

## تجزیه و تحلیل نگاره‌ای عملکرد دانه و اجزای آن در برخی رقم‌های گندم نان به روش دی‌آلل-روش هیمن

حسن عبدی\*<sup>۱</sup> و محمدحسین فتوکیان<sup>۲</sup>

۱- مری، عضو هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران، سازمان تحقیقات و آموزش و ترویج کشاورزی، ایران

۲- دانشیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد، تهران، ایران

(تاریخ دریافت: ۹۵/۰۷/۱۱ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۰۱/۱۵)

### چکیده

به منظور تجزیه و تحلیل نگاره‌ای (گرافیکی) و برآورد فراسنجه (پارامتر) های ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن از تلاقی دی‌آلل یک‌سویه و هفت نژادگان (ژنوتیپ) گندم نان استفاده شد. در این بررسی والدین به همراه ۲۱ دورگ (هیبرید) آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس گویای وجود تفاوت معنی‌دار بین نژادگان‌ها برای ارتفاع بوته، طول ساق گل (پدانکل)، طول سنبله، شمار دانه در بوته، عملکرد دانه در بوته و وزن هزاردانه بود. نتایج آزمون مقدماتی جینکز و هیمن نشان داد، فرضیه‌های مدل برای شمار دانه در بوته و عملکرد دانه در بوته صادق بود اما برای طول سنبله، طول ساق گل و وزن هزاردانه با حذف یک والد و برای ارتفاع بوته با حذف دو والد صادق شد. نتایج به دست آمده از تجزیه هیمن نشان داد، اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش دارند. بیشترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی در ارتفاع بوته (۰/۴۷) و کمترین آن در شمار دانه در بوته (۰/۲۱) مشاهده شد. با توجه به برآورد میانگین درجه غالبیت و نتایج تجزیه و تحلیل نگاره‌ای، عمل ژن در عملکرد دانه و ارتفاع بوته از نوع اثر افزایشی و در طول ساق گل، شمار دانه در بوته، طول سنبله و وزن هزاردانه فوق غالبیت بود.

واژه‌های کلیدی: اثر افزایشی و فوق غالبیت ژن، فراسنجه‌های ژنتیکی، عمل ژن.

## Graphical analysis of grain yield and its components in some bread wheat cultivars by diallel -Hayman method

Hassan Abdi \*<sup>1</sup> and Mohammad Hossein Fotokian<sup>2</sup>

1. Member, Scientific and Research Center of Agricultural and Natural Resources Research Center of Tehran and Agricultural Research and Education and Promotion Organization Iran

2. Associate professor, Agricultural College, Shahed University, Tehran, Iran

(Received: October 2, 2016 - Accepted: February 4, 2018)

### ABSTRACT

In order to graphical analysis and estimation of genetic parameters for yield and its components, a one-way diallel cross was applied with seven bread wheat genotypes. In this study, 21 hybrids along with their parents were evaluated in a randomized complete block design with three replications. The results of variance analysis showed significant difference among genotypes for plant height, peduncle length, spike length, the number of seeds per plant, plant grain yield, and 1000-grain weight. The results of Jinks and Hayman primary test showed that assumptions for the number of seed per plants and plan grain yield were authentic, but it was true for spike length, peduncle length, and 1000-grain weight after eliminating one parent and for plant height by eliminating two parents. The results of Hayman analysis showed the role of additive and non-additive effects of genes on the control of traits. Maximum and minimum of narrow-sense heritability were obtained for plant height (0.47) and the number of seeds per plant (0.21), respectively. According to the average degree of dominance and the results of the graphical analysis, the gene action for grain yield and plant height was additive effects, while it was over-dominance for peduncle length, the number of seeds per plant, spike length and 1000-grain weight.

**Keywords:** Additive and over-dominance effects of genes, Genetic parameters, gene action.

\* Corresponding author E-mail: h.abdi63@yahoo.com

## مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یکی از محصولات راهبردی کشور و منبع اصلی تأمین پروتئین و کالری بوده و به میزان ۴۵ درصد پروتئین و ۵۵ درصد از کالری مورد نیاز مردم کشور را تأمین می‌کند (Bushuk, et al., 1994). میزان گندم نان مصرفی برای هر نفر در سال بالغ بر ۱۶۰ کیلوگرم است که با توجه به جمعیت کشور سالانه نیاز به ۱۱ میلیون تن گندم است. این در حالی است که ۳ تا ۵ میلیون تن گندم در سال وارد کشور می‌شود که در حقیقت برابر با میزان ضایعاتی است که در این بخش متحمل می‌شویم (Iran-Nejad and Shabazi, 2005). تولید و گسترش رقم (واریت‌ها)های جدید گندم همواره مورد توجه بهنژادگران گندم نان در جهان بوده و خواهد بود (Edwards, 2001). برای افزایش عملکرد در روش‌های اصلاحی، انتخاب بر مبنای اجزای عملکرد اهمیت ویژه‌ای دارد. آگاهی از فراسنجه (پارامتر)های ژنتیکی کنترل‌کننده صفات از جمله وراثت‌پذیری، میانگین درجه غالبیت و نوع عمل ژن در انتخاب روش اصلاحی و مدیریت آن بسیار مهم است. یکی از معمول‌ترین روش‌های برآورد موارد یادشده طرح تلاقی دی‌آلل است (Mather and Jinks, 1982). جینکز و هیمن با استفاده از مفاهیم اثر افزایشی (D) اثر غالبیت (H) و کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F) روشی را برای تجزیه و تحلیل تلاقی‌های دی‌آلل مطرح کردند (Jinks & Hayman, 1953). اطلاعات ژنتیکی در زمینه توزیع آلل‌ها، میانگین درجه غالبیت، نوع عمل ژن، شمار گروه‌های ژنی مؤثر، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی از این روش قابل برآورد است. ترسیم خط رگرسیون کوواریانس ردیف‌ها (W<sub>r</sub>): کوواریانس نتاج با والد مشترک آن‌ها (V<sub>r</sub>): روی واریانس ردیف‌ها (V<sub>r</sub>): واریانس نتایج هر والد) و سهمی محدودکننده و تجزیه نگاره‌ای (گرافیکی) آن اطلاعات سودمندی را در اختیار بهنژادگران قرار خواهد داد. پیش از استفاده از مدل جینکز و هیمن بایستی فرضیه‌های مدل در مورد مواد ژنتیکی و صفات مورد بررسی برقرار باشد. بر پایه این فرضیه هر مکان ژنی دارای دو آلل است، ژن‌ها به‌طور مستقل در والدها توزیع شده‌اند و اثر متقابل غیرآللی

وجود ندارد (Farshadfar et al., 2008). در پژوهشی روی نسل‌های F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> یک تلاقی دی‌آلل گندم، مشخص شد که در نسل F<sub>1</sub> برای شمار پنجه و عملکرد دانه و در نسل F<sub>2</sub> برای طول سنبله و شمار دانه در سنبله عمل ژن به‌صورت فوق غالبیت است. همچنین برای همه صفات به‌جز شمار پنجه و عملکرد دانه وراثت‌پذیری عمومی متوسط به بالا گزارش شد (Singh et al., 2004). در بررسی که با استفاده از روش تجزیه و تحلیل نسل‌ها روی تلاقی‌های مختلف گندم در دو محیط عادی و تنش خشکی انجام گرفته است، مشخص شد که صفات در محیط عادی به‌طور عمده توسط اثر افزایشی و غالبیت نسبی ژن‌ها کنترل می‌شوند و در محیط تنش به دلایل اثر محیطی و اثر متقابل نژادگان (ژنوتیپ) × محیط سهم اثر غیرافزایشی ژن‌ها بیشتر بوده و عمل ژن بیشتر از نوع فوق غالبیت بود (Dhanda & Sethi, 1998).

(Barnlard et al., 2001) با استفاده از تجزیه دی‌آلل به روش هیمن شماری از صفات ریخت‌شناختی (مورفولوژیک) را بررسی و نقش عمل افزایشی و غالبیت را در کنترل صفاتی مانند عملکرد دانه، طول خوشه و وزن صددانه گزارش کردند. آن‌ها به این نتیجه رسیدند که تجزیه رگرسیون W<sub>r</sub>/V<sub>r</sub> برای طول روز تا گلدهی، شمار پنجه و شمار سنبله در بوته تحت اثر افزایشی ژن با غلبه ناقص بوده و اعلام کردند که انتخاب در نسل‌های اولیه می‌تواند مؤثر باشد و از سوی دیگر نتایج رگرسیون W<sub>r</sub>/V<sub>r</sub> برای ارتفاع گیاه، وزن گیاه و عملکرد دانه در بوته نشان داد که عمل ژن‌ها فوق غالبیت بوده و انتخاب در نسل‌های اولیه ممکن است برای این صفات سودمند نباشد.

Budak (2001) به‌منظور ارزیابی ژنتیکی شمار روز تا گلدهی و عملکرد دانه در گندم دوروم در یک طرح دی‌آلل با انجام تجزیه نگاره‌ای و رسم خط رگرسیون گزارش کرد که شمار روز تا گلدهی تحت کنترل اثر فوق غالبیت ژن‌ها و عملکرد دانه تحت کنترل غالبیت ژن‌ها است. Arshad & Chowdhry (2003) در نتایج پژوهشی، وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها را در شرایط تنش خشکی برای ارتفاع بوته، وزن هزاردانه، عملکرد دانه و اثر افزایشی را برای شمار دانه در سنبله در

افزایشی و غالبیت نسبی کنترل می‌شوند. همچنین صفت وزن هزاردانه به‌وسیله فوق غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. Ojaghi & Akhundi (2010) به‌منظور بررسی توارث‌پذیری و اثر ژنی عملکرد دانه و شمار سنبلچه در سنبله، شمار پنجه در بوته، شمار دانه در سنبله و ارتفاع بوته در هشت والد گندم نان گزارش کردند، اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش دارند. در این بررسی شمار دانه در سنبله و ارتفاع بوته بیشتر توسط اثر افزایشی و شمار سنبلچه در سنبله و شمار پنجه در بوته بیشتر از راه اثر فوق غالبیت کنترل می‌شوند. هدف از انجام این تحقیق برآورد عمل ژن‌ها، وراثت‌پذیری و نحوه کنترل صفات وابسته به عملکرد دانه و اجزای آن در گندم به‌منظور تعیین روش اصلاحی مناسب بود.

### مواد و روش‌ها

برای تهیه مواد ژنتیکی مورد نیاز و به‌منظور بررسی صفات عملکرد و اجزای عملکرد، دو رقم گندم تجاری به نام‌های گاسپارد، چمران، و پنج رگه (لاین) WS-82-9، DN-11، M86-4، M-86-6، M-86-12 (جدول ۱) و در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران کشت شدند.

گندم نان گزارش کردند. Riaz *et al.*, (2003) در نتایج بررسی صفات کمی گندم نان در شرایط خشکی گزارش کردند، عملکرد و اجزای آن تحت کنترل هر دو اثر افزایشی و غالبیت ژن‌ها قرار دارند. همچنین در این بررسی ثابت شد که شمار دانه در سنبله توسط اثر افزایشی ژن‌ها کنترل شده و وراثت‌پذیری بالایی دارد. در پژوهشی دیگر با بررسی ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم نان با استفاده از تجزیه دای‌آلل گزارش شد که نوع عمل ژن در مورد شمار دانه در سنبله اصلی غالبیت ناقص بوده ولی در ارتباط با عملکرد دانه تک بوته، عملکرد زیست‌توده (بیوماس)، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزاردانه، عمل ژن به‌صورت فوق غالبیت است (Heidari, *et al.* 2006). (2012) Zare-kohanand Heidari, با استفاده از روش دی‌آلل یک‌سویه در پنج رقم گندم نان و برای عملکرد و اجزای عملکرد نشان دادند، افزون بر اثر افزایشی و غالبیت اثر متقابل بین‌آللی نیز در کنترل صفات نقش دارند و تجزیه نگاره‌ای به روش هیمن و متوسط درجه غالبیت نشان داد، عمل ژن در همه صفات به‌صورت غالبیت جزئی است. Abdul Rehman Rashid (2012) *et al.* با استفاده از پنج رقم گندم نان و روش دای‌آلل صفات عملکرد دانه و دیگر اجزای آن را بررسی کردند. نتایج نمودار نگاره‌ای هیمن نشان داد، صفات شمار پنجه در بوته، طول سنبله، شمار دانه در بوته با اثر

جدول ۱. شجره گندم‌های والدینی

Pedigree of Parental wheat genotypes..Table 1

Genotypes*	Pedigree
Gaspard	Cultivar
Chamran	Cultivar
Ws-82-9	Ww33G/Vee"s"//Mrn/4/HD2172/Bloudan//Azd/3/san/A/
DN-11	Azd/HD2172//Kayson/Glenson/3/1-70-28/Ning8201
M-86-4	Ombul/A/amo/M.73-18
M-86-6	Alvd/A/dan/Las/3/Druchamps/4/Kauz/stm
M-86-12	CROC-1/AE.SQUARROSA(224)//OPATA/3/KAUZ*2/Bow

\*: نژادگان گاسپارد نسبت به تنش خشکی حساس و دیگر نژادگان‌ها متحمل هستند.

\* Gaspard is sensitive to drought stress and others are tolerant.

بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در کرت‌های به طول ۲ متر و عرض ۶۰ سانتی‌متر و با دو ردیف روی هر پشته با فاصله ۲۰ سانتی‌متر و فاصله هر بوته روی

تلاقی‌های یک‌سویه بین هفت والد به‌منظور تولید نسل F<sub>1</sub> انجام شد. هفت والد یادشده همراه با ۲۱ نتاج F<sub>1</sub> آن‌ها (در مجموع ۲۸ تیمار) در قالب طرح

نشان داد، شیب خط رگرسیون  $W_F$  روی  $V_F$  برای صفات شمار دانه در بوته و عملکرد دانه در بوته اختلاف معنی‌داری با یک نداشت. لذا فرضیه‌های همین (هر مکان ژنی دو آلل دارد، ژن‌ها به‌طور مستقل در والدها توزیع شده‌اند و اثر متقابل غیرآلی وجود ندارد) صادق، و تجزیه و تحلیل نگاره‌ای دی‌آلل به روش همین انجام شد. اما تفاوت معنی‌دار شیب خط رگرسیون  $W_F$  روی  $V_F$  از یک برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن هزاردانه و طول ساق گل نشان داد که نبود اپیستازی یا اثر متقابل ژن‌های کنترل‌کننده این صفات صادق نبود.

برای رفع این مشکل و صادق شدن فرضیه‌های مدل، برای صفات ارتفاع بوته دو والد (M-86-6 و M-86-12)، طول ساق گل یک والد (رقم چمران)، وزن هزاردانه یک والد (M-86-6) و طول سنبله نیز یک والد (M-86-6) حذف شد و دوباره تجزیه دی‌آلل و آزمون شیب خط رگرسیون  $W_F$  روی  $V_F$  انجام شد. حذف والدین بالا، برای این صفات، غیر معنی‌دار شدن شیب خط رگرسیون از یک و نبود اپیستازی ژن‌ها و صادق شدن فرضیه‌های مدل را به همراه داشت. پراکنش والدین برای صفات مختلف در شکل‌های ۱ تا ۶ ارائه شده است. برای صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه در بوته خط رگرسیون  $W_F$  روی  $V_F$  در قسمت مثبت محور  $W_F$  را قطع کرده است ( $D > H_1$ ) که نشان‌دهنده وجود اثر غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی این صفات است که در این حالت سهم اثر افزایشی بیش از اثر غیرافزایشی است (شکل‌های ۱ و ۳).

با توجه به نتایج به‌دست‌آمده روش‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش از جمله گزینش توده‌ای و دورگیری و انتخاب از نسل‌های مقدماتی برای این صفات می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد. پراکنش والدها در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که رگه شماره ۴ و رقم گاسپارد برای ارتفاع بوته نزدیک‌ترین والدها به مبدأ محور مختصات  $W_F$  هستند، بنابراین رقم و رگه یادشده بیشترین شمار ژن‌های غالب را دارند. رگه شماره ۳ بیشترین فاصله را با محل یادشده داشته و در نتیجه بیشترین شمار ژن مغلوب برای این صفت را دارد (شکل ۱).

ردیف ۵ سانتی‌متر کشت شدند. پس از کشت، آبیاری مزرعه تا مرحله ۵۰ درصد گلدهی ادامه و برای ایجاد تنش خشکی پس از این مرحله، آبیاری صورت نگرفت. عملکرد دانه و صفات مرتبط به آن شامل طول سنبله (سانتی‌متر)، شمار دانه در بوته، طول ساق گل یا پدانکل (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر) و وزن هزاردانه (گرم) در ده بوته در جمعیت‌های والدی و سی بوته در جمعیت‌های نسل  $F_1$  در مرحله رسیدگی فیزیولوژیکی و وزن هزاردانه پس از برداشت اندازه‌گیری و از میانگین داده برای تجزیه و تحلیل آماری استفاده شد. تجزیه و تحلیل ژنتیکی بر پایه روش دو مدل B مختلط گریفینک (Griffing, 1956) انجام شد. برای تجزیه واریانس ساده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹ و برای انجام تجزیه ژنتیکی و تعیین فراسنجه‌ها از نرم‌افزار آماری [Diallel-SAS05] استفاده شد. برای صفاتی که تفاوت بین نژادگانها معنی‌دار بود، تجزیه دی‌آلل به روش همین (Hayman, 1954) انجام شد. برای انجام تجزیه همین، در آغاز آزمون درستی مفروض‌های همین انجام گرفت. برای این کار، آزمون شیب خط رگرسیون کواریانس نتاج با والد مشترک آن‌ها ( $W_F$ ) روی واریانس ردیف‌ها ( $V_F$ ) انجام شد. در همین ارتباط، آزمون اثر متقابل غیرآلی (اپیستازی) با استفاده از  $W_F - V_F$  به صورت طرح کامل تصادفی نیز انجام شد و در صورت تأیید مفروضات، فراسنجه‌های ژنتیکی شامل واریانس افزایشی (D)، واریانس غیرافزایشی ( $H_1, H_2$ ) و میانگین و کواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F)، میانگین درجه غالبیت  $(H_1/D)^{1/2}$ ، نسبت ژن‌هایی با اثر مثبت و منفی در والدین، وراثت‌پذیری خصوصی و عمومی برآورد شدند (Hayman, 1954).

### نتایج و بحث

تجزیه واریانس ساده صفات اندازه‌گیری شده نشان داد، تفاوت بین نژادگانها در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود، در نتیجه انجام تجزیه‌ها و برآورد ویژگی‌های ژنتیکی به روش تجزیه دی‌آلل (همین) را امکان‌پذیر ساخت (جدول ۲).

آزمون مقدماتی روش جینکز و همین (جدول ۳)

جدول ۲. تجزیه واریانس صفات عملکرد دانه و اجزای عملکرد در نژادگان‌های گندم نان در طرح تلاقی دای‌آل

Table 2. Analysis of variance of grain yield and its components of bread wheat genotypes in a diallel cross design.

Mean square						f	Source of variation
1000-grain weight	Plant grain yield	Number of seeds per plant	Panicle length	Peduncle length	Plant height		
3.28**	56.45**	45.50**	49.19**	*19.52*	79.37*	7	Genotype
18.03	13.02	15.87	1.05	8.16	25.62	4	Error
13.58	12.54	12.76	10.87	11.78	10.51		CV (%)

\*\* و \* : به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

\*, \*\*: significant at the level of probability 5% and 1%, respectively.

جدول ۳. آزمون ضریب رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  و آزمون اثر اپیستازی ( $W_r-V_r$ ).

Table 3.  $W_r$  on  $V_r$  regression coefficient test and the test of epistasis effect ( $W_r-V_r$ ).

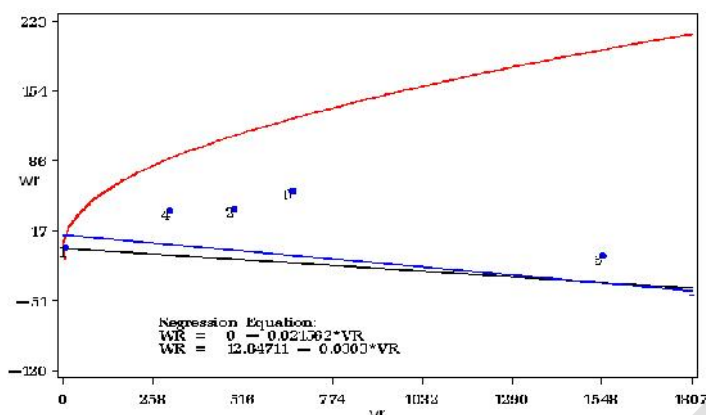
Parameters	traits					
	1000-grain weight	Plant grain yield	Number of seeds per plant	Spike length	Peduncle length	Plant height
Regression coeff.	1.02	1.24	0.39	0.5	.69	0.79
$H_0: =1$	1.22 <sup>ns</sup>	0.72 <sup>ns</sup>	0.68 <sup>ns</sup>	0.78 <sup>ns</sup>	0.82 <sup>ns</sup>	1.31 <sup>ns</sup>
$H_0: =0$	3.20*	3.25 <sup>ns</sup>	2.65 <sup>ns</sup>	2.87**	5.58**	4.53**
$H_0: a=0$	0.32 <sup>ns</sup>	1.26 <sup>ns</sup>	0.42 <sup>ns</sup>	2.24 <sup>ns</sup>	1.67 <sup>ns</sup>	2.13 <sup>ns</sup>
MS of $W_r-V_r$	236.7 <sup>ns</sup>	246.11 <sup>ns</sup>	18.2 <sup>ns</sup>	257.45 <sup>ns</sup>	8.98 <sup>ns</sup>	14.25 <sup>ns</sup>

ns, \* and \*\*: Non-significant and significant at the probability level of 5% and 1%, respectively.

حدواسطی را نشان دادند (شکل ۵). پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون در طول سنبله به گونه‌ای است که رقم گاسپارد نزدیک‌ترین والد به مبدأ محور مختصات  $W_r$  است، بنابراین این نژادگان بیشترین شمار ژن غالب و رگه شماره ۵ بیشترین فاصله را با محل یادشده داشته و در نتیجه شمار ژن‌های مغلوب بیشتری را برای این صفت دارد. رگه‌های ۱، ۲، ۳ و ۴ در نقطه وسط خط رگرسیون قرار گرفته و لذا برای طول سنبله نسبت برابری از ژن‌های غالب و مغلوب دارند (شکل ۶).

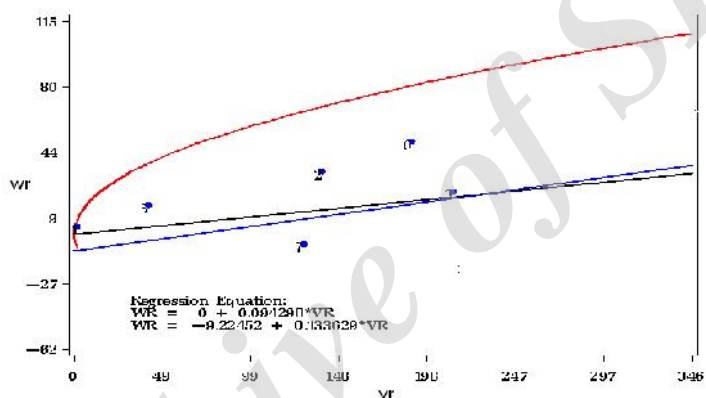
برخورد خط رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  در قسمت منفی محور  $W_r$  برای طول ساق گل، شمار دانه در بوته، طول سنبله و وزن هزارانه (شکل‌های ۲، ۴، ۶ و ۵) نشان از اثر فوق غالبیت ( $D < HI$ ) عمل ژن و غیرافزایشی بودن اثر ژن‌ها در این صفات است بنابراین برای بهبود و یا اصلاح ژنتیکی این صفات دورگیری و انتخاب در نسل‌های پیشرفته مؤثر است.

برای صفت طول ساق گل مشاهده می‌شود که والدین شماره ۱ و ۳ بیشترین ژن‌های غالب و رگه شماره ۵ بیشترین ژن‌های مغلوب را داشته و رگه‌های ۲، ۳، ۴ و ۶ وضعیت حدواسط دارند (شکل ۲). پراکنش والد‌ها در اطراف خط رگرسیون برای عملکرد دانه در بوته نشان می‌دهد که رگه‌های شماره ۵ و ۷ بیشترین ژن‌های غالب و رگه شماره ۴ بیشترین ژن‌های مغلوب را در بوته داشته و ژن‌های غالب و مغلوب دو رقم دیگر در وضعیت حدواسط قرار دارند (شکل ۳). پراکنش والدین برای شمار دانه در بوته در امتداد خط رگرسیون نشانگر بیشترین ژن‌های غالب برای رگه‌های ۵ و ۷ و بیشترین ژن‌های مغلوب برای شماره ۴ بوده و رگه‌های دیگر در وضعیت حدواسط قرار داشتند (شکل ۴). پراکنش والد‌ها در اطراف خط رگرسیون برای وزن هزارانه نشان می‌دهد که رقم گاسپارد بیشترین ژن‌های غالب و رگه شماره ۵ بیشترین ژن‌های مغلوب را به خود اختصاص داده و رگه‌های دیگر وضعیت



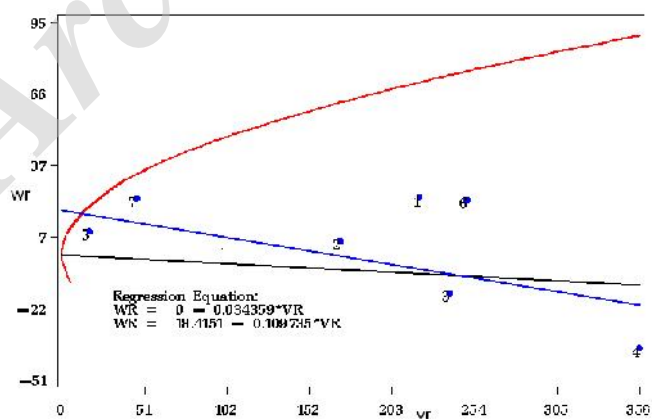
شکل ۱. خط رگرسیون  $WR-Vr$  و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای ارتفاع بوته.

Figure 1. Regression line of  $WR-Vr$  and restricted stock of parent distribution around the regression line for plant height.



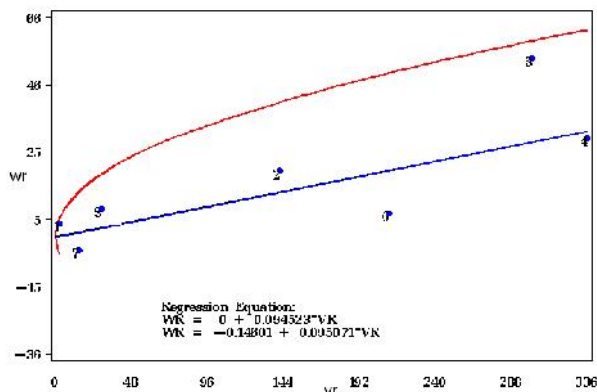
شکل ۲. خط رگرسیون  $WR-Vr$  و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای طول ساق گل.

Figure 2. Regression line of  $WR-Vr$  and restricted stock of parent distribution around the regression line for peduncle length.

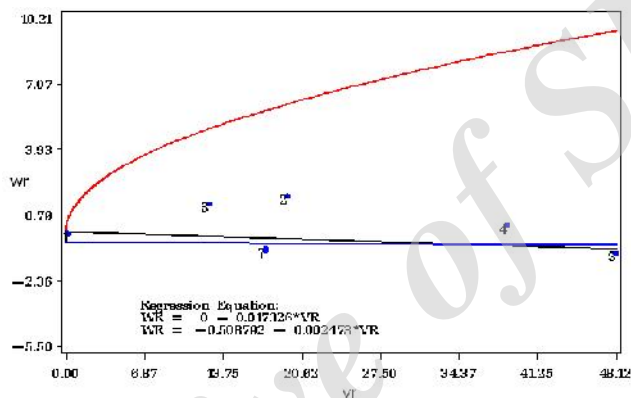


شکل ۳. خط رگرسیون  $WR-Vr$  و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای عملکرد دانه در بوته.

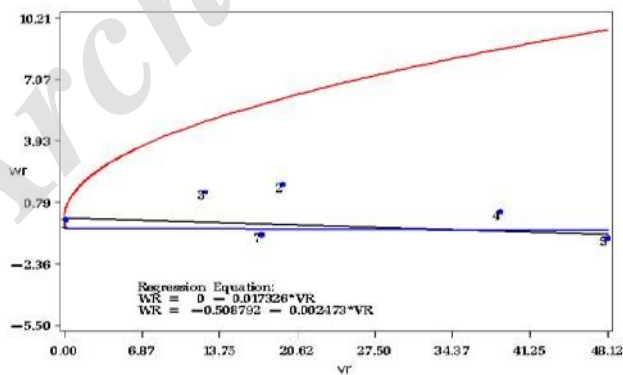
Figure 3. Regression line of  $WR-Vr$  and restricted stock of parent distribution around the regression line for grain yield.



شکل ۴. خط رگرسیون Wr-Vr و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای شمار دانه بوته.  
 Figure 4. Regression line of Wr-Vr and restricted stock of parent distribution around the regression line for the Number of seeds per plant.



شکل ۵. خط رگرسیون Wr-Vr و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای وزن هزاردانه.  
 Figure 5. Regression line of Wr-Vr and restricted stock of parent distribution around the regression line for 1000-grain weight.



شکل ۶. خط رگرسیون Wr-Vr و سهمی محدودکننده با پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون برای طول سنبله.  
 Figure 6. Regression line of Wr-Vr and restricted stock of parent distribution around the regression line for spike length.

در شکل‌های ۱ تا ۶ اعداد درج شده به ترتیب عبارت‌اند از ۱-رقم گاسپارد، ۲-رگه WS-82-9، ۳- M83-6 و ۷-رگه M83-12 است. برآورد شاخص‌های

رگه ۴-DN-11، ۴-رقم چمران، ۵- رگه M83-4، ۶-رگه

صفات نقش داشتند ولی نقش اثر افزایشی ژن بیش از اثر غالبیت بود و در صفات وزن هزاردانه، شمار دانه در بوته، طول سنبله و طول ساق گل، بزرگ‌تر بودن واریانس غالبیت ( $H_1$ ) نسبت به واریانس افزایشی (D) نشان می‌دهد. سهم اثر غیرافزایشی در این صفات بالاتر از اثر افزایشی است.

آماره‌ی و اجزاء ژنتیکی برای صفات مورد بررسی در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج تجزیه واریانس ترکیب‌های اجزاء ژنتیکی نشان داد، آماره واریانس افزایشی (D) و آماره‌های  $H_1$  و  $H_2$  (واریانس غیرافزایشی) برای بیشتر صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه معنی‌دار بودند. در عملکرد دانه در بوته و ارتفاع بوته هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل

جدول ۴. برآورد اجزای ژنتیکی برای صفات مورد بررسی بر پایه روش همیمن

Table 4. Estimation of genetic components for traits based on Heyman method.

Parameter s	Characters					
	Plant height	Peduncle length	Spike length	Number of seeds per plant	Plant grain yield	1000-grain weight
D	31.5*	6.68	1.51	13.85*	53.26*	24.63*
H1	11.9*	7.41*	3.65*	31.1*	21.910*	88*
H2	30*	9.61*	1.23*	0.82ns	92.49 <sup>ns</sup>	15.0*
F	31.04*	9.06*	1.16*	50.9*	6.22ns	1.19ns
$\sqrt{H1/D}$	0.61	1.05	1.54	1.49	0.64	1.89
$h^2b$	0.68	0.49	0.66	0.2	0.51	0.66
$h^2n$	0.47	0.27	0.24	0.21	0.42	0.28

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

\*and \*\*: significant at the level of probability 5% and 1%, respectively.

افزایشی ژن، و دیگر صفات مورد بررسی که وراثت-پذیری خصوصی پایینی داشتند تحت کنترل اثر غیر افزایشی ژن‌ها بودند. بنابراین برای بهبود صفاتی که اثر ژن افزایشی است از روش اصلاحی مبتنی بر تلاقی والدین منتخب و گزینش زود هنگام و در صفاتی که اثر ژن غیرافزایشی است با تثبیت صفات و گزینش در نسل‌های پیشرفته استفاده کرد. این نتایج با دستاوردهای دیگر پژوهشگران از جمله (Da üstü (2008) و (EL-Khayat *et al.* (2006) همخوانی دارد.

### نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق نشان داد، اگرچه ژن‌های با هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل عملکرد دانه و صفات وابسته به آن نقش داشتند، اما سهم هر یک از این اثرها در کنترل هر یک از صفات متفاوت بود. برآورد شاخص‌های آماری جدول ۴ و نمودارهای سهمی استفاده از روش همیمن تأیید می‌کند که رفتار ژن‌ها به صورت اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات مورد بررسی در نژادگان‌های گندم نان است. بخشی از

این نتایج با دستاوردهای دیگر پژوهشگران مانند (Cemal *et al.* (2009) و (Barnlard *et al.* (2001) نیز همخوانی دارد. آماره F برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله و شمار دانه در بوته معنی‌دار بود که نشان‌دهنده حضور بیشتر ژن‌های با اثر کاهش‌ی در کنترل صفات بالا است و در دیگر صفات این آماره معنی‌دار نبود و نشان از حضور بیشتر ژن‌های با اثر افزایشی در کنترل این صفات است. میانگین درجه غالبیت  $\sqrt{H/D}$  برای عملکرد دانه و ارتفاع بوته در سنبله به ترتیب کمتر از یک و در دیگر صفات بیشتر از یک بود و نمودارهای سهمی به روش همیمن تأییدی بر رفتار ژن به صورت اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات مورد بررسی بود. بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به ترتیب در صفت ارتفاع بوته ۴۷٪ و شمار دانه در بوته ۲۱٪ به دست آمد که این نتایج در همخوانی با یافته‌های Dhanda & Sethi (1998) و (Zare-kohan1 & Heidari (2012) هستند. صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه در بوته با داشتن میزان وراثت‌پذیری خصوصی بالا، تحت کنترل اثر



گندم نان می‌توان دریافت که بهبود ژنتیکی صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه در بوته از نسل‌های مقدماتی امکان‌پذیر بوده ولی در مورد دیگر صفات بایستی انجام گزینش به نسل‌های پیشرفته اصلاحی و افزایش سهم اثر افزایشی ژن‌ها موکول شود. پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان داد، برای بیشتر صفات والد شماره ۱ ژن غالب بیشتری نسبت به دیگر نژادگان‌ها داشت.

کل تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده در صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه در بوته توسط اثر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. همچنین اثر غیرافزایشی در کنترل صفات طول ساق گل، شمار دانه در سنبله، وزن هزاردانه و طول سنبله دخالت داشتند. این نتایج با دستاوردهای دیگر پژوهشگران (۳، ۶، و ۹) همخوانی دارد. از نتایج این پژوهش و بررسی یافته‌های دیگر پژوهشگران در مورد توارث عملکرد دانه و اجزای آن در نژادگان‌های

## REFERENCES

1. Abdul Rehman Rashid, M., Salam Khan, A. & Iftikha, R. (2012). Genetic studies for yield and yield related parameters in bread Wheat. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 12(12), 579-1583.
2. Arshad, M. & Chowdhry, M. S. (2003). Genetic behavior of wheat under irrigated and drought stress environment. *Asian Journal of Plant Science*, 2, 58-64.
3. Barnlard, A., Labuschange, T. & Niekerk, H. (2001). Heritability estimates of bread wheat quality traits in the Western Cape Province of South Africa. *Euphytica*, 127, 115-122.
4. Budak, N. (2001). Genetic analysis of certain quantitative traits in the F<sub>2</sub> generation of a 8×8 diallel of durum population. *Turkish Journal of field crops*, 38, 63-70.
5. Bushuk, W. & Rasper, V.F. (1994). *Wheat production, properties and quality*. Blakie Academic and professional- An important. Chapman and Hall.
6. Cemal, Y., Faheem Shehzeol, B. & Hakan, O. (2009). Genetic analysis of some physical properties of bread wheat grain. *Turkish Journal of agriculture and forestry*, 33, 525-535.
7. Da üstü, 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.
8. Dhanda, S.S. & Sethi, G.S. (1998). Inheritance of excised-leaf water loss and relative water content in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 104, 39-47.
9. Edwards, B. (2001). Hybrid wheat. In: A.P. Bonjean, and W.J. Angus (Ed), *The World wheat book: A history of wheat breeding*. (pp.1019-1045) Lavoiser Publishers, Paris.
10. El-Khayat, GH., Samaan, J., Manthey, F.A., Fuller, M.P. & Brennan, C.S. (2006). Durum wheat quality I: some physical and chemical characteristics of Syrian durum wheat genotypes. *International Journal of Food Science and Technology*, 41, 22-29.
11. Farshadfar, E., Aghaie Sarbarzeh, M., Sharifi, M. & Yaghopoor, A. (2008). Assessment of salt tolerance in barley via generation mean analysis. *Journal of Biological Science*, 8(2), 461-465.
12. Griffing, B. (1956). generalized treatment of use of diallel crosses in qualitative inheritance. *Heredity*, 10, 31-50.
13. Hayman, B. I. (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39(6), 789-809.
14. Habib, I. & Khan, A.S. (2003). Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 2, 1153-1154.
15. Heidari, B., Rezai, A.M. & Mirmohammadi Maibody, S.A.M. (2006). Diallel analysis for the estimation of genetic parameters for grain yield and grain yield components in bread wheat. *Journal of Science, Technology and Agricultural Natural Resources*, 10(2), 121-139. (In farsi).
16. Jinks, J.L. & Hayman, B.I. (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize genetics*, 43, 223-234.
17. Iran-Nejad, H. & Shahbaziyan, N. (2005). *Cereal cultivation*. (Vol. I), Wheat Karenoo Publications, Tehran, Iran. (In farsi).
18. Kearsey, M.Y. & Pooni, H.S. (1996). *The Genetically Analysis of quantities Traits*. Chapman and Hall London.
19. Mather, K. (1949). *Biometrical genetics*. Dover publication, Inc., New York.
20. Mather, K. & Jinks, J.L. (1982). *Biometrical genetics- The study of continuous variation*. Chapman and Hall.
21. Ojaghi, J. & Akhundi, A. (2010). Genetic effects for grain yield and its related traits in doubled haploid lines of wheat. *International Journal of Agriculture and Biology*, 12(1), 86-90.

22. Riaz R. & Chowdhry, M.A. (2003). Genetic analysis of some economic traits of wheat under drought condition. *Asian journal of plant science*, 6, 790-796.
23. Singh H., Sharma S.N. & Sain R.S. (2004). Combining ability for some quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum L. em Thell*). *Crop science*, 45, 68-72.
24. Zare-kohan1, M. & Heidari, B. (2012). Estimation of genetic parameters for maturity and grain yield in diallel crosses of five wheat cultivars using two different models. *Journal of Agricultural Science*, 4(8), 74-85.
25. Zhang Y., Kang MS. & Lamky, RK. (2005). DIALLEL-SAS 05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart Analyses. *Agronomy*, 97, 1097-1106.

Archive of SID