عمومی و خصوصی این صفت بر اساس روش دای آلل و مدل جینکز- هیمن به ترتیب ۶۸ و ۵۷ درصد برآورد گردید (جدول ۶). بنابراین با توجه به قابلیت توارث بالا و سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی، بازده انتخاب برای افزایش تعداد سنبلچه در سنبله اصلی بسیار بالا خواهد بود و استفاده از ارقام الوند و الموت و نتاج حاصل از تلاقی آنها با دیگر ژنوتیپ‌ها مورد تأکید است.

تعداد دانه در سنبله اصلی

اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای تعداد دانه در سنبله اصلی بسیار معنی‌دار بود. ارقام الوند و سفیدصالح‌آباد به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد دانه در سنبله را داشتند (جدول ۵). هم‌چنین تلاقی‌های الوند × بیات و امام بوغداسی × سفیدصالح‌آباد به ترتیب از بیشترین و کمترین تعداد دانه در سنبله برخوردار بودند (جدول ۳). میانگین‌های مربعات GCA و SCA برای این صفت در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲). بنابراین این صفت از نظر ژنتیکی توسط هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود. نسبت بالای میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA (جدول ۲) ومقایسه میانگین مربعات GCA (۱۸۲۷/۲۶) نسبت به میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها (۱۴۷/۲۳) بیانگر سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۳. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند، ۳- الموت، ۴- سفید علی آباد، ۵- کراس آزادی، ۶- روشن، ۷- سبلان، ۸- سفید صالح آباد، ۹- امام بوغداسی) در طول خط رگرسیون برای تعداد دانه در سنبله اصلی.

کنترل تعداد دانه در سنبله اصلی است که با نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل ژنتیکی تعداد سنبلچه در سنبله اصلی در یک راستا قرار دارد. سیرواستاوا و همکاران (۱۹) و میشرا و همکاران (۱۴) نیز نتایج مشابهی گزارش کرده‌اند. اما منزوی کرباسی (۳) سهم اثر غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله اصلی را بیشتر از اثر افزایشی گزارش نموده است. ارقام الوند، بیات، الموت و کراس آزادی به ترتیب بیشترین اثر GCA را داشتند (جدول ۵)، بنابراین بهترین ترکیب‌پذیرهای عمومی برای تعداد دانه در سنبله می‌باشند. این ارقام به ترتیب با متوسط ۷۵/۰، ۷۰/۷، ۶۵/۹ و ۷۲/۸ دانه در سنبله اصلی و به خاطر داشتن بیشترین اثر GCA مثبت برای این صفت و نیز دارا بودن تعداد بیشتری سنبلچه در سنبله اصلی، موجب افزایش تعداد دانه در سنبله در نتاج حاصل از تلاقی‌ها می‌شوند. نتایج آزمون مقدماتی مدل جینکز- هیمن برای تعداد دانه در سنبله اصلی پس از حذف والد بیات و تبدیل لگاریتمی داده‌ها نشان داد که ضریب رگرسیون W_r روی V_r به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک است. با توجه به موقعیت خط رگرسیون در تحلیل گرافیکی (شکل ۳) این صفت با اثر غالبیت نسبی ژن‌ها کنترل می‌شود. ارقام الوند و الموت به ترتیب با ۷۵ و ۶۵/۹ دانه در سنبله اصلی نزدیک‌ترین والدها به محل قطع خط رگرسیون با محور W_r بودند، بنابراین بیشترین ژن‌های غالب را برای تعداد زیادتر دانه در سنبله دارند و رقم سفیدصالح‌آباد با متوسط ۴۳/۷ دانه در سنبله اصلی و بیشترین فاصله با محل مذکور دارای حداکثر ژن‌های مغلوب برای مقادیر کمتر این صفت است. نسبت $H_2/4H_1$ (جدول ۶) و مقدار منفی $H_1 - H_2$ نشان دادند که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در تمام مکان‌های ژنی کنترل کننده این صفت برابر نیستند. با توجه به پارامتر $4h^2/H_2$ حداقل ۲ تا ۳ ژن یا گروه ژنی در کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله دخالت دارند. علامت جبری F نشان می‌دهد که والدهای مورد مطالعه از نظر تعداد دانه در سنبله اصلی دارای آلل‌های مغلوب بیشتری نسبت به آلل‌های غالب هستند. قابلیت‌های توارث عمومی و خصوصی بر اساس روش دای آلل و مدل جینکز- هیمن به ترتیب ۹۲ و ۷۹ درصد برآورد گردیدند (جدول ۶). بنابراین وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها، برآوردهای قابلیت توارث و معنی‌دار بودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA همگی دلالت بر آن دارند که انتخاب برای ژنوتیپ‌های با تعداد دانه در سنبله زیاد در نسل‌های اولیه از کارآیی بالایی برخوردار است. با توجه به هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار این صفت با عملکرد دانه در بوته (جدول ۷) و هم‌چنین هم‌بستگی منفی و غیر معنی‌دار آن با

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

ارتفاع بوته و هم‌بستگی بسیار پایین با طول دوره رشد، انتخاب در جهت افزایش تعداد دانه در سنبله باعث افزایش عملکرد شده و بر افزایش طول دوره رشد تأثیری نخواهد داشت.

وزن سنبله اصلی

با توجه به معنی‌دار بودن اختلاف بین ۹ والد و ۳۶ تلاقی آنها برای وزن سنبله اصلی، امکان تجزیه و تحلیل ژنتیکی این صفت به روش دای آلل فراهم گردید (جدول ۱). ارقام الوند و سفیدصالح‌آباد به ترتیب با متوسط ۳/۹۷ و ۲/۲۳ گرم از بیشترین و کمترین وزن سنبله اصلی برخوردار بودند (جدول ۵). تلاقی‌های بیات × الوند و امام بوغداسی× بیات به ترتیب با ۵/۴۳ و ۲/۳۳ گرم بیشترین و کمترین وزن سنبله را داشتند (جدول ۳). میانگین‌های مربعات GCA و SCA برای این صفت در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲). بنابراین هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. ولی معنی‌دار شدن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA و سهم واریانس افزایشی (۶۲/۱۶ درصد) در واریانس ژنتیکی و بزرگ‌تر بودن میانگین مربعات GCA در مقایسه با میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها (جدول ۱) بیانگر اهمیت بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی وزن سنبله اصلی است. قابلیت توارث عمومی این صفت بر مبنای اجزای واریانس ۷۸ درصد برآورد شد. بنابراین با توجه به اهمیت بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها، انتخاب برای ژنوتیپ‌های با وزن سنبله بالا در برنامه به نژادی این صفت از کارآیی بالایی برخوردار است. رقم الوند بیشترین اثر GCA مثبت و معنی‌دار را داشت (جدول ۵)، بنابراین بهترین ترکیب‌پذیر عمومی از نظر وزن سنبله اصلی است. این رقم با بیشترین وزن سنبله (۳/۹۷ گرم) در تلاقی با بیات، بیشترین اثر SCA مثبت و معنی‌دار را داشت. بنابراین در نتاج تلاقی این والد با بیات و هم‌چنین تلاقی‌های سفیدعلی‌آباد× کراس آزادی و کراس آزادی× روشن، میانگین وزن سنبله و بازده ناشی از انتخاب افزایش می‌یابد. نتایج آزمون مقدماتی مدل جینکز- هیمن برای این صفت عدول از فرضیات را نشان داد. بنابراین بررسی ژنتیکی این صفت تنها به روش گریفینگ محدود شد. هم‌بستگی ناچیز این صفت با ارتفاع بوته (جدول ۷) نشان داد که انتخاب در جهت افزایش وزن سنبله اصلی، اثری بر افزایش ارتفاع بوته نخواهد داشت، ولی توجه به هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار طول دوره رشد با وزن سنبله اصلی نیز ضروری است.

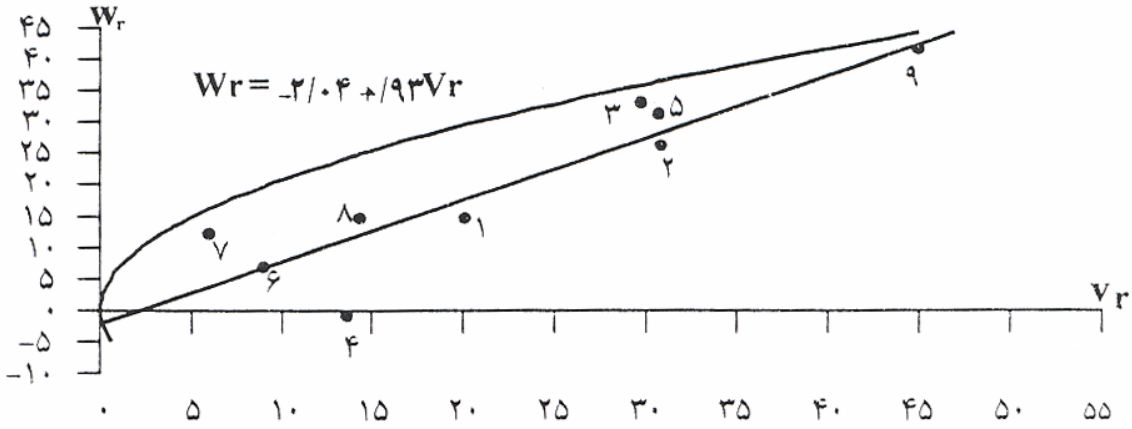
وزن هزار دانه

ژنوتیپ‌ها تفاوت معنی‌داری از نظر وزن هزار دانه (شمارش ۵۰۰ دانه و تبدیل آن به وزن هزار دانه) داشتند (جدول ۱). ارقام سفیدعلی‌آباد با ۵۰/۸۶ گرم و بیات با ۳۲/۵۲ گرم بیشترین و کمترین وزن هزار دانه را داشتند (جدول ۵). در بین تلاقی‌ها، سفیدعلی‌آباد× امام بوغداسی با ۵۷/۸۶ گرم از بیشترین وزن هزار دانه برخوردار بود (جدول ۳). نتایج تجزیه و تحلیل ژنتیکی به روش گریفینگ (جدول ۲) حاکی از سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل وزن هزار دانه بود. ولی چاوداری و همکاران (۵) در گندم نان و ایکرام‌الحق و تاناک (۱۰) در گندم دوروم به سهم بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای وزن هزار دانه اشاره نموده‌اند. بنابراین با توجه به نتایج آزمون t در خصوص اثر GCA والدها(جدول ۵) و SCA تلاقی‌ها (جدول ۴) استفاده از ارقام سفیدعلی‌آباد، سبلان و روشن به عنوان بهترین ترکیب‌پذیرهای عمومی و نتاج تلاقی‌های سفیدعلی‌آباد× امام بوغداسی و سفیدعلی‌آباد × کراس آزادی (با داشتن بیشترین اثر SCA مثبت و معنی‌دار) به افزایش وزن هزار دانه در برنامه به نژادی این صفت منجر خواهد شد.

فرضیات مدل جینکز- هیمن برای این صفت صادق بودند. خط رگرسیون W_r روی V_r در قسمت منفی، محور V_r را قطع نمود. بنابراین این صفت تحت کنترل اثر فوق غالبیت ژن‌هاست. برآورد میانگین درجه غالبیت (جدول ۶) برای این صفت نیز دلیل بر این مدعاست. رقم سفیدعلی‌آباد دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب برای افزایش وزن هزار دانه بود (شکل ۴). رقم امام

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۴. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱ الوند، ۲- بیات، ۳- الموت، ۴- سفید علی آباد، ۵- کراس آزادی، ۶- روشن، ۷- سبلان، ۸- سفید صالح آباد، ۹- امام بوغداسی) در طول خط رگرسیون برای وزن هزار دانه

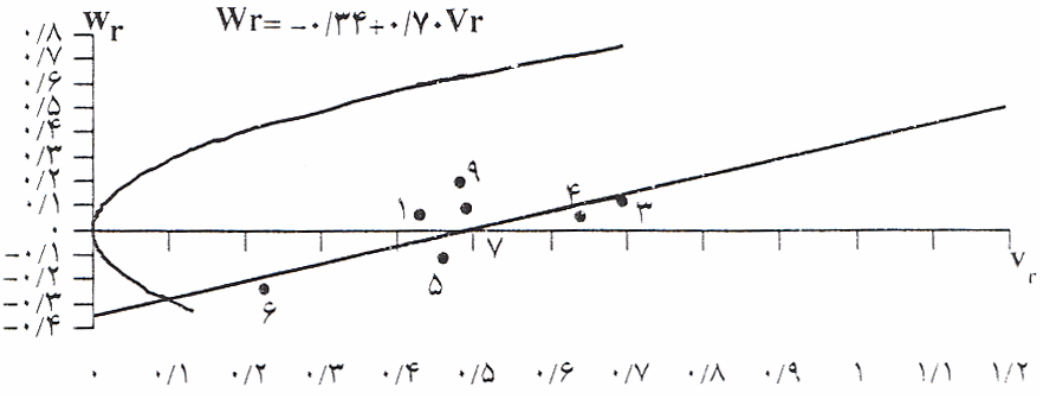
بوغداسی حداکثر تعداد ژن‌های مغلوب را داشت. محل قرار گرفتن ارقام کراس آزادی، بیات و الموت نشان داد که این ارقام از نظر وزن هزار دانه با یکدیگر شباهت ژنتیکی زیادی دارند (شکل ۴). هم‌چنین فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در ارقام الوند و سفیدصالح‌آباد تقریباً برابر است. نتایج نشان دادکه فراوانی آلل‌های غالب (u) و مغلوب (v) در تمام مکان‌های ژنی برابر نیست (جدول ۶). با توجه به علامت جبری پارامتر F، ارقام مورد مطالعه از نظر وزن هزار دانه دارای آلل‌های مغلوب بیشتری نسبت به آلل‌های غالب می‌باشند. هم‌چنین با توجه به علامت جبری ضریب رگرسیونی (W_r+V_r) و Y_r، آلل‌های غالب دارای اثر افزایشی هستند. نسبت $4h^2 / H_2$ حاکی از آن است که حداقل ۵ ژن یا گروه ژنی در کنترل ژنتیکی وزن هزار دانه نقش دارند. نسبت $1/2\ F / [D(H_1 - H_2)]^{1/2}$ به صفر نزدیک است، بنابراین تغییرات سطح غالبیت از یک مکان ژنی به مکان دیگر بسیار زیاد است. برآوردهای قابلیت توارث عمومی و خصوصی (جدول ۶) و معنی‌دار شدن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA (جدول ۲) حاکی از سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت است.

اما برآورد میانگین درجه غالبیت (۱/۰۰۲) به روش جینکز- هیمن دور از انتظار است. احتمال می‌رود این نتیجه ناشی از فوق غالبیت کاذب (پیوستگی در حالت دفع) باشد. برخی محققین (۲، ۵ و ۱۳) با مقایسه نتایج بسیاری از مطالعات معتقدند که اثر فوق غالبیت ژن‌ها در توارث عملکرد و سایر صفات زراعی مرتبط با آن در گیاهان مهم زراعی نقش ندارد و اکثر نتایج گزارش شده برای غالبیت یا فوق غالبیت احتمالاً از نوع کاذب‌اند. این صفت، هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری با طول دوره رشد و ارتفاع بوته داشت (جدول ۷).

عملکرد بیولوژیک

میانگین عملکرد بیولوژیک برای والدها از ۳۶ (بیات) تا ۹۱ گرم در بوته (سبلان) متغیر بود (جدول ۵). تلاقی‌های بیات× امام بوغداسی با متوسط ۳۰/۰ گرم و اما بوغداسی × سفیدعلی‌آباد با ۹۴/۰ گرم به ترتیب کمترین و بیشترین عملکرد بیولوژیک بوته را داشتند (جدول ۳). معنی‌دار بودن میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها (جدول ۱) مبین بروز هتروزیس برای این صفت است. میانگین هتروزیس تلاقی‌ها برای متوسط والدین ۱۵/۸۲ درصد

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]
[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۵. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند، ۳- الموت، ۴- سفید علی آباد، ۵- کراس آزادی، ۶- روشن، ۷- سبلان و ۹- امام بوغداسی) در طول خط رگرسیون برای عملکرد بیولوژیک

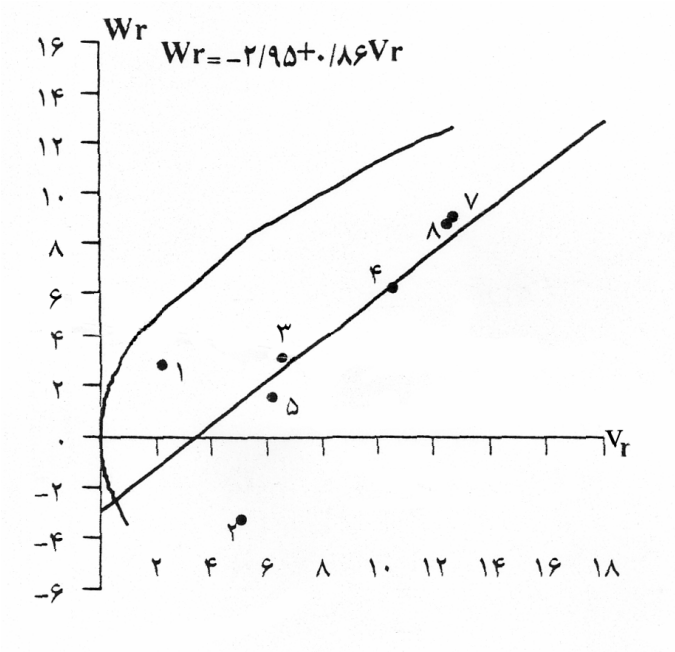
برآورد گردید. معنی‌دار بودن اثر والدها در برابر تلاقی‌ها و معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA (جدول ۲) حاکی از آن است که اثر غیر افزایشی ژن‌ها سهم بسیار زیادی در کنترل ژنتیکی این صفت دارد. سرجی و همکاران (۱۸) نیز به نتایج مشابهی دست یافته‌اند. بنابراین با توجه به نتایج آزمون t در خصوص معنی‌دار بودن اثر GCA والدها (جدول۵) و SCA تلاقی‌ها (جدول ۴) استفاده از رقم سفیدعلی‌آباد (به عنوان بهترین ترکیب‌پذیر عمومی) و نتاج تلاقی‌های آن با ارقام بیات و امام بوغداسی (به خاطر داشتن اثر SCA مثبت و معنی‌دار) به منظور افزایش عملکرد بیولوژیک و سهم اثر افزایشی ژن‌ها، امیدبخش خواهد بود.

خط رگرسیون W_r روی V_r در قسمت منفی، محور W_r را قطع کرد (شکل ۵). بنابراین عملکرد بیولوژیک بوته، تحت تأثیر فوق غالبیت ژن‌هاست. به طور کلی مشهود است که رقم روشن با عملکرد بیولوژیک ۶۹/۰ گرم در بوته دارای حداکثر تعداد ژن‌ها غالب برای عملکرد بیولوژیک است. الموت نیز با متوسط ۲۵/۵ گرم در بوته، بیشترین ژن‌های مغلوب را دارد. موقعیت ارقام کراس آزادی، امام بوغداسی و سبلان در طول خط رگرسیون نشان داد که آنها از نظر ژنوتیپی برای این صفت مشابه‌اند. بررسی شاخص‌های آماری و پارامترهای ژنتیکی (جدول ۶) نشان داد که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در تمام مکان‌های ژنی کنترل کنندهٔ عملکرد بیولوژیک مساوی نیست. بنابراین با توجه به علامت پارامتر F ارقام مورد مطالعه از نظر این صفت دارای آلل‌های غالب بیشتری هستند. هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری عملکرد بیولوژیک با ارتفاع بوته و طول دوره رشد (جدول ۷) حاکی از آن است که انتخاب در جهت کاهش ارتفاع بوته و زودرسی، باعث کاهش عملکرد بیولوژیک می‌شود.

شاخص برداشت

رقم الوند با ۴۲/۸ درصد بیشترین و سبلان با ۳۳/۲ درصد کمترین مقدار شاخص برداشت را داشتند (جدول ۵). در بین تلاقی‌ها، سفیدعلی‌آباد × امام بوغداسی با ۳۲/۲ درصد، دارای بیشترین مقدار شاخص برداشت بود (جدول ۳). میانگین‌های مربعات GCA و SCA برای این صفت در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲)، بنابراین هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی شاخص برداشت نقش دارند. معنی‌دار شدن میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها و سهم واریانس غیر افزایشی (۷۰/۶۹ درصد) در واریانس ژنتیکی، بیانگر اهمیت بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]
[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۶. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند ۲-بیات ۳- الموت ۴- سفید علی آباد ۵- کراس آزادی ۷- سبلان و ۸- سفید صالح آباد) در طول خط رگرسیون برای شاخص برداشت

شاخص برداشت است. منزوی کرباسی (۳) نیز بر اهمیت بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای شاخص برداشت تأکید نموده است. نتایج آزمون t (جدول ۵) نشان داد که از ارقام الوند وکراس آزادی (دارای بیشترین مقادیر GCA مثبت و معنی‌دار) و نتاج تلاقی‌های الوند× روشن و کراس آزادی × سبلان (به عنوان بهترین ترکیب‌پذیرهای خصوصی) برای افزایش شاخص برداشت و افزایش سهم اثر افزایشی ژن‌ها می‌توان استفاده نمود. نتایج آزمون مقدماتی مدل جینکز- هیمن برای این صفت نشان داد که پس از حذف ارقام روشن و امام بوغداسی از مدل فرضیات صادق می‌شوند. موقعیت خط رگرسیون W_r روی V_r (شکل ۶) نشان داد که نوع عمل ژن فوق غالبیت است. با توجه به پراکنش والدها در طول خط رگرسیون، ارقام بیات و الوند دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب برای شاخص برداشت هستند. ارقام سفیدصالح‌آباد و سبلان با بیشترین فاصله از محل قطع خط رگرسیون با محور W_r دارای حداکثر آلل‌های مغلوب بودند. بنابراین با توجه به میانگین شاخص برداشت برای این ارقام، استنباط می‌شود که شاخص برداشت بالا با ژن‌های غالب و مقادیر کم شاخص برداشت با ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. پارامتر $H_2/4H_1$ =۰/۲۴ (جدول ۶) نشان داد که تفاوت در فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب چندان زیاد نیست و با توجه به نسبت $[(4DH_1)^{1/2}-F] / [(4DH_1)^{1/2}+F]$ والدهای مورد مطالعه از نظر شاخص برداشت دارای آلل‌های غالب بیشتری نسبت به آلل‌های مغلوب هستند. علامت ضریب رگرسیون (W_r+V_r) و Y_r بیانگر اثر افزایش آلل‌های غالب است. بنابراین ارقام الوند و بیات به ترتیب با ۴۲/۸ و ۳۸/۶ درصد شاخص برداشت، دارا بودن حداکثر ژن‌های غالب و اثر GCA مثبت باعث افزایش سهم اثر افزایشی ژن‌ها و انتقال پتانسیل شاخص برداشت بیشتر به نتاج می‌شوند. نسبت $4h^2 / H_2$ (جدول ۶) نشان داد که حداقل تعداد ژن که درجه‌ای از غالبیت را نشان می‌دهند برابر ۱۱ می‌باشد. بنابراین حداقل ۱۱ ژن یا گروه ژنی در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. منزوی کرباسی (۳) این نسبت را ۸/۶ گزارش نموده است. شاخص برداشت، هم‌بستگی‌های مثبت و معنی‌داری را با عملکرد دانه در بوته (۰/۶۴)، وزن سنبله اصلی (۰/۶۷)، تعداد دانه در سنبله اصلی

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

جدول ۷. ضرایب هم‌بستگی ژنتیکی بین صفات مورد مطالعه

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹
روز تا رسیدگی	۱								
ارتفاع بوته	۰/۵۴	۱							
تعداد سنبلچه در سنبله اصلی	۰/۰۴	−۰/۱۱	۱						
تعداد دانه در سنبله اصلی	۰/۰۱	−۰/۳۳	۰/۸۹	۱					
وزن سنبله اصلی	۰/۳۳	۰/۱۱	۰/۹۰	۰/۸۳	۱				
وزن هزار دانه	۰/۵۶	۰/۶۸	−۰/۲۹	−۰/۴۲	۰/۱۱	۱			
عملکرد بیولوژیک بوته	۰/۶۱	۰/۷۰	۰/۴۹	۰/۱۸	۰/۶۰	۰/۵۰	۱		
شاخص برداشت	−۰/۰۳	−۰/۰۶	۰/۵۸	۰/۶۳	۰/۶۷	۰/۰۱	۰/۳۲	۱	
عملکرد دانه در بوته	۰/۴۳	۰/۵۶	۰/۶۶	۰/۴۱	۰/۷۵	۰/۳۵	۰/۹۲	۰/۶۴	۱

ضرایب هم‌بستگی بزرگ‌تر از ۰/۲۹۴ و کوچک‌تر از ۰/۲۹۴− در سطح احتمال ۵ درصد و ضرایب بزرگ‌تر از ۰/۳۸۰ و کوچک‌تر از ۰/۳۸۰− در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار می‌باشند.

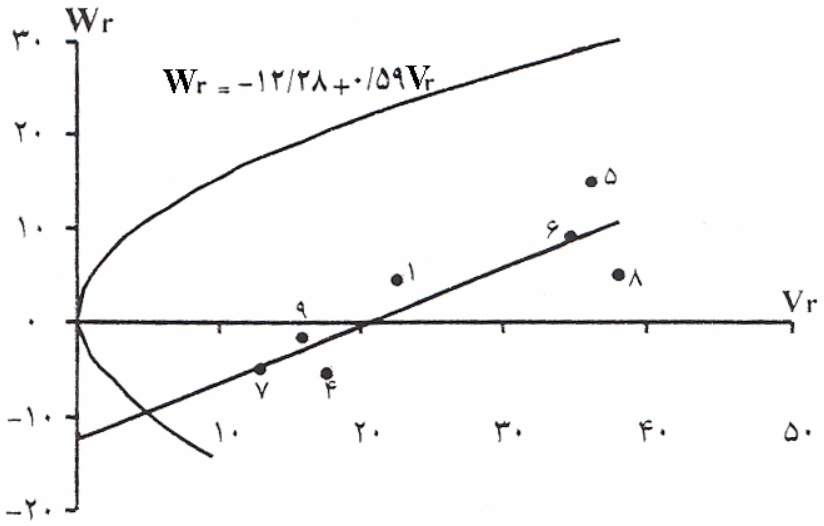
(۰/۶۳) و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی (۰/۵۷) نشان داد (جدول ۷). بنابراین با توجه به سهم بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای شاخص برداشت و اهمیت بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها برای تعداد دانه و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی و هم‌بستگی ناچیز این صفات با طول دوره رشد و ارتفاع بوته، انتخاب برای تعداد دانه و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی، نه تنها اثر نامطلوبی بر طول دوره رشد و طول گیاه نخواهد داشت، بلکه به طور غیرمستقیم، شاخص برداشت را افزایش خواهد داد.

عملکرد دانه

ارقام کراس آزادی با ۳۱/۴ گرم در بوته و بیات با ۱۴/۱ گرم در بوته به ترتیب بیشترین و کمترین عملکرد را داشتند (جدول ۵). معنی‌دار بودن میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها در سطح احتمال یک درصد (جدول ۱) و میزان هتروزیس بر اساس متوسط والدین (۵۲/۲ درصد) بیانگر سهم بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه در بوته است. کوچکی نسبت میانگین مربعات GCA به SCA و مقایسه میانگین مربعات GCA (جدول ۲) نسبت به میانگین مربعات والدها در برابر تلاقی‌ها نیز گواهی بر این مدعاست. ویدنر و همکاران (۲۰) نیز در این زمینه به نتایج مشابهی دست یافته‌اند. جدول ۵ نشان می‌دهد که ارقام الوند و روشن به ترتیب دارای بیشترین اثر GCA مثبت و معنی‌دار برای عملکرد دانه در بوته می‌باشند. ارقام سفیدعلی‌آباد، کراس آزادی و الموت نیز اثر GCA مثبت ولی غیر معنی‌دار را داشتند. بنابراین استفاده از ارقام مذکور (به ویژه الوند و روشن) به عنوان بهترین ترکیب‌پذیرهای عمومی از نظر عملکرد دانه در بوته، سهم واریانس افزایشی و بازده انتخاب را افزایش خواهد داد. در تلاقی‌های رقم الوند با ارقام روشن، بیات و امام بوغداسی و رقم روشن با ارقام الموت و بیات، اثرات SCA مثبت و معنی‌داری مشاهده شد (جدول ۴). بنابراین نتاج حاصل از این تلاقی‌ها و تلاقی‌های سفیدعلی‌آباد × روشن و بیات × سفیدعلی‌آباد می‌توانند منشاء گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا قرار گیرند. ضریب رگرسیون W_r روی V_r برای این صفت پس از حذف ۲ والد (بیات و الموت) به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک گردید. با توجه به موقعیت خط رگرسیون (شکل ۷) استنباط می‌شود که عملکرد دانه در بوته در

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]



شکل ۷. خط رگرسیون Wr روی Vr و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والدها (۱- الوند ۴- سفید علی آباد ۵- کراس آزادی ۶- روشن ۷- سبلان ۸- سفید صالح آباد و ۹- امام بوغداسی) در طول خط رگرسیون برای عملکرد دانه

ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، تحت کنترل اثر فوق غالبیت ژن‌هاست. پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون نشان داد که سبلان نزدیک‌ترین والد به محل قطع خط رگرسیون با محور W_r است و دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب برای عملکرد دانه در بوته است. والد کراس آزادی با بیشترین فاصله از محل مذکور، دارای حداکثر تعداد ژن‌های مغلوب است. با توجه به شاخص‌های آماری و پارامترهای ژنتیکی برای عملکرد دانه در بوته (جدول ۵)، حداقل ۲ گروه ژنی در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه نقش دارند و میانگین درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ =۲/۲۹ مطابق با نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی است. هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار این صفت با طول دوره رشد (جدول ۷) حاکی از آن است که گیاهان دیررس، عملکرد بیشتری دارند. ضرایب هم‌بستگی فنوتیپی و ژنوتیپی عملکرد دانه در بوته با تعداد سنبلچه در سنبله اصلی، تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن هزار دانه، مثبت و معنی‌دار بودند. بنابراین با توجه به سهم بیشتر اثر غیر افزایشی ژن‌ها برای عملکرد دانه در بوته و سهم بیشتر آثار افزایشی ژن‌ها برای وزن سنبله اصلی، تعداد دانه در سنبله اصلی و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی و هم‌بستگی آنها با عملکرد دانه، بازده انتخاب برای عملکرد دانه از طریق گزینش، برای صفات فوق افزایش خواهد یافت. هم‌چنین برای صفات مذکور و عملکرد دانه، ارقام الوند، روشن، سفیدعلی‌آباد و الموت از بهترین ترکیب‌پذیرهای عمومی بودند (به ویژه الوند). بنابراین استفاده از آنها و تلاقی‌های مربوط به این ارقام در برنامه به نژادی عملکرد دانه، نویدبخش خواهد بود.

منابع مورد استفاده

۱. اهدایی، ب. و ا. قادری. ۱۳۵۱. *متد دای آلل و استفاده آن در اصلاح نباتات*. انتشارات دانشگاه شهید چمران اهواز.

۲. رضایی، ع. و ر. امیری. ۱۳۷۷. لزوم توجه به مفروضات مدل ژنتیکی تجزیه دای آلل. علوم کشاورزی و منابع طبیعی ۲(۱) :۴۵-۶۳.

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]

۳. منزوی کرباسی، ب. ۱۳۶۷. برآورد قدرت‌های ترکیب‌پذیری، پارامترهای ژنتیکی و قابلیت‌های توارث پروتئین و عملکرد دانه و خصوصیات مرتبط با آنها در گندم پائیزه. پایان‌نامه کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان.

۴. هنرنژاد، ر. ۱۳۷۵. برآورد اثر ژن‌ها و ترکیب‌پذیری برخی از صفات کمّی برنج به روش دای آلل. علوم کشاورزی ایران ۲۷(۲): ۴۵-۵۷.

5. Chowdhary, M. H., M. T. Arshad and G. M. Subbani. 1997. Inheritance of some polygenic traits in hexaploid spring wheat. J. Anim. and Plant Sci. 7(3) : 77- 79.
6. Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity 10: 31- 50.
7. Griffing, B. 1956. Concepts of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Bio. Sci. 9: 436-493.
8. Hyman, B. I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics 10: 235- 244.
9. Hyman, B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetic 39: 789- 809.
10. Ikram, U. H. and L. Tanach. 1991. Diallel analysis of grain yield and other agronomic traits in durum wheat. Rachis 10: 8-13.
11. Jinks, J. L. and B. I. Hyman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet, Coop. News 27: 48- 54.
12. Lee, J. and P. J. Kaltsikes. 1970. Diallel analysis of correlated sequential characters in durum wheat. Crop Sci. 10: 770- 772.
13. Menon, U. and S. W. Sharma. 1995. Inheritance studies for yield component traits in bread wheat over the environments. Wheat Inform. 89: 1-5.
14. Mishra, P. C., T. B. Singh, S. M. Kurmvanshi and S. N. Soni. 1996. Gene action in diallel of bread wheat under late sown condition. J. Soil and Crops 2: 128- 131.
15. Mondal, A. B. and T. Dasgupta. 1998. Diallel analysis in wheat. Indian J. Genet. 48: 167- 170.
16. Nanda, G. S., P. S. Virk and K. S. Gill. 1983. Diallel analysis over environments in wheat. Plant characters. Indian J. Genet. 38: 220- 224.
17. Prodanovic, S. 1993. Genetic values of F_1 wheat hybrid obtained in diallel crosses. Rev. Res. Work at the Faculty of Agriculture Belgrade 38 (2): 25- 37.
18. Sarawgi, A. K., M. N. Sirvastava and B. P. Chowdhary. 1991. Partial diallel cross analysis of yield and its related characters in rice (*Oryza sativa* L.) under irrigated and rainfed situations, Indian J. Genet. 51 (1): 30- 36.
19. Sirvastava, A. N., C. B. Singh and S. K. Rao. 1992. Combining ability analysis of physiological and economical traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) over environments. Indian J. Genet. 52 (2): 390- 395.
20. Widner, J. N. and K. L. Lebsock. 1973. Combining ability in durum wheat. Crop Sci. 13: 164- 167.

[Downloaded from jstnar.iut.ac.ir on 2025-08-24]

[DOR: 20.1001.1.24763594.1385.10.2.10.7]