

ارزیابی تلقیح دوگانه بذر با قارچ میکوریزا و باکتری ازتوباکتر با مصرف سطوح مختلف نیتروژن و فسفر بر عملکرد روغن و برخی از صفات زراعی در گلرنگ

Evaluation of seed twofold inoculation by fungi *Glomus Intraradices* Mycorrhiza and *Azotobacter chorococum* with various nitrogen and phosphorus levels use on oil yield and some of traits in safflower

محمد میرزا خانی^۱، محمدرضا اردکانی^۲، فرهاد رجالی^۳، امیر حسین شیرانی راد^۴، امیر آینه بند^۵

چکیده

به منظور بررسی اثرات تلقیح دوگانه بذر با ازتوباکتر و میکوریزا و مقادیر مختلف نیتروژن و فسفر بر درصد و عملکرد روغن دانه گلرنگ بهاره رقم 111-IL، در بهار سال زراعی ۸۶-۱۳۸۵ این آزمایش اجرا گردید. آزمایش بصورت فاکتوریل در قالب طرح پایه بلوک های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد. هر کرت آزمایشی شامل چهار خط به طول ۵ متر و به فاصله ردیف ۵۰ سانتیمتر و فاصله بوته ها روی ردیف نیز ۵ سانتیمتر در نظر گرفته شد، تا تراکم ۴۰۰ هزار بوته در هکتار بدست آید. عوامل مورد آزمون شامل ازتوباکتر (*Azotobacter Chorococum*) و میکوریزا (*Glomus Intraradices*) هر کدام در دو سطح به ترتیب شامل (A0M0) یعنی عدم تلقیح با باکتری ازتوباکتر و قارچ میکوریزا، A1M1 یعنی تلقیح با باکتری ازتوباکتر و قارچ میکوریزا) و مصرف کودهای نیتروژن و فسفر در چهار سطح به ترتیب شامل: [F3= N150+ P75 (kg/ha), F2= N100+ P50(kg/ha), F1= N50+ P25(kg/ha), F0= N0+ P0 (kg/ha).] (صفتی از قبیل ارتفاع بوته، ارتفاع شاخه دهی، قطر ساقه، طول دوره رشد، درصد روغن دانه و عملکرد روغن دانه اندازه گیری شدند. بیشترین مقدار عملکرد روغن مربوط به تیمار A0M1F3 (عدم تلقیح با ازتوباکتر و تلقیح با میکوریزا و سطح سوم مصرف کودها، یعنی ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار نیتروژن و ۷۵ کیلوگرم در هکتار فسفر) با میانگین (۴۲۶/۸ کیلوگرم در هکتار) و کمترین عملکرد روغن دانه (۲۹۵/۱ کیلوگرم در هکتار) توسط تیمار A0M1F0 (تلقیح میکوریزا و عدم تلقیح ازتوباکتر بدون مصرف نیتروژن و فسفر) تولید گردید. هدف از انجام این تحقیق تامین بخشی از عناصر غذایی مورد نیاز گیاه با استفاده از عوامل بیولوژیکی و کاهش مصرف کودهای شیمیایی بود. طبق محاسبات انجام شده در این بررسی می توان گفت که تلقیح گلرنگ بهاره، با باکتری ازتوباکتر و قارچ میکوریزا باعث افزایش حدود ۹/۲۰ درصدی عملکرد روغن دانه شده است. البته در صورت تکرار این آزمایش نتایج با قطعیت بیشتری قابل بررسی و تجزیه و تحلیل خواهد بود.

واژه های کلیدی: گلرنگ، تلقیح ازتوباکتر و میکوریزا، عملکرد روغن دانه، کودهای نیتروژن و فسفر.

۱- دانشگاه آزاد اسلامی واحد فراهان

۲- دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج

۳- موسسه تحقیقات خاک و آب کشور

۴- موسسه تحقیقات، تهیه و اصلاح بذر و نهال کرج

۵- دانشگاه شهید چمران اهواز

Archive of SID

107-116.

Payne, P.I. 1987. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread_ making quality. *Annu.Rev. Plant. Physiol.*38:141-153.

Pestsova, E., V.Korzum., V. P, Gonchorov., K, Hamm., M. W, Ganal and M. S,Roder. 2000. Micrisatellite analysis of *Ae.tauschii* germplasm. *T.A.G* 101:100-106.

Saeidi,H., M.R,Rahiminejad., S,Valian and J.S,Heslop-Harrison. 2005. Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss.In Iran measured usig microsatellite.*Genet.Resour.*

Shewry, P.R and N.G, Halford. 2002. Cereal seed storage proteins: structures, properties and role in grain utilization. *J.Exp. Bot.*53:947-958.

Tilly, M., S.R, Bean., P.A, Seib., R.G, Sears and G.L, Lookhart.2000.PCR amplification andDNA seaquencing of high molecular weight glutenin sununits 43 and 44 from *Triticum tauschii* accessions TA2450.Zn wheat gluten. Edited by P.R.Shewry and A.S.Tatham.The Royal Society of Chemistry, UK,pp. 105-108.

Van Slageren, M.N. 1994.Wild wheats:s monograph of *Aegilops L.and Amblyopyron* (Jaub and Spach)*Eig.*Agricultural University ,Wageningen, the Netherlands.

Wieser, H., S.L.K, Hsam and F.J, Zeller. 2003. Relationship between the qualitative and quantitative compositions of gluten protein types and technological properties of synthetic hexaploid wheat derived from *Triticum durum* and *Aegilops tauschii*. *Cereal.Chem.*80(3): 247-251.

Yan, Y., S.L.K, Hsam., J.Z, Yu., Y, Jiang and F.J, Zeller.2003.Allelic variation of the HMW glutenin subunits in *Aegilops tauschii* accessions detected by sodium dodecyl sulphate (SDS-PAGE), acid polyacrylamide gel(A-PAGE) and capillary electrophoresis.*Euphytica.*130: 377-385.

Zhang, Y., Q, Li., Y, Yan., J, Zheng., X, An., Y, Xiao., A, Wang., Y,Pei., H, Wang., S.L.K, Hsam and F.J, Zeller. 2006. Molecular characterization and phylogenetic analysis of a novel glutenin gene (Dy 10. 1t) from *Aegilops tauschii*. *Genome.*49: 735-746.

References

فهرست منابع

- رضایی، ع. ۱۳۷۵. رابطه بین زیر واحد های گلوتنین با وزن مولکولی بالا در گندم؛ مجله علوم کشاورزی ایران. شماره ۱؛ ص. ۱۱-۲۲.
- شاه نجات بوشهری، ع. ۱، س. م، فخر طباطبایی. ۱۳۸۰. اثر نگاری پروتئینی جمعیت های گندم تائو دار در ایران؛ مجله علوم کشاورزی ایران؛ شماره ۳ ص ۵۷۳-۵۶۷
- طاهرزاد، ز. ۱۳۸۵. تجزیه ژرمپلاسم *Aegilops tauschii* با استفاده از نشانگرهای مولکولی میکروساتلایت و بررسی های مورفولوژیکی آن. پایان نامه کارشناسی ارشد اصلاح نباتات دانشگاه زابل.
- فاتحی، ف.، ملکی، م.، صلواتی، ا.، قنادها، م. ر.، زالی، ع. ع وحسین زاده، م. ۵. ۱۳۸۵. رابطه زیر واحد های گلوتنین با وزن مولکولی بالا و کیفیت نانوائی در گندم نان. نهمین کنگره ژنتیک ایران. تهران، مرکز همایش های بیمارستان میلاد. ص ۱۰۲.
- نجفیان، گ.، س، عبد میثانی و ب، یزدی صمدی. ۱۳۷۶. تاثیر تنوع آلی زیر واحد های گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد در ارزش نانوائی لاین های به نژادی گندم. مجله علوم کشاورزی ایران؛ شماره ۳؛ ص ۱-۵.
- Dvorak, J., M.C, Luo., Z.L., Yang and H.B, Zhang.1998. The structure of *Aegilops tauschii* genpool and the evalotion of hexaploid wheat. Theor. Appl. Genet. 97:657-670.
- Fulington, J. G., E.W. Cole and D.S. Kasarda.1983. Quantitative SDS-PAGE of total proteins from different. Cereal Chem. 6: 65-70.
- Gianibelli, M.C., O.R, Larroque., F, MacRichie and C.W, Wrigley.2001. Biochemical, genetic and molecular characterization of wheat glutenin and its components subunits. Cereal. Chem. 78: 635- 646.
- Gianiblei, M. C., Wrigley, C.W. and Mac Rithic, F. 2002 Polymorphism of low mr glutenin in *T.tauschii*. J. Cereal Sci.35: 277 – 288
- Hayward, M.D., N.O.Bosemark, and I. Romagosa, 1993.Plant breeding, Principles and prospects. Chamoan and Hall. P: 550.
- Hegde, S.G., J,Valkoun and J.G,Waines. 2002. Genetic diversity in wild and weedy *Aegilops* , *Amblyopyrum* and *Secale* species –a preliminary survey.Crop Sci.42:608-642.
- Laemml, U.K.1970.Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of the bacteriophage T4. Nature (Landon) 227:680-685.
- Lawerence, G. j., H. j. Moos. , K. W. Shepherd., C. W. Wrigley. 1987. Dough quality of biotypes of eleven Australian wheat cultivars that differ in HMW glutenin subunits composition. J. Cereal.Sci. 6: 99-101.
- Lubbers, E.L., K.S, Gill.,T.S, Cox and B.S, Gill.1991.Variation of molecular markers among geographically diverse accessions of *Triticum tauschii*.Genome.34:354-361..
- Masci, S., D'Ovidio, R., Lafiandra, D and Kasarda, D.D. 1998.Characterization of a low- molecular- weight subunits gene from bread wheat and the corresponding protein that represents a major subunit of the glutenin polymer.Plant.Physiol.118: 1147-1158.
- McFaden, E.S and E.R, Sears.1946. The origin of *Triticum spelta* and its free_threshing hexaploid relatives.J. Hered.37:81-89,

به طور کلی نتایج حاصل بر اساس رنگ آمیزی با کوماسی بلو با نتایج حاصل بر اساس رنگ آمیزی با نیترا ت نقره کاملاً متفاوت بود. اما با توجه به اینکه در رنگ آمیزی با کوماسی بلو Chinese spring (دارای ژنوم های A, B و D) در تجزیه خوشه ای از توده های *Ae. tauschii* (با ژنوم D) جدا شده و در یک گروه کاملاً جدا قرار گرفته و نیز وضوح بالای زیر واحدهای HMW-GS در ژل حاصل از روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو، در این تحقیق نتیجه گیری بر اساس نتایج بدست آمده از ژل حاصل از این نوع رنگ آمیزی (کوماسی بلو) می باشد، لذا با توجه به نتایج به دست آمده، رنگ آمیزی با کوماسی بلو به عنوان روشی مناسب تر برای بررسی تنوع ژنتیکی از نظر باند های پروتئین گلوتمین به ویژه HMW-GS پیشنهاد می شود.

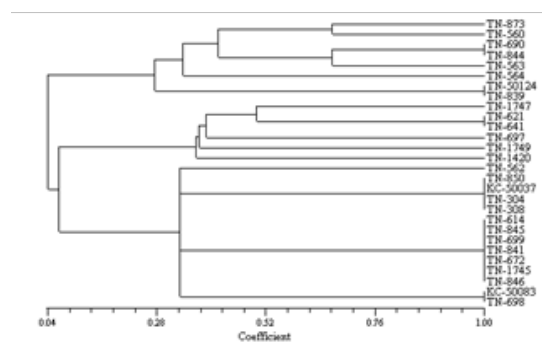
شمالی در طول ساحل دریای خزر بود. بنابراین بیشترین تنوع ژنتیکی *Ae. tauschii* در شمال ایران معرفی شد. دووراک و همکاران (۱۹۹۸) نیز دو جمعیت *Ae. tauschii* اجدادی را از لحاظ جغرافیایی فرض کردند: یکی سواحل دریای خزر در ایران (خزانه ژنی زیر گونه *strangulata*) و دیگری شمال مرکز ایران (خزانه ژنی زیر گونه *tauschii*). ناحیه دریای خزر در ایران به عنوان ناحیه اولیه گونه های *Ae. tauschii* و ناحیه ایجاد و تکامل گندم هگزاپلوئید مورد توجه می باشد (لوبرز ۱۹۹۱، دووراک ۱۹۹۸). همچنین این ناحیه بزرگترین سطح تنوع ژنتیکی گونه هارا در بر میگیرد (لوبرز ۱۹۹۱). ون اسلاگرن (۱۹۹۴) با مطالعه خصوصیات مورفولوژیکی، زیستگاه و اکولوژیکی *Ae. tauschii*، توزیع جغرافیایی *Ae. tauschii* را در شمال غربی، شمال شرقی و همچنین جنوب مرکز ایران اعلام کرد.

به طور کلی در این تحقیق، نتایج حاصل از الگوی نواری HMW نتوانست توده های مورد مطالعه *Ae. tauschii* را بر اساس پراکنش جغرافیایی آنها دسته بندی کند. سعیدی و همکاران (۲۰۰۵) نیز در مطالعه *Ae. tauschii* با نشانگر SSR، گروه بندی حاصل از تجزیه خوشه ای با نواحی جغرافیایی توده های مورد مطالعه مطابقت نداشت.

با وجود اینکه اکثر توده های مورد مطالعه به زیر گونه *tauschii* تعلق داشتند اما تنوع بسیار زیادی در بین آنها مشاهده شد. همچنین سطح بالای تنوع ژنتیکی در ایران توسط لوبرز و همکاران (۱۹۹۱)، دووراک و همکاران (۱۹۹۸) و پستسوا و همکاران (۲۰۰۰) گزارش شده است. سعیدی و همکاران (۲۰۰۵) نیز گزارش دادند که تنوع بسیار زیادی در بین گیاهان وحشی موجود در ایران وجود دارد. در این تحقیق شبیه ترین توده ها به Chinese spring توده هایی از زیر گونه *strangulata* بودند. مقایسه الگوی گلیادین زیر گونه های *Ae. tauschii* نشان داد که زیر گونه *strangulata* به میزان زیادی به گندم نان نزدیک می باشد، بنابراین به احتمال زیاد زیر گونه *strangulata* جد گندم نان می باشد (یان و همکاران، ۲۰۰۳).

مطالعه قرار داد. تنوع آلی در لوکوس Glu-D1 باعث وقوع حداکثر اختلافات مشاهده شده در مقدار رسوب، زمان اختلاط، مقاومت خمیر و حجم نان گردید، در این بررسی مشخص شد که زیر واحدهای ۵+۱۰ که توسط آلل های Glu-D1 کنترل می شوند. نسبت به زیر واحدهای ۲+۱۱، ۲+۱۲ برتری دارند. به طور کلی زیر واحدهای گلو تین با وزن مولکولی بالا نقش کلیدی را در شکل و ساختار گلو تین بازی می کنند و ارتباط تنگاتنگی با کیفیت گندم دارند (فاتحی و همکاران، ۱۳۸۵). زیر واحدهای گلو تین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) در تعیین خواص ویسکوالاستیک خمیر و خاصیت نانوائی مهم هستند (گیانی بلی ۲۰۰۱؛ پاین ۱۹۸۷). گندم نان، زیر واحدهای گلو تین HMW که بیشترین تأثیر را بر روی خاصیت نانوائی دارند، گندم را از گیاه *Ae. tauschii* دریافت کرده است، پس جهت بالا بردن ارزش نانوائی گندم های هگزاپلوئید می توان از این گیاه استفاده کرد. همچنین در مواردی خاص بعضی ژن های گلو تین با وزن مولکولی بالای موجود در *Ae. tauschii* تأثیر معینداری در خواص نانوائی گندم های هگزاپلوئید مصنوعی دارند (تایلی و همکاران، ۲۰۰۰). بررسی ترکیبات HMW-GS نشان داده است که تنوع آلی گسترده تری در لوکوس Glu-D1 در *Ae. tauschii* وجود دارد به طوری که در گندم نان یافت نشده است (دووراک، ۱۹۹۸). نتایج حاصل از ضرایب تشابه، نشان دهنده تنوع ژنتیکی بالا بین توده های گیاه *Ae. tauschii* بود. همچنین الگوی نواری HMW-GS نیز پلی مورفیسم و تنوع ژنتیکی زیادی را نشان داد. دووراک و همکاران نیز (۱۹۹۸) سطح بالای تنوع ژنتیکی در ایران را گزارش کردند. طاهر نژاد (۱۳۸۵) ۲۸ توده *Ae. tauschii* ایرانی را با استفاده از نشانگرهای مولکولی میکروساتلایت و صفات مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار داد، نتایج نشان دهنده تنوع ژنتیکی بالایی در میان توده ها بود. سعیدی و همکاران (۲۰۰۵) گزارش دادند که تنوع بسیار زیادی در بین جمعیت های *Ae. tauschii* موجود در ایران وجود دارد. بیشترین میزان تنوع ژنتیکی توده های *Ae. tauschii* ناحیه

تأثیر را بر روی خاصیت نانوائی گندم دارند (رضایی، ۱۳۷۵). با این وجود هیچ کدام از توده های مورد بررسی دارای آلل ۵+۱۰ نبودند. اما توده های TN-614، TN-697، TN-845، TN-699، TN-841، TN-672، TN-1745 و TN-846 دارای آلل های ۲+۱۲ بودند، بنابراین این توده ها دارای کیفیت نانوائی بالایی نیستند.



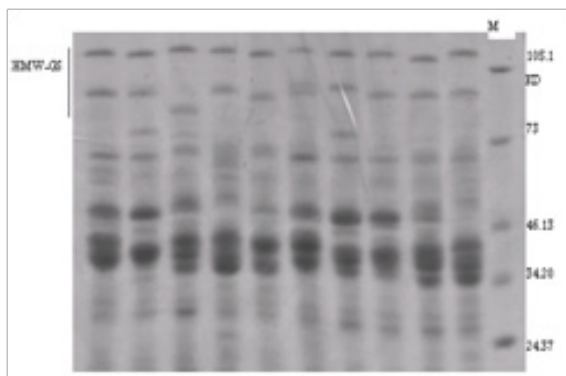
شکل ۴- دندروگرام حاصل از امتیازدهی آلل های HMW-GS به روش UPGMA
Fig 4. HMW-GS scoring dendrogram by UPGMA method

نجفیان و همکاران (۱۳۷۶) برای بررسی رابطه بین کیفیت آرد و زیر واحدهای گلو تین دارای وزن مولکولی بالا و ارزش نانوائی گندم نان، ۱۵۴ لاین به نژادی گندم که برای ارزش نانوائی انتخاب شده بودند را با استفاده از روش SDS-PAGE الکتروفورز کردند، آنها نتیجه گرفتند که اثر مکان های ژنی سه گانه (Glu-D1, Glu B1, Glu A1) در تغییر حجم رسوب زنی و حجم رسوب SDS از نظر آماری معیندار است. برای این دو صفت زیر واحدهای ۱ و ۲ بهتر از نول و زیر واحد های ۵+۱۰ بهتر از ۲+۱۲ بودند.

رضایی (۱۳۷۵) رابطه بین کیفیت آرد و زیر واحدهای گلو تین با وزن مولکولی بالا را با استفاده از لاین های هموزیگوت تصادفی حاصل از تلاقی بین ۵ واریته با ارزش نانوائی کم و زیاد و دارای آلل های مختلف در ۳ لوکوس کنترل کننده پروتئین ذخیره ای گندم توسط روش SDS-PAGE مورد

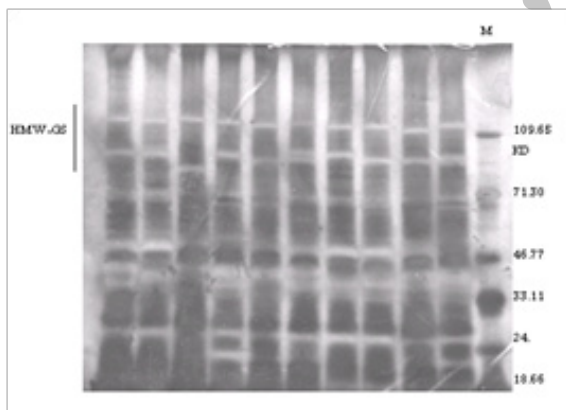
مطالعه تنوع زیر واحدهای گلوٲین در توده‌های *Aegilops tauschii* با استفاده از روش SDS-PAGE

1.5+10, 11	TN-672
1.5+10, 11	TN-690
2+12	TN-844
1.5+ 12	TN- 1745
2+12	TN-839
2+ 12.1*	TN-846
2+ 12.1*	TN-308
1.5+10, 11	TN-563



شکل ۲- الگوی باندهای SDS-PAGE به روش رنگ‌آمیزی با کوماسی بلو

Fig 2. SDS-PAGE pattern by comasssie blue staining method



شکل ۳- الگوی باندهای SDS-PAGE به روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره

Fig 3. SDS-PAGE pattern by silver staining method

پس از امتیازدهی زیرواحدهای HMW-GS برای توده ها، دندروگرام مربوط به آن نیز بر اساس الگوریتم UPGMA رسم شد (شکل ۴)، در این دندروگرام نیز، دسته بندی توده‌ها با نواحی جغرافیایی آنها هیچگونه تطابق نداشت. آلل های ۱۰+۵ و ۱۲+۲ مربوط به ژنوم D به ترتیب بیشترین و کمترین

صفات مورفولوژیکی توسط طاهرنژاد (۱۳۸۵) نیز گروه بندی توده ها با پراکنش جغرافیایی آنها مطابقت نداشت و شاهد (Chinese spring) در گروه مجزایی از توده ها قرار گرفت.

نتایج حاصل از امتیازدهی HMW-GS

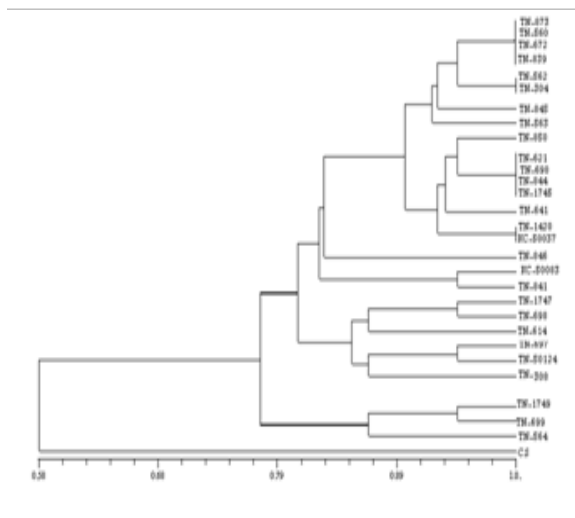
امتیازدهی توده ها بر روی ژل حاصل از روش رنگ‌آمیزی با کوماسی بلو انجام گرفت (جدول ۱)، علت این امر وضوح بالای زیرواحدهای HMW-GS در این ژل بود (شکل ۲)، در ژل حاصل از روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره باندهای این قسمت از ژل به طور کامل مشخص نبودند که این موضوع می تواند به دلیل کمتر رنگ پذیر بودن پروتئین ها توسط نیترات نقره باشد (شکل ۳).

جدول ۱- امتیاز دهی HMW-GS در توده های *Ae.tauschii*

Table1. Scoring of HMW-GS in *Ae.tauschii* accessions

Glu-D1	توده Accession
1.5+ 10	TN-873
3+11	TN-1747
2+10.1*	TN-562
2+ 12.1*	TN-850
3+ 12.1*	TN-621
2+ 12	TN-614
3+ 12	TN-697
3+ 12.3	TN-1749
3+ 12.1*	TN-641
2+ 12	CS
2+12	TN-845
2+ 12	TN-699
1.5+ T2	TN-560
1.5+ 12	TN-50124
2+ 12.2*	KC-50083
1.5+ 12.1*, 11	TN-873
2+ 12	TN-564
2+12.2*	TN-841
3+ 12.2*	TN-698
2+ 12.1*	TN-1420
2+12	KC-50037

قرار گرفتند. مقایسه این نمودار با پراکنش این توده ها نشان داد که این دسته بندی با پراکنش جغرافیایی آنها مطابقت ندارد (شکل ۱).



شکل ۱- دندروگرام حاصل از رنگ آمیزی با کوماسی بلو به روش UPGMA

Fig.1. Commaassie blue staining dendrogram by UPGMA method

ب) ژل رنگ آمیزی شده با نیترات نقره: در این روش ضرایب تشابه دارای دامنه ۰/۵۷ تا ۰/۹۵ را نشان داد. در بین توده های *Ae. tauschii* بیشترین تشابه (۰/۹۵) مربوط به توده های TN-621 و TN-846 و توده های TN-698 و TN-1745 بود و کمترین تشابه بین توده های *Ae. tauschii* را توده TN-614 با توده های TN-1749 و TN-672 (۰/۵۷) داشت. در مقایسه توده های *Ae. tauschii* با Chinese spring، کمترین شباهت ژنتیکی را رقم Chinese spring با توده های TN-692 و TN-562 (۰/۶۶) داشت و توده TN-50124 بیشترین شباهت ژنتیکی را با Chinese spring (۰/۸۴) داشت. براساس نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه ای، بر خلاف روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو، شاهد در یک دسته مجزا از توده ها قرار نگرفت و این گروه بندی تطابق بسیار کمی با پراکنش جغرافیایی آنها داشت. بر اساس مطالعه ۲۸ توده *Ae. tauschii* ایرانی با استفاده از نشانگرهای مولکولی میکروساتلایت و

هر یک از نوارهای الکتروفورزی به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد و به حضور و عدم حضور نوارها به ترتیب اعداد یک و صفر اختصاص داده شد. سپس با استفاده از نرم افزار NTSYSpc2.0 ماتریس تشابه محاسبه و برای تجزیه خوشه های از روش UPGMA استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج الکتروفورز پروتئین به روش SDS-PAGE روی ژنوتیپهای مورد بررسی، تعداد زیادی نوار را بر روی ژل آشکار ساخت. تعداد نوارهای اصلی و قابل رؤیت در روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو ۱۹ باند و در روش نیترات نقره ۲۲ باند بود. تجزیه کای اسکور در سطح احتمال یک درصد تفاوت معنی دار را بین دو روش رنگ آمیزی و همچنین بین ارقام از لحاظ باند دهی نشان داد. بنابراین دو روش رنگ آمیزی و همچنین توده های مورد مطالعه تعداد باند و الگوی بانندی متفاوتی با هم دارند.

الگوی مهاجرت نوارها

الف) ژل رنگ آمیزی شده با کوماسی بلو: محاسبه ضرایب تشابه به روش جاکارد دامنه ای از ۰/۴۲ تا ۱ را نشان داد که در بین توده های *Ae. tauschii* بیشترین تشابه (۱) بین توده های TN-560، TN-672، TN-873 و TN-839 توده های TN-562 و TN-304، توده های TN-690، TN-844 و TN-621 و TN-1745 توده های TN-1420 و KC-50037 دیده شد. همچنین کمترین شباهت ژنتیکی (۰/۵۷) در بین توده های *Ae. tauschii*، بین توده های TN-564 با توده های TN-308 و TN-846 بود. همچنین شبیه ترین توده ها به Chinese spring، TN-841، TN-1749 و TN-841 با ضریب تشابه ۰/۷۳ و دورترین به آن توده های TN-873 و TN-697 با ضریب تشابه ۰/۴۲ بودند.

بر اساس نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه ای، شاهد به طور مجزا در یک گروه و توده ها هم در یک گروه اصلی

مواد و روشها

مواد گیاهی: ۲۸ توده از گیاه *Ae. tauschii* جمع آوری شده توسط بانک ژن گیاهی ملی ایران از نواحی مختلف کشور (بر اساس پراکنش در استانهای مختلف) انتخاب شده و رقم Chinese spring نیز به عنوان شاهد استفاده شد. استخراج پروتئین و الکتروفورز: در این تحقیق استخراج پروتئین از تک بذر با استفاده از روش لاملی و همکاران (۱۹۷۰) (تعدیل شده توسط فولینگتن و همکاران (۱۹۸۳) و الکتروفورز ژل SDS-PAGE تک بعدی (شامل ژل متراکم کننده (۴٪) و ژل تفکیککننده (۱۰٪) انجام شد.

رنگ آمیزی ژل:

الف- رنگ آمیزی کوماسی بلو:

ابتدا ژل در محلول رنگآمیزی (شامل ۳ گرم رنگ کوماسی بلو آر ۲۵۰، ۲ لیتر اتانول ۹۶٪، ۴۸۰ گرم تری کلرو استیک اسید، ۱ لیتر آب و ۷ میلی لیتر اسید استیک) نگهداری و سپس در محلول رنگ بری (شامل محلول ۱۰٪ تری کلرو استیک اسید) قرار داده شد.

ب) رنگآمیزی نیترات نقره: رنگ آمیزی نیترات نقره طی مراحل زیر انجام شد:

مرحله تثبیت: نگهداری در محلول اتانول: اسید استیک: آب (۶۰:۱۰:۳۰) شستشو با اتانول ۳۰٪.

شستشو با آب. مرحله رنگ آمیزی با محلول ۱ درصد نیترات نقره. شستشو با آب.

ظاهرسازی در محلولی شامل کربنات سدیم ۲/۵ درصد و فرمالدهید ۲درصد.

متوقف سازی در محلول اسید استیک ۱٪. نامگذاری HMW-GS و تجزیه و تحلیل: برای نامگذاری باندها از روش یان و همکاران (۲۰۰۳) استفاده شد.

برای تجزیه داده های الکتروفورزی بر اساس روش جاکارد

هتروزیگوس در *Ae. tauschii* و *Ae. crassa*، نشان دهنده امکان دگرگشتی در این دو گونه مذکور داشت. ویسر و همکاران (۲۰۰۳) در تحقیقی سهم *Ae. tauschii* را در خواص گندم نان به وسیله مطالعه گندم های هگزاپلوئید مصنوعی حاصل از تلاقی گندم دوروم تتراپلوئید و *Ae. tauschii* دیپلوئید بررسی کردند. نتایج نشان داد که حجم نان، شاخص گلوٲن، حجم SDS رسوبی و حداکثر مقاومت گلوٲن بهطور معنی داری تحت تأثیر *Ae. tauschii* قرار دارد. در مطالعه‌های توسط ژانگ و همکاران (۲۰۰۶) زیر واحد Dy10 موجود در *Ae. tauschii* بهوسیله ژل های الکتروفورز یک بعدی و دو بعدی، الکتروفورز کاپیلاری و MALDI-TOF-MS شناسایی شد. تجزیه فیلوژنتیکی دلالت بر این داشت که دوبرابر شدن ژن Glu-D1 احتمالاً ۱۶/۸۳ میلیون سال پیش اتفاق افتاده است. یان و همکاران (۲۰۰۳) تنوع گلیادین در لوکوسهای Gli-D1 و Gli-D2 را در ۱۹۸ توده *Ae. tauschii* بهوسیله الکتروفورز ژل پلیاکریلامید اسیدی (A-PAGE) و الکتروفورز کاپیلاری (CE) مطالعه کردند. نتایج نشاندهنده وجود چندشکلی زیاد ژنتیکی در هر دو لوکوس گلیادین بود. گیانی بلی و همکاران (۲۰۰۲) مجموعه‌های با ۱۷۳ جمعیت *Triticum tauschii* را جهت ارزیابی تنوع از لحاظ زیر واحدهای گلوٲتین با وزن مولکولی پایین تجزیه کردند. چند شکلی زیادی هم در تعداد و هم در میزان تحرک الکتروفورزی زیر واحدهای گلوٲتین با وزن مولکولی پایین موجود در *T. tauschii* تشخیص داده شد. همچنین بعضی از آنها دارای جابجایی الکتروفورزی یکسانی با الگوی مشاهده شده برای گندم هگزاپلوئید بودند. از آنجا که *Ae. tauschii* یکی از خویشاوندان وحشی گندم نان است باید از جنبه های مختلف بررسی شود، لذا در این تحقیق به منظور تعیین تنوع ژنتیکی بین جمعیت های مذکور و مقایسه آنها با گندم هگزاپلوئید و همچنین بررسی HMW-GS از لحاظ آللهای موثر در خاصیت نانوائی، الگوی نواری پروتئینی ۲۸ توده از گیاه مذکور و گندم نان (رقم Chinese spring) تهیه شد.

مقدمه

(Triticum aestivum) است (هگد و همکاران، ۲۰۰۲). گندم معمولی (T.aestivum) در حدود ۸ هزار سال پیش از هیبریداسیون بین T.turgidum تتراپلوئید (ژنومهای AABB) و Ae.tauschii دیپلوئید (DD) در مزرعه‌های زراعی به وجود آمده است (مک فادن و سیرز، ۱۹۴۶).

برای اصلاح گندم، توده‌های بومی و خویشاوندان وحشی به دلیل دارا بودن ویژگی‌هایی مرتبط با سازگاری بلند مدت و ثابت اهمیت به سزایی دارند. جنس Aegilops که خویشاوند Triticum است منبع ارزشمندی از صفات مهم اقتصادی را برای اصلاح گندم ایجاد میکند. Ae.tauschii حامل تنوع ژنتیکی زیادی برای بیماریها، آفات، آیزوزایم‌ها و پروتئین‌های ذخیره‌های دانه نسبت به ژنوم D گندم نانویی است (پستسووا و همکاران، ۲۰۰۰) که می‌توان این صفات را با روشهای اصلاحی مرسوم به گندم نان انتقال داد (تایلی و همکاران، ۲۰۰۰).

تحقیقات نشان داده است که تنوع آلی در ترکیب پروتئین ذخیره‌های بذر و آیزوزایم Ae.tauschii، بیشتر از ارقام زراعی گندم است. همچنین تجزیه تنوع آلی HMW-GS نشان می‌دهد که Ae.tauschii ممکن است به عنوان منبع ژنی مفید برای اصلاح کیفیت گندم مورد استفاده قرار بگیرد (گیانی بلی و همکاران، ۲۰۰۱؛ یان و همکاران، ۲۰۰۳). ویسر و همکاران (۲۰۰۳) گزارش کردند که Ae.tauschii دارای پتانسیل زیادی برای بهبود کیفیت نانویی گندم است.

در مطالعه‌ای که توسط شاه نجات بوشهری و فخر طباطبایی (۱۳۸۰) روی الگوی نواری پروتئین ذخیره‌های بذر در جمعیت‌های گندم تائودار ایرانی انجام شد، اثرنگاری پروتئینی جمعیت‌های مذکور تعیین گردید.

هگد و همکاران (۲۰۰۲) با استفاده از ۱۰ آیزوزایم، تنوع ژنتیکی را در سه گونه دیپلوئید و هشت گونه پلی‌پلوئید جنس Aegilops بررسی کردند. نتایج نشان داد که میانگین فاصله ژنتیکی بین گونه‌های پلی‌پلوئید بزرگتر از تنوع مشاهده شده بین گونه‌های دیپلوئید است. همچنین وجود ژنوتیپ‌های

تنوع ژنتیکی جزء بنیادی تنوع زیستی است و در افراد داخل یک جمعیت و یا جمعیت‌های مختلف یک گونه بیانگر وضعیت تکاملی آن گونه است. به طور کلی زیاد بودن تنوع ژنتیکی در یک گونه امکان انجام برنامه‌های اصلاحی در آن گونه را بیشتر میکند (هایوارد و همکاران، ۱۹۹۳). گسترده‌ترین تکنیک برای توصیف بیوشیمیایی جمعیت‌های گیاهی، روشهای الکتروفورز پروتئین است. روشهای الکتروفورزی موجود بسیار متنوع و گوناگون بوده و مزیت بارز آنها ارزانی و سریع بودن نتیجه‌گیری در آنهاست. پروتئین‌های ذخیره‌های ضمن داشتن چندشکلی زیاد بسیار باثبات هستند. بنابراین الگوهای الکتروفورزی پروتئین ذخیره بذر به تنهایی یا با سایر نشانگرها معیار بسیار خوبی برای شناسایی جمعیت‌های گیاهی و ارقام خواهد بود (لاورنس و همکاران، ۱۹۸۷).

گلو تن گندم ترکیب پیچیده‌ای از پروتئینها (گلو تئین و گلیادین) همراه با ۵۰ مؤلفه تفکیک شده به وسیله تکنیک‌های الکتروفورز است (شوری و هالفورد، ۲۰۰۲). زیرواحدهای گلو تئین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) و پایین (LMW-GS) نقش اصلی را در خصوصیات کشسانی آرد گندم نان دارند (ماسی و همکاران، ۱۹۹۸). تنوع بین واریته‌ها از نظر الگوی الکتروفورز برای زیرواحدهای گلو تئین با وزن مولکولی بالا بسیار زیاد است (لاورنس و همکاران، ۱۹۹۸). تنوع آلی زیرواحدهای با وزن مولکولی بالای گلو تئین و نقش آنها در تعیین کیفیت و ارزش نانویی گندم به خوبی مطالعه شده است. مطالعات ژنتیکی نشان داده است که این زیر واحدها در گندم و خویشاوندان وحشی آن توسط مکانهای ژنی 1-Glu-1 واقع در بازوهای بلند کروموزوم‌های 1A، 1B و 1D کنترل می‌شوند (پاین، ۱۹۸۷). موفقیت الکتروفورز پروتئینها در شناسایی و تشخیص ارقام به این خاطر است که پروتئین‌های تفکیک شده توسط آن اولین محصول فعالیت ژنها هستند.

Aegilops tauschii گیاهی است علفی، یکساله و دیپلوئید (با ژنوم DD، $2n=2x=14$) که منبع ژنوم D گندم نانویی

مطالعه تنوع زیر واحدهای گلوتنین در توده های *Aegilops tauschii* با استفاده از روش SDS-PAGE

Studying of glutenin subunits diversity in *Aegilops tauschii* accessions by SDS-PAGE method

زین العابدین موسوی^۱، زهرا طاهر نژاد^۲، محمد جواد زمانی^۳ و عباسعلی امام جمعه^۴

چکیده

گیاه *Aegilops tauschii* گونه ای علفی، دیپلوئید ($2n = 2x = 14 DD$) و خودگرده افشان است که ژنوم D را در اختیار گندم نان قرار داده است. در این تحقیق الگوی نواری زیرواحدهای گلوتنین (HMW) در ۲۸ توده *Ae. tauschii* از نواحی مختلف کشور همراه با Chinese spring (شاهد) بررسی شد. برای استخراج پروتئین های ذخیره ای بذر از روش لاملی و همکاران (۱۹۷۰) استفاده شد. برای تفکیک زیرواحدهای گلوتنین با استفاده از روش SDS-PAGE، الکتروفورز پروتئین های استخراج شده انجام شد. پس از رنگ آمیزی با کوماسی بلو R-۲۵۰ و نیترات نقره به منظور تجزیه داده های الکتروفورزی به حضور هر یک از باندها عدد یک و به نبود آنها عدد صفر داده شد. ماتریس تشابه محاسبه و تجزیه خوشه ای بر اساس ضریب تشابه جا کارد به روش UPGMA انجام شد. در رنگ آمیزی با کوماسی بلو دامنه ضرایب تشابه از ۰/۴۲ تا ۱ بود. در روش رنگ آمیزی با نیترات نقره دامنه ضرایب تشابه از ۰/۵۷ تا ۰/۹۵ به دست آمد. همچنین تجزیه خوشه ای بر اساس آلل های بخش HMW-GS نیز انجام شد که این دسته بندی با نواحی جغرافیایی توده ها تطابق نداشت. با توجه به نتایج به دست آمده، رنگ آمیزی با کوماسی بلو به عنوان روشی مناسب تر برای بررسی تنوع ژنتیکی از نظر باندهای پروتئینی HMW-GS پیشنهاد شد.

واژه های کلیدی: گلوتنین، تنوع ژنتیکی، *Aegilops tauschii*، SDS-PAGE

۱- دانشجوی سابق کارشناسی زارعت و اصلاح نباتات- دانشگاه زابل

۲- کارشناس ارشد اصلاح نباتات- موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال

۳- مدرس دانشگاه آزاد اسلامی واحد رودهن

۴- عضو هیئت علمی دانشکده کشاورزی دانشگاه زابل

Archive of SID

- Muraya, M. M., C. M. Ndirangu, and E. O. Omolo.** 2006. Heterosis and combining ability in diallel crosses involving maize (zea mays) S1 lines. *Australian J. of Experimental Agriculture* 46(3):387-394.
- Murray, L. W., I. M. Ray., H. Dong. and A. Segovia-Lerma.** 2003. Clarification and reevaluation of population-based diallel analyses. *Crop Sci.* 43:1930-1937.
- Nedev, T. and B. Krapchev.** 2006. In vivo and in vitro comparison of the heterotic effect in sweet corn. *Maize Genetics Cooperation Newsletter* 80.
- Nigussie, M. and H. Zelleke.** 2001. Heterosis and combining ability in a diallel among eight elite maize populations. *African Crop Science Journal* 9(3): 471-479.
- Ojo, G. O. S., D. K. Adedzwa and L. L. Bello.** 2007. Combining ability estimates and heterosis for grain yield and yield components in maize (*Zea mays* L.). *J. of Sustainable Development in Agriculture & Environment* Vol. 3:49-57.
- Ottaviano, E. and A. Camussi.** 1981. Phenotypic and genetic relationships between yield components in maize. *Euphytica* 30(3):601-609.
- Rezaei, A. H. and V. Roohi.** 2004. Estimate of genetic parameters in corn (*Zea mays* L.) based on diallel crossing system. *New directions for a diverse planet: Proceedings of the 4th International Crop Science Congress* Brisbane, Australia.
- Soengas, P., B. Ordás., R. A. Malvar., P. Revilla, and A. Ordás.** 2003. Heterotic patterns among flint maize populations. *Crop Sci.* 43:844–849. *Ciênc. agrotec., Lavras, v.24 (Edição Especial), p.41-49, dez.*
- Srdić, J., S. S. Mladenović-Drinić, Z. Pajić.** 2006. Combining abilities and genetic resemblance of maize inbred lines. *Acta Agronomica Hungarica* 54(3): 337-342.
- Stipe, V., B. Ivan, and I. Domegoj.** 1993. Yield grain of inbred lines of maize (*zea mays* L.) and their crosses in the maturity groups 300, 400 and 500 in diallel crossing. *Poljoprivredne Aktualnosti* 29(1):51-60.
- Tollenaar, M., A. Ahmadzadeh and E. A. Lee.** 2004. Physiological basis of heterosis for grain yield in maize. *Crop Sci.* 44:2086-2094.
- Torun, M. and C. Koycu.** 1999. A study on the determination of the relationship between grain yield and certain yield components of corn using correlation and path analysis. *Tr. J. of Agriculture and Forestry.* 23(5):1021-1027.
- Weingartner U., O. Kaeser., M. Long, and P. Stamp.** 2002. Combining cytoplasmic male sterility and xenia increases grain yield of maize hybrids. *Crop Sci.* 42:1848-1856.

References

فهرست منابع

- چوکان، ر. و س، ا، مساوات. ۱۳۸۴. بررسی نحوه عمل ژن صفات مختلف لاینهای محک ذرت. با استفاده از تلاقیهای دایآلل. نهال و بذر. جلد ۲۱ (۴). ۵۶۰ - ۵۴۷.
- خدابنده، ن. ۱۳۷۷. غلات. انتشارات دانشگاه تهران. ۵۳۷ صفحه.
- رضایی، ع.، ب، یزدی صمدی، ع، زالی، ع، رضایی، ع، طالعی و ح، زینالی. ۱۳۸۴. برآورد هتروزیس و ترکیبپذیری در ذرت به روش تلاقیهای دایآلل. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۶ (۲). ۳۸۵ - ۳۹۷.
- زارع، م.، ر. چوکان، ا. مجیدی هروان و م. ر. بیهمتا. ۱۳۸۷. تجزیه میانگین نسلاها برای عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن در ذرت. مجله نهال و بذر. جلد ۲۴ (۱). ۸۱-۶۳.
- محمدی، ا.، م. مقدم، ع. رضایی، ا. سلطانی، و ک. قاسمی گلعدانی. ۱۳۸۴. اصلاح گیاهان زراعی (ترجمه). انتشارات پریور. ۳۶۰ صفحه.
- Alam, A. K. M. M., S. Ahmed, M. Begum and M. K. Sultan. 2008. Heterosis and combining ability for grain yield and its contributing characters in maize. *Bangladesh J. Agril. Res.* 33(3): 375-379.
- Baker, R. J. 1978. Issues in diallel analysis. *Crop Sci.* 18:533-536.
- Betran, F. J., J. M. Ribaut., D. Beck and D. Gonzalez de leon. 2003. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. *Crop Sci.* 43:797-806.
- Bordallo, Patricia do N., Pereira, M. G., Amaral Junior, A. T. 2005. Diallel analysis of sweet and regular corn genotypes for agronomic characters and total protein content. *Hortic. Bras.*, vol.23, no.1, p.123-127.
- Doerksen, T. K., L. W. Kannenberg, and E. A. Lee. 2003. Effect of recurrent selection on combining ability in maize breeding populations. *Crop Sci.* 43:1652-1658.
- Farnham, D. E. 2001. Row spacing, plant density, and hybrid effects on corn grain yield and moisture. *Agron. J.* 93:1049-1053.
- Guzman, P. S. and K. R. Lamkey. 2000. Effective population size and genetic variability in the BS11 maize population. *Crop Sci.* 40:338-346.
- Liu, L. Y. 2008. Combining ability analysis and evaluation on Ga waxy corn inbred lines. <http://www.casb.org.cn/qikan/epaper/zhaiyao.asp?bsid=15144>
- Melani, M. D. and M. J. Carena. 2005. Alternative maize heterotic patterns for the northern corn belt. *Crop Sci.* 45:2186-2194.
- Miller, P. A., J. C. Williams, Jr. H. F. Robinson and R. E. Comstock. 1957. Estimates of genotypic and environmental variances and covariances in upland cotton and their implication in selection. *Agron. J.* 29:126-131.
- Miranda Filho, J. B. and Vencovsky, R. 1984. Analysis of diallel crosses among open-pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). *Maydica* 29:217-234.

بررسی روند تغییرات صفات مورفولوژیکی و کمی در گندم نان با استفاده از ارقام معرفی شده در طول شش دهه گذشته در ایران

جدول ۱۱- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت عملکرد دانه

Table 12. General combining ability (diagonal quantities), specific combining ability (above diagonal) and reciprocal effects (below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for grain yield trait

Parent والدین	1	2	3	4	5	6	7
1	0.201 ns	-0.179 ns	-0.033 ns	0.108 ns	-0.287 ns	0.073 ns	0.686 ns
2	-0.750	-0.137 ns	-0.762 ns	-0.324 ns	0.828 ns	1.215 **	1.511 **
3	-0.292	-0.713	0.665 **	1.345 **	0.779 ns	-0.652 ns	0.836 ns
4	0.091	0.293	0.378	-0.369 *	-0.370 ns	0.685 ns	0.395 ns
5	0.502	-0.683	1.215	-0.263	-0.159 ns	-0.325 ns	-1.281 **
6	0.076	-0.429	0.013	0.803	-0.344	-0.401 *	0.023 ns
7	-0.825	-0.214	0.075	1.033	1.022	0.498	0.199 ns

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns
ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 0.1758

S.E.(gi-gj): 0.2685

S.E.(si·j): 0.4365

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

استفاده کرد. وجود هتروزیس مثبت و معنی دار در نتایج رضایی و همکاران (۱۳۸۴)، زارع و همکاران (۱۳۸۷) و Ojo و همکاران (۲۰۰۷) نیز آمده است.

بررسی اثرات ترکیب پذیری عمومی لینه ها برای عملکرد دانه (جدول ۱۲) نشان داد که لینه ۳ دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی داری در سطح احتمال ۱٪ و لینه های ۴ و ۶ دارای ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ بودند. بنابراین می توان نتیجه گرفت که لینه ۳ می تواند جهت تلاقی با سایر لینه ها به کار گرفته شود. از آنجا که قابلیت وراثت پذیری خصوصی نسبتاً پایین و سهم اثرات غیر افزایشی ژن ها در کنترل این صفت، حاکی از بازده ژنتیکی پایین برای نقش گزینش در برنامه های به نژادی، جهت بهبود عملکرد دانه می باشد، لذا به منظور افزایش سهم اثر افزایشی ژن ها و بالا بردن بازده ژنتیکی حاصل از گزینش در برنامه های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه، به استفاده از لینه ۳ تأکید بیشتری می شود. بیشترین اثرات معنی دار در جهت مثبت، به ترتیب مربوط به تلاقی های لینه های ۷*۲، ۴*۳ و ۶*۲ بود (جدول ۱۲) که نشان دهنده استفاده از تلاقیهای این لینه ها جهت افزایش عملکرد دانه می باشد که جدول هتروزیس نیز مؤید این مطلب است (جدول ۲). بنابراین از نتایج حاصل از این تلاقی ها می توان جهت انتخاب ژنوتیپ های برتر در نسل های در حال تفکیک

جدول ۱۰- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت تعداد دانه در ردیف بلال

Table 11. General combining ability(diagonal quantities), specific combining ability(above diagonal) and reciprocal effects(below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for number of kernels per row trait

Parent والدین	1	2	3	4	5	6	7
1	1.083 ns	1.15 ns	2.702 ns	0.298 ns	-4.348 *	2.976 ns	5.84 **
2	-1.633	-0.852 ns	-0.062 ns	0 ns	4.705 *	4.079 *	3.243 ns
3	-0.4	0.167	2.895 **	6.286 **	1.857 ns	-1.269 ns	-1.605 ns
4	2	0.1	-1.933	1.10 ns	0.852 ns	-1.607 ns	5.890 **
5	1.983	-1.767	1.067	-1.267	-2.071 **	3.881 *	-4.171 *
6	1.6	-0.233	-0.5	2.967	-0.217	-1.045 ns	1.036 ns
7	0.733	-2.533	0.367	2.933	6.367	1.2	-1.110 ns

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns
ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(si;j): 1.7339

S.E.(gi-gj): 1.0666

S.E.(gi): 0.6982

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

هتروزیس معنی دار داشتند. بیشترین مقدار درصد هتروزیس مربوط به دورگ ۶*۲ بود (۱۳۳/۸۸ درصد). انتخاب ارقام مطلوب در جهت بهبود عملکرد بر مبنای اجزای عملکرد که تأثیر مستقیمی بر عملکرد دارند، سبب افزایش دقت و کارایی گزینش در برنامه های به نژادی خواهد شد. از لحاظ صفت طول بلال، تلاقی ۴*۵، از لحاظ صفت عمق دانه، تلاقی ۲*۵، از نظر صفت تعداد ردیف دانه در بلال، لینه های ۶، ۷ و ۳ و هیبرید ۶*۷ و از لحاظ صفت تعداد دانه در ردیف بلال نیز لینه ۳ و تلاقیهای ۴*۳، ۴*۲، ۵*۲، ۶*۲، ۷*۴ و ۶*۵ در افزایش عملکرد دانه مؤثر خواهند بود (جدول ۱۲).

از نظر صفت تعداد دانه در ردیف بلال، والد ۳ دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و والد ۵ دارای ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۱۱). در هر ترکیبی که لینه ۳ حضور داشت، تعداد دانه در ردیف بلال، تقریباً "بیشتر از سایر ترکیبات بود (جدول ۲). با توجه به همبستگی مثبت و معنی دار بین این صفت و عملکرد دانه (جدول ۱)، از این لینه می توان برای افزایش عملکرد دانه استفاده نمود. در ۹۲/۹ درصد از دورگها هتروزیس معنی دار نسبت به والد برتر مشاهده گردید (جدول ۲). در بررسی ترکیب پذیری خصوصی لینه ها می توان در جهت مثبت و معنی دار، به تلاقیهای ۴*۳، ۴*۷، ۱*۷، ۲*۵، ۲*۶ و ۵*۶ اشاره کرد که بررسی جدول هتروزیس نیز مؤید این مطلب است (جدول ۲). نتایج رضایی و همکاران (۱۳۸۴) مشابه نتایج حاصل از این بررسی میباشد. تلاقیهای ۱*۵ و ۵*۷ نیز دارای بیشترین SCA معنی دار در سطح احتمال ۵٪ در جهت منفی بودند. ۹۲/۹ درصد از دورگها برای عملکرد دانه نسبت به والد برتر

بررسی روند تغییرات صفات مورفولوژیکی و کمی در گندم نان با استفاده از ارقام معرفی شده در طول شش دهه گذشته در ایران

جدول ۹- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت تعداد ردیف دانه در بلال
Table 10. General combining ability(diagonal quantities), specific combining ability(above diagonal) and reciprocal effects(below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for number of rows per ear trait

والدین Parent	1	2	3	4	5	6	7
1	-1.082 **	0.758 ns	0.891 ns	-0.099 ns	-1.542 **	-0.076 ns	1.520 **
2	-0.600	-1.491 **	-1.033 *	1.177 *	1.401 **	-0.066 ns	-0.804 ns
3	-0.067	-0.400	1.576 **	0.444 ns	0.734 ns	-0.199 ns	0.196 ns
4	0	-0.067	-0.267	-2.701 **	-0.456 ns	-1.390 **	0.805 ns
5	0.4	-1.133	0.467	0.467	-1.191 **	0.934 ns	0.296 ns
6	-0.133	-0.133	0.133	0.933	0.167	3.01 **	1.096 *
7	0.733	-0.133	0.200	0.667	1.667	0.400	1.880 **

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و *، ns ، * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 0.2112

S.E.(gi-gj): 0.3226

S.E.(si;j): 0.5245

Genotypes' names ها ژنوتیپ 1: K18 2: K3218 3: K1264.1 4: MO17 5: K19 6: K74.1 7: K3653.5

مربوط به دورگ ۶*۲ بود (۱۳۳/۸۸ درصد). انتخاب ارقام مطلوب در جهت بهبود عملکرد بر مبنای اجزای عملکرد که تأثیر مستقیمی بر عملکرد دارند، سبب افزایش دقت و کارایی گزینش در برنامه های به نژادی خواهد شد. از لحاظ صفت طول بلال، تلاقی ۴*۵، از لحاظ صفت عمق دانه، تلاقی ۵*۲، از نظر صفت تعداد ردیف دانه در بلال، لینه های ۶، ۷ و ۳ و هیبرید ۶*۷ و از لحاظ صفت تعداد دانه در ردیف بلال نیز لینه ۳ و تلاقی های ۴*۳، ۵*۲، ۴*۲، ۵*۲ و ۶*۵ در افزایش عملکرد دانه مؤثر خواهند بود (جدول ۱۲).

از نظر صفت تعداد دانه در ردیف بلال، والد ۳ دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و والد ۵ دارای ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۱۱). در هر ترکیبی که لینه ۳ حضور داشت، تعداد دانه در ردیف بلال، تقریباً "بیشتر از سایر ترکیبات بود (جدول ۲). با توجه به همبستگی مثبت و معنی دار بین این صفت و عملکرد دانه (جدول ۱)، از این لینه می توان برای افزایش عملکرد دانه استفاده نمود. در ۹۲/۹ درصد از دورگها هتروزیس معنی دار نسبت به والد برتر مشاهده گردید (جدول ۲). در بررسی ترکیب پذیری خصوصی لینه ها می توان در جهت مثبت و معنی دار، به تلاقی های ۴*۳، ۴*۷، ۱*۷، ۲*۵، ۲*۶ و ۵*۶ اشاره کرد که بررسی جدول هتروزیس نیز مؤید این مطلب است (جدول ۲). نتایج رضایی و همکاران (۱۳۸۴) مشابه نتایج حاصل از این بررسی میباشد. تلاقی های ۱*۵ و ۵*۷ نیز دارای بیشترین SCA معنی دار در سطح احتمال ۵٪ در جهت منفی بودند.

۹۲/۹ درصد از دورگها برای عملکرد دانه نسبت به والد برتر هتروزیس معنی دار داشتند. بیشترین مقدار درصد هتروزیس

در جهت مثبت و والدین ۴، ۲، ۵ و ۱ به ترتیب دارای بیشترین GCA در جهت منفی بودند. بنابراین در هر ترکیبی که لینه های اخیر حضور داشتند، تعداد ردیف دانه در بلال کمتر شده است (جدول ۲) مثل تلاقی اینبردهای ۴*۵ که در بین هیبریدها، کمترین تعداد ردیف دانه در بلال را به خود اختصاص داده است. با توجه به همبستگی مثبت و معنی دار بین این صفت و عملکرد دانه (جدول ۱) استفاده از لینه های ۶، ۷ و ۳ می تواند جهت افزایش عملکرد دانه مؤثر واقع شود. قابلیت ترکیب پذیری خصوصی هیبریدهای ۷*۱ و ۵*۲ در سطح احتمال ۱٪ و هیبریدهای ۴*۲ و ۷*۶ در سطح احتمال ۵٪ معنی دار و مثبت بودند (جدول ۱۰). بنابراین از هیبریدهای مذکور جهت افزایش تعداد ردیف دانه در بلال و در نهایت افزایش عملکرد می توان استفاده کرد. در ۷/۸۵ درصد از دورگها هتروزیس معنی داری مشاهده گردید (جدول ۲). وجود هتروزیس مثبت و معیندار در نتایج Soengas و همکاران (۲۰۰۳) و Muraya و همکاران (۲۰۰۶) نیز مشاهده شده است. هیبرید ۵*۱ در سطح احتمال ۱٪ و هیبریدهای ۶*۴ و ۳*۲ در سطح احتمال ۵٪ نیز دارای SCA معنی دار و منفی بودند (جدول ۱۰).

بررسی اثرات ترکیب پذیری عمومی لینه ها برای صفت عمق دانه (جدول ۹) نشان داد که لینه ۲ دارای ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود که با توجه به جدول مقایسه میانگین ها (جدول ۲) مشخص می شود که اکثر ترکیبات حاصل از این لینه باعث کاهش عمق دانه شده است. قابلیت ترکیب پذیری خصوصی تلاقی لینه های ۵*۲ در جهت مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و تلاقی های لینه های ۳*۲ و ۵*۱ در جهت منفی و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ بود (جدول ۹) که بررسی هتروزیس نیز مطلب فوق را تأیید می کند (جدول ۲). زارع و همکاران (۱۳۸۷) برای عمق دانه هتروزیس معیندار مشاهده کردند که با نتایج حاصل از این تحقیق مطابقت دارد. در این پژوهش، تمامی تلاقی ها بجز تلاقی ۶*۵ هتروزیس معنی دار نشان دادند (جدول ۲). با توجه به همبستگی مثبت و معنی دار بین این صفت و عملکرد دانه، می توان از تلاقی ۵*۲ جهت افزایش عملکرد دانه استفاده کرد (جدول ۱).
برای صفت تعداد ردیف دانه در بلال، اثرات ترکیب پذیری عمومی در تمام والدین در سطح احتمال ۱٪ معنی دار بود، به طوری که والدین ۶، ۷ و ۳ به ترتیب دارای بیشترین GCA

جدول ۸- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتایج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت عمق دانه
Table 9. General combining ability(diagonal quantities), specific combining ability(above diagonal) and reciprocal effects(below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for grain dept trait

Parent والدین	1	2	3	4	5	6	7
1	-0.031 ns	-0.017	0.0007	0.07	-0.123	-0.006	0.086
2	0.078	-0.085 **	-0.135	0.069	0.178	0.058	0.035
3	-0.073	-0.007	0.132 ns	-0.033	0.107	-0.015	0.088
4	0.050	-0.048	0.093	-0.050 ns	-0.037	-0.043	0.063
5	0.03	-0.058	0.083	-0.022	-0.029 ns	0.052	-0.108
6	-0.04	-0.01	0.017	0.087	-0.067	0.046 ns	0.039
7	0.078	-0.113	0.063	0.133	0.063	0.017	0.016 ns

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns
ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 0.0244

S.E.(gi-gj): 0.0372

Genotypes' names ۱: K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

بررسی روند تغییرات صفات مورفولوژیکی و کمی در گندم نان با استفاده از ارقام معرفی شده در طول شش دهه گذشته در ایران

جدول ۶- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت ارتفاع بلال

Table 7. General combining ability(diagonal quantities), specific combining ability(above diagonal) and reciprocal effects(below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for ear height

والدین Parent	1	2	3	4	5	6	7
1	3.531 ns	-3.283 ns	0.854 ns	-0.246 ns	-5.164 ns	4.540 ns	22.159 **
2	0.533 ns	10.955 **	-0.203 ns	8.931 ns	14.678 **	-0.950 ns	25.069 **
3	5 ns	5.833 ns	-5.183 **	11.269 *	11.616 *	-0.646 ns	-1.393 ns
4	-1.233 ns	-7.967 ns	0.967 ns	-7.583 **	2.850 ns	7.488 ns	-3.793 ns
5	4.467 ns	0.2 ns	5.067 ns	-1.367 ns	0.703 ns	1.202 ns	-21.179 **
6	-0.667 ns	-6.4 ns	-2.700 ns	0.5 ns	-5.033 ns	-3.269 ns	0.759 ns
7	7.067 ns	-3.400 ns	1.600 ns	9.133 ns	25.9 **	5.867 ns	0.846 ns

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns

ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 1.8970

S.E.(si;j): 4.7108

S.E.(ri;j): 8.4212

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

جدول ۷- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت طول بلال

Table 8. General combining ability(diagonal quantities), specific combining ability(above diagonal) and reciprocal effects(below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for ear length trait

والدین Parent	1	2	3	4	5	6	7
1	1.229 **	2.530 *	-0.354 ns	-0.512 ns	-0.046 ns	-0.456 ns	-0.333 ns
2	0.71	0.332 ns	-1.831 ns	1.135 ns	1.921 ns	-1.496 ns	-1.609 ns
3	1.937	1.243	-0.35 ns	-0.686 ns	1.843 ns	1.293 ns	0.980 ns
4	1.113	0.11	-0.907	-0.129 ns	-3.191 *	-0.118 ns	1.339 ns
5	-0.8	-1.17	1.103	-1.337	-0.408 ns	-0.089 ns	1.731 ns
6	0.867	1.283	-1.056	-1.98	-1.89	0.028 ns	-1.206 ns
7	0.967	0.253	0.187	0.2	0.127	-0.427	-0.702 ns

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns

ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 0.3659

S.E.(gi-gi): 0.5590

S.E.(si;j): 1.2676

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

مطالب فوق را تأیید می نماید. در حالی که در تلاقیهای حاصل از لینه های ۷*۵ با بیشترین مقدار SCA منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪، باعث انتخاب بوته های پاکوتاه از نظر این صفت و بالطبع باعث کاهش عملکرد خواهد شد. در این تحقیق، ۴۵/۲ درصد از دورگها دارای هتروزیس معنیدار بودند و نتایج مشابهی نیز در گزارشهای Liu, (۲۰۰۸) و Alam و همکاران (۲۰۰۸) دیده شده است. وجود همبستگی مثبت بین ارتفاع بلال و عملکرد دانه، مؤید کارایی استفاده از این صفت در برنامه های اصلاحی است (جدول ۱). در این صفت نیز بین تلاقی ها و تلاقی های معکوس تفاوت معنی دار دیده شد، به طوری که هیبرید ۷*۵ دارای اثر تلاقی های معکوس مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۷).

برای صفت طول بلال، اثرات ترکیب پذیری عمومی تنها در والد ۱ معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و در جهت مثبت بود. همچنین در بررسی جدول مقایسه میانگین ها مشاهده شد که در هر ترکیب که لینه ۱ وجود دارد، تقریباً میانگین های بالایی را از نظر این صفت به خود اختصاص داده است (جدول ۲) و لذا در نسل های در حال تفکیک حاصل از تلاقی لینه اخیر با سایر لینه ها، می توان گیاهان مطلوبی را برای این صفت انتخاب نمود. قابلیت ترکیب پذیری خصوصی تلاقی لینه های ۲*۱ مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و تلاقی لینه های ۵*۴ منفی و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ بود (جدول ۸) که بررسی هتروزیس نیز مؤید این مطلب است (جدول ۲). بر اساس آزمون LSD ۷۳/۸ درصد از دورگها دارای هتروزیس معنیدار بودند (جدول ۲). (Nedev and Krapchev (2006) و Ojo و همکاران (۲۰۰۷) نیز نتایج مشابهی گزارش کردند. با توجه به همبستگی ژنوتیپی منفی و معنی دار این صفت با عملکرد دانه، می توان از تلاقی ۴*۵ جهت بهبود عملکرد دانه استفاده کرد (جدول ۱).

در بررسی ترکیب پذیری عمومی ارتفاع بوته (جدول ۶) مشخص شد که لینه های ۱ و ۲ دارای بیشترین ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و لینه ۷ دارای بیشترین ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بوده است. در هر ترکیبی که لینه های ۱ و ۲ حضور داشتند، ارتفاع بوته تقریباً بیش از سایر ترکیبات بوده است (جدول ۲). بنابراین با توجه به همبستگی مثبت و بالای این صفت با عملکرد دانه (جدول ۱) میتوان از این لینه ها جهت افزایش عملکرد دانه استفاده نمود. مقدار هتروزیس نسبت به والد برتر در ۲۸/۶ درصد از دورگها معنی دار بود و در اکثر تلاقی هایی که لینه ۲ شرکت داشت، مقادیر هتروزیس مثبت و معنی داری برای این صفت نمایان گشت (جدول ۲). Alam و همکاران (۲۰۰۸) و Muraya و همکاران (۲۰۰۶) برای ارتفاع بوته، هتروزیس مثبت و معنی داری گزارش کردند که موافق با نتایج حاصل از این تحقیق است. در بررسی ترکیب پذیری خصوصی لینه ها میتوان در جهت مثبت و معنی دار، به تلاقی های ۷*۱، ۷*۲، ۶*۴، ۵*۳ و ۵*۲ با بیشترین مقدار SCA و در جهت منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ به تلاقی ۷*۵ اشاره نمود. برای هیبرید ۷*۵ اثر تلاقی های معکوس در جهت مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود که نشان دهنده وجود اثرات مادری میباشد.

از نظر صفت ارتفاع بلال، لینه ۲ ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی داری در سطح احتمال ۱٪ نشان داد (جدول ۷) به طوری که در جدول مقایسه میانگین ها (جدول ۲) مشاهده می شود ترکیبات حاصل از تلاقی این لینه نسبت به سایر لینه ها، حاوی بیشترین ارتفاع بلال می باشد. لینه های ۳ و ۴ ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی داری در سطح احتمال ۱٪ داشتند که در حضور این لینه ها، در اکثر تلاقی ها، ارتفاع بلال کاهش یافت (جدول ۲). گزینش برای ارتفاع بلال در تلاقی های حاصل از لینه های ۷*۲، ۷*۱، ۵*۲، ۵*۳ و ۴*۳ با بیشترین مقدار SCA مثبت و معنی دار، باعث انتخاب بوته های با عملکرد دانه بالا خواهد شد که بررسی جدول هتروزیس (جدول ۲) نیز

بررسی روند تغییرات صفات مورفولوژیکی و کمی در گندم نان با استفاده از ارقام معرفی شده در طول شش دهه گذشته در ایران

جدول ۴- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت تعداد روز از ظهور کاکل تا رسیدن فیزیولوژیک

Table 5. General combining ability (diagonal quantities), specific combining ability (above diagonal) and reciprocal effects (below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for days from silking to physiologic maturity trait

والدین Parent	1	2	3	4	5	6	7
1	-0.667 ns	-1.262 ns	2.048 ns	-2.357 ns	-0.667 ns	-1.167 ns	-0.881 ns
2	0.333 ns	2.214 **	2.167 ns	-1.738 ns	1.286 ns	-0.214 ns	0.905 ns
3	-2.167 ns	4.167 **	-1.929 **	2.571 *	-1.905 ns	-1.905 ns	-1.452 ns
4	-0.833 ns	1.667 ns	3.167 *	0.476 ns	-1.310 ns	2.524 *	-2.357 ns
5	-2.167 ns	0.667 ns	2 ns	-1.667 ns	-1.214 *	-2.452 ns	1.667 ns
6	-0.167 ns	0.333 ns	-0.167 ns	1 ns	0.333 ns	-4.761 **	0.167 ns
7	4 **	-1.333 ns	-3.167 *	1.333 ns	-3.333 ns	-1.333 ns	1.167 *

ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns

S.E.(gi): 0.5176

S.E.(si;j): 1.2852

S.E.(ri;j): 1.479

Genotypes' names: K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

جدول ۵- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقی های معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت ارتفاع بوته

Table 6. General combining ability (diagonal quantities), specific combining ability (above diagonal) and reciprocal effects (below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for plant height

والدین Parent	1	2	3	4	5	6	7
1	3.911 *	-3.254 ns	2.893 ns	-4.050 ns	1.808 ns	-0.278 ns	35.936 **
2	-7.967 ns	4.211 *	7.060 ns	5.050 ns	11.308 *	6.122 ns	23.703 **
3	1.033 ns	9.767 ns	3.063 ns	7.031 ns	12.889 **	1.869 ns	7.617 ns
4	2.2 ns	-3.200 ns	2.3 ns	-2.493 ns	0.379 ns	15.193 **	0.241 ns
5	7.2 ns	-0.200 ns	8.433 ns	-3.633 ns	-0.483 ns	-4.483 ns	-24.502 **
6	4 ns	-3.767 ns	-7.9 ns	-4.533 ns	-1.200 ns	-1.065 ns	-1.854 ns
7	2.867 ns	-3.200 ns	6.233 ns	8.833 ns	36.033 **	4.567 ns	-7.146 **

به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد* و **، ns

ns, * and **: Not significant, significant at the 5% and 1% levels of probability, respectively.

S.E.(gi): 1.9602

S.E.(si;j): 4.8677

S.E.(ri;j): 5.6018

Genotypes' names: K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

به ترتیب مربوط به تلاقی های ۳*۴ و ۳*۳ و در جهت منفی مربوط به تلاقی های ۴*۷ و ۵*۶ به ترتیب در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ بود که با توجه به وجود هتروزیس منفی و معنی دار در تلاقی های اخیر (جدول ۲)، می توان از آن ها برای جلو انداختن تاریخ رسیدن فیزیولوژیک استفاده کرد. اثرات تلاقی های معکوس نیز برای هیبریدهای ۱*۷، ۲*۳ و ۳*۴ در جهت مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و برای هیبریدهای ۵*۷ و ۳*۷ در جهت منفی و معنی دار به ترتیب در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ بود که حاکی از وجود اثرات مادری و تفاوت بین تلاقیهای مستقیم و معکوس می باشد (جدول ۴).

از نظر صفت تعداد روز از ظهور کاکل تا رسیدن فیزیولوژیک، لینه های ۲ و ۷ دارای بیشترین GCA در جهت مثبت و معنی دار به ترتیب در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ و لینه های ۶، ۳ و ۵ دارای بیشترین GCA در جهت منفی و معنی دار به ترتیب در سطح احتمال ۱٪، ۵٪ و ۵٪ بود (جدول ۵). بر اساس آزمون LSD ۵/۱ درصد از دورگها دارای هتروزیس منفی و معنی دار بودند (جدول ۲). با توجه به وجود همبستگی ژنوتیپی منفی بین این صفت و عملکرد دانه (جدول ۱) بهره گیری از لینه های با ترکیب پذیری عمومی منفی تر (لینه های ۶، ۳ و ۵) در برنامه های به نژادی میتواند منجر به بهبود عملکرد دانه گردد؛ چرا که در اکثر ترکیبات دارای لینه های مذکور، هتروزیس منفی و معنی داری مشاهده گردید (جدول ۲). اثرات ترکیب پذیری خصوصی در جهت مثبت برای هیبرید ۴*۳ و ۶*۴ در سطح احتمال ۵٪ معنی دار بود. اثرات تلاقی های معکوس نیز برای تلاقی های ۲*۳، ۱*۷ و ۳*۴ در جهت مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و برای تلاقی ۳*۷ در جهت منفی و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ بود که نشانگر وجود اثرات مادری و تفاوت بین تلاقی ها و تلاقی های معکوس بود (جدول ۵).

بر اساس آزمون LSD ۷۸/۶ درصد از دورگ ها برای صفت تعداد روز تا ظهور کاکل در سطوح احتمال ۱ و ۵ درصد نسبت به والد برتر هتروزیس منفی و معنی دار داشتند (جدول ۲). (Tollenaar, Nigussie and Zelleke (2001) و همکاران (۲۰۰۴) و Alam و همکاران (۲۰۰۸) نیز برای این صفت هتروزیس منفی و معنی دار مشاهده کردند. برای لینه های ۱، ۲ و ۵، ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و برای لینه های ۳ و ۶ ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار به ترتیب در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ مشاهده گردید (جدول ۳).

همچنین ترکیبات دارای والدین ۳ و ۶ دارای هتروزیس منفی قابل توجهی بودند. با توجه به ضریب همبستگی منفی و معنی دار بین عملکرد دانه و صفت مذکور، با جلو انداختن زمان ظهور کاکل، با بهبود عملکرد دانه مواجه خواهیم شد (جدول ۱). تلاقی ۶*۴ دارای بیشترین قدرت ترکیب پذیری خصوصی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و تلاقی های ۵*۲، ۳*۱ و ۵*۷ دارای قدرت ترکیب پذیری خصوصی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۵٪ بودند که هتروزیس در آنها نیز منفی و معنی دار بود (جدول ۲ و ۳). بنابراین از تلاقی های فوق می توان برای جلو انداختن تاریخ ظهور کاکل استفاده کرد.

برای صفت تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، لینه ۲ دارای قدرت ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی دار و لینه ۳ دارای قدرت ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی دار در سطح احتمال ۱٪ بود (جدول ۴). در ۲۲ تلاقی، هتروزیس منفی و معنی دار نسبت به والد برتر مشاهده گردید که در بیشتر تلاقی ها، لینه ۳ حضور داشت (جدول ۲). رضایی و همکاران (۱۳۸۴) و Alam و همکاران (۲۰۰۸) نیز برای این صفت هتروزیس منفی و معنی دار مشاهده کردند. نتایج وجود همبستگی منفی و معنی دار بین این صفت و عملکرد دانه (جدول ۱) نشان دهنده این است که در صورت جلو انداختن زمان رسیدن فیزیولوژیک، با افزایش عملکرد دانه مواجه خواهیم شد. بیشترین مقدار اثرات SCA معنی دار در سطح احتمال ۵٪ برای این صفت در جهت مثبت

بررسی روند تغییرات صفات مورفولوژیکی و کمی در گندم نان با استفاده از ارقام معرفی شده در طول شش دهه گذشته در ایران

جدول ۳- اثرات ترکیب پذیری عمومی (مقادیر قطری)، ترکیب پذیری خصوصی (مقادیر بالای قطر) و اثرات تلاقیهای معکوس (مقادیر زیر قطر) لینه های ذرت و نتاج حاصل از تلاقی آن ها برای صفت تعداد روز تا ظهور کامل

Table 3. General combining ability (diagonal quantities), specific combining ability (above diagonal) and reciprocal effects (below diagonal) of maize inbred lines and their crosses for Days to silking

نوع آمیزش	تعداد روز تا ظهور کامل		تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک		تعداد روز از ظهور کامل تا رسیدن فیزیولوژیک		ارتفاع بوته (سانتی متر)	
	Days to silking		Days to physiologic maturity		Days from silking to physiologic maturity		Plant height (cm)	
	means	heterosis	means	heterosis	means	heterosis	means	heterosis
1*1	71.67 A-D	-	128 A-D	-	56.33 A-G	-	161.8 H-K	-
2*2	75.33 A	-	132 A	-	56.67 A-G	-	145.47 KL	-
3*3	68 D-K	-	116 L-P	-	48.67 H-J	-	153.8 J-L	-
4*4	70.67 B-G	-	127.67 A-E	-	57 A-F	-	158.2 I-K	-
5*5	74.33 AB	-	128.67 A-C	-	54.33 A-I	-	188.67 C-H	-
6*6	70.33 B-H	-	126.67 A-F	-	56.33 A-G	-	168.33 G-K	-
7*7	71.33 A-E	-	129 AB	-	57.67 A-D	-	131.6 LM	-
1*2	71 B-F	-5.75 **	125 B-G	-5.3 *	54 A-I	-4.71 ns	183.93 C-I	13.68 ns
1*3	66 H-K	-7.91 **	116.33 L-P	-9.12 **	51.33 C-J	-8.88 **	197.93 A-F	22.33 *
1*4	72 A-D	0.46 ns	124.33 C-I	-2.87 ns	50 E-J	-12.28 **	186.6 C-H	15.33 ns
1*5	72 A-D	-3.13 ns	120.67 F-N	-6.22 **	48.67 H-J	-13.6 **	199.47 A-F	5.72 ns
1*6	69.67 C-I	-2.79 ns	121 F-N	-5.47 *	51.33 C-J	-8.88 **	193.6 B-G	15.01 ns
1*7	69 C-K	-3.73 *	126 A-F	-2.33 ns	57 A-F	-1.16 ns	222.6 A	37.58 **
2*3	69 C-K	-8.4 **	128.67 A-C	-2.52 ns	59.67 A	5.29 ns	211.13 A-C	37.28 **
2*4	72 A-D	-4.42 **	128 A-D	-3.03 ns	56 A-G	-1.75 ns	190.6 B-G	20.48 ns
2*5	70.33 B-H	-6.64 **	126.67 A-F	-4.04 ns	56.33 A-G	-0.6 ns	201.87 A-E	7 ns
2*6	70 C-I	-7.08 **	125.33 B-G	-5.05 ns	55.33 A-H	-2.36 ns	192.53 B-G	14.38 ns
2*7	71.33 A-E	-5.31 **	127.67 A-E	-3.28 ns	56.33 A-G	-2.32 ns	204.6 A-E	40.65 **
3*4	67.67 D-K	-4.25 **	125.33 B-G	-1.83 ns	57.67 A-D	1.18 ns	196.93 A-F	24.48 *
3*5	67 E-K	-9.86 **	117.33 J-P	-8.81 **	51.33 C-J	-5.52 ns	210.93 A-D	11.8 ns
3*6	65.67 I-K	-6.63 **	115 M-P	-9.21 **	49.33 G-J	-12.43 **	183 D-I	8.72 ns
3*7	64.67 K	-9.34 **	112.67 P	-12.66 **	48 IJ	-16.77 **	196.8 A-F	27.96 **
4*5	70.67 B-G	-4.92 **	120.33 F-N	-6.48 **	49.67 F-J	-12.86 **	180.8 E-I	-4.17 ns
4*6	66.33 G-K	-6.14 **	124.33 B-I	-2.62 ns	57.33 A-E	0.58 ns	194.13 B-G	15.33 ns
4*7	69 C-K	-3.27 ns	122 D-L	-5.43 *	53 A-J	-8.10 **	186.47 C-H	17.87 ns
5*6	69.33 C-J	-6.73 **	119.33 G-O	-7.26 **	50 E-J	-11.24 **	179.8 E-I	-4.7 ns
5*7	68 D-K	-8.52 **	119.33 G-O	-7.5 **	51.33 C-J	-10.99 **	190.93 B-G	1.2 ns
6*7	69 C-K	-3.27 ns	122.33 C-L	-5.17 ns	53.33 A-J	-7.53 **	181.53 E-I	7.84 ns
2*1	71.67 A-D	-4.86 **	124.67 B-H	-5.55 *	53 A-J	-6.48 *	199.87 A-F	23.53 *
3*1	66 H-K	-7.91 **	120.67 F-N	-5.73 *	55 A-I	-2.36 ns	195.87 A-G	21.06 ns
4*1	69.67 C-I	-2.79 ns	121.33 E-M	-5.21 ns	51.67 C-J	-9.35 **	182.2 E-I	12.61 ns
5*1	71.33 A-E	-4.04 *	124.33 B-I	-3.37 ns	53 A-J	-5.91 *	185.07 C-I	-1.91 ns
6*1	70 C-I	-2.33 ns	121.67 D-L	-4.95 ns	51.67 C-J	-8.27 **	185.6 C-H	10.26 ns
7*1	69.33 C-J	-3.26 ns	118 I-P	-8.53 **	48.67 H-J	-15.6 **	216.87 A-B	34.04 **
3*2	68.67 D-K	-8.84 **	120.33 F-N	-8.84 **	51.67 C-J	-8.82 **	191.6 B-G	24.58 *
4*2	73.33 A-C	-2.65 ns	126 A-F	-4.55 ns	52.67 A-J	-7.6 **	197 A-F	24.53 *
5*2	70.67 B-G	-6.19 **	125.33 B-G	-5.05 ns	54.67 A-I	-3.53 ns	202.27 A-E	7.21 ns
6*2	68.33 D-K	-9.29 **	123.33 B-K	-6.57 **	55 A-I	-2.95 ns	200.07 A-F	18.86 ns
7*2	70 C-I	-7.08 **	129 AB	-2.27 ns	59 AB	2.31 ns	211 A-D	45.05 **
4*3	65.67 I-K	-7.08 **	117 K-P	-8.36 **	51.33 C-J	-9.95 **	192.33 B-G	21.57 ns
5*3	67 E-K	-9.86 **	113.33 OP	-11.92 **	46.33 J	-14.73 **	194.07 B-G	2.86 ns
6*3	65 JK	-7.58 **	114.67 N-P	-9.47 **	49.67 F-J	-11.82 **	198.8 A-F	18.1 ns
7*3	64.67 K	-9.34 **	119 G-O	-7.75 **	54.33 A-I	-5.79 ns	184.33 C-I	19.85 ns
5*4	71.33 A-E	-4.04 *	123.67 B-J	-3.89 ns	52.33 B-J	-8.19 **	188.07 C-H	-0.32 ns
6*4	66.67 F-K	-5.66 **	121.67 D-L	-4.7 ns	55 A-I	-3.51 ns	203.2 A-E	20.72 ns
7*4	67 E-K	-6.07 **	118.33 H-P	-8.27 **	51.33 C-J	-10.99 **	168.8 G-K	6.7 ns
6*5	68.33 D-K	-8.07 **	117.67 J-P	-8.55 **	49.33 G-J	-12.43 **	182.2 E-I	-3.43 ns
7*5	68 D-K	-8.42 **	126.33 A-F	-2.07 ns	58.33 AB	1.14 ns	118.87 M	-37 **
7*6	68.33 D-K	-4.21 **	124.33 B-I	-3.62 ns	56 A-G	-2.9 ns	172.4 F-J	2.42 ns
LSD درصد ۵	3.49		5.23		5.82		22.27	
LSD درصد ۱	4.16		6.24		6.94		26.56	

ns, * و **: به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد.

ns, * and **: Not significant, significant at 5% and 1% levels of probability, respectively

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

ادامه جدول ۲

نوع آمیزش	تعداد دانه در ردیف بلال		عملکرد دانه (گرم در بوته)		نوع آمیزش	تعداد دانه در ردیف بلال		عملکرد دانه (گرم در بوته)	
	Number of kernels per row		Grain yield (gr/plant)			Number of kernels per row		Grain yield (gr/plant)	
	means	heterosis	means	heterosis		means	heterosis	means	heterosis
1*1	27.87 G-L	-	4.24 A-J	-	5*6	34.87 B-H	27.26 **	2.98 G-K	-34.51 **
2*2	19.5 L	-	1.64 K	-	5*7	33.33 B-I	21.64 **	3.99 B-K	-12.31 **
3*3	32.2 D-J	-	4.02 B-K	-	6*7	34.4 B-I	48.72 **	4.53 A-I	86.42 **
4*4	24.8 I-L	-	1.63 K	-	2*1	37.33 A-G	33.94 **	4.84 A-I	14.15 **
5*5	27.4 G-L	-	4.55 A-I	-	3*1	41.4 A-D	28.57 **	5.33 A-G	25.71 **
6*6	23.13 J-L	-	2.39 JK	-	4*1	34.8 B-H	24.87 **	4.06 B-K	-4.25 **
7*7	21.87 KL	-	2.43 H-K	-	5*1	27 H-L	-3.12 ns	3.46 E-K	-23.96 **
1*2	34.07 B-I	22.25 **	3.34	-21.23 **	6*1	35.73 B-H	28.2 **	4 B-K	-5.66 **
1*3	40.6 A-E	26.09 **	4.75 A-I	12.03 **	7*1	39.4 A-F	41.37 **	6.12 A-C	44.34 **
1*4	38.8 A-F	39.21 **	4.24 A-J	0 ns	3*2	36.13 B-H	12.2 **	4.69 A-I	16.67 **
1*5	30.97 E-K	11.12 **	4.46 A-I	-1.98 ns	4*2	34.47 B-I	38.99 **	3.08 F-K	87.8 **
1*6	38.93 A-F	39.68 **	4.16 B-J	-1.89 ns	5*2	37.87 A-F	38.21 **	5.38 A-G	18.24 **
1*7	40.87 A-E	46.65 **	4.47 A-I	5.42 **	6*2	36.73 B-H	58.8 **	5.31 A-G	131.88 **
2*3	36.47 B-H	13.26 **	3.26 F-K	-18.91 **	7*2	38.13 A-F	74.35 **	5.99 A-D	146.5 **
2*4	34.67 B-H	39.8 **	3.67 C-K	123.78 **	4*3	46.53 A	44.5 **	5.47 A-G	36.07 **
2*5	34.33 B-I	25.29 **	4.1 B-K	-9.89 **	5*3	35.93 B-H	11.58 **	4.28 A-J	-5.93 **
2*6	36.27 B-H	56.81 **	4.45 A-I	94.32 **	6*3	35.4 B-H	9.94 **	3.8 B-K	-5.47 **
2*7	33.07 C-I	51.21 **	5.57 A-F	129.22 **	7*3	34.13 B-I	5.99 ns	5.83 A-E	45.03 **
3*4	42.67 A-C	32.52 **	6.23 AB	54.98 **	5*4	35.47 B-H	29.45 **	3.57 D-K	-21.54 **
3*5	38.07 A-F	18.23 **	6.71 A	47.47 **	6*4	29.8 F-K	20.16 **	3.32 E-K	44.98 **
3*6	34.4 B-I	6.83 ns	3.83 B-K	-4.73 **	7*4	32.27 A-G	30.12 **	3.4 E-K	39.92 **
3*7	34.87 B-H	8.29 *	5.98 A-D	48.76 **	6*5	35.3 B-H	28.83 **	3.67 C-K	-19.56 **
4*5	32.93 C-I	20.18 **	3.05 G-F	-33.19 **	7*5	20.6 L	-24.82 **	1.94 JK	-57.36 **
4*6	35.73 B-H	44.07 **	4.92 A-H	114.85 **	7*6	32 D-J	38.35 **	3.53 D-K	45.27 **
4*7	43.13 AB	73.91 **	5.46 A-G	124.69 **					
۵ درصد	7.93		2.00						
LSD									
۱ درصد	9.46		2.38						
LSD									

ns, * و **: به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

ns, * and **: Not significant, significant at 5% and 1% levels of probability, respectively

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5

Table 2. Cont.

نوع آمیزش	ارتفاع بلال (سانتی متر)		طول بلال (سانتی متر)		عمق دانه (سانتی متر)		تعداد ردیف دانه در بلال	
	Ear height(cm)		Ear length(cm)		Grain depth(cm)		Number of rows per ear	
	means	heterosis	means	heterosis	means	heterosis	means	heterosis
1*1	88.33 G-J	-	19.63 A-F	-	0.88 B-I	-	12.8 Q-U	-
2*2	77.8 I-L	-	18.01 A-G	-	0.59 I	-	12 TU	-
3*3	68.27 J-L	-	16.05 C-G	-	1.2 AB	-	18.53 D-I	-
4*4	58.47 KL	-	19.77 A-F	-	0.75 G-I	-	10.53 U	-
5*5	97.53 E-I	-	15.01 E-G	-	0.82 C-I	-	12.67 Q-U	-
6*6	81.2 H-K	-	20.13 A-F	-	0.95 A-H	-	22.13 AB	-
7*7	80.2 H-K	-	15.69 D-G	-	0.78 E-I	-	17.07 G-M	-
1*2	111.87 B-G	26.65 **	22.8 A	16.15 **	0.89 B-I	1.14 **	14 N-T	9.38 **
1*3	104.33 C-I	18.11 ns	20.46 A-D	4.23 *	0.98 A-H	-18.33 **	17.73 F-L	-4.32 **
1*4	94.6 E-I	7.1 ns	19.7 A-F	-0.35 ns	0.99 A-H	12.5 **	12.53 R-U	-2.1 ns
1*5	103.67 C-I	6.3 ns	17.97 A-G	-8.46 **	0.8 E-I	-9.09 **	13 P-U	1.56 ns
1*6	104.27 C-I	18.05 ns	19.67 A-F	-2.29 ns	0.91 A-I	-4.2 **	18.13 D-K	-18.08 **
1*7	133.73 AB	51.4 **	19.16 A-F	-2.39 ns	1.1 C-G	25 **	19.47 B-G	14.06 **
2*3	111.53 B-G	43.35 **	17.39 B-G	-3.44 ns	0.85 B-I	-28.92 **	15.07 L-S	-18.67 **
2*4	104.47 C-I	34.28 **	19.45 A-F	-1.62 ns	0.83 C-I	10.66 **	13.33 O-U	11.08 **
2*5	126.67 A-C	29.88 **	18.67 A-F	3.66 ns	0.95 A-H	15.85 **	14 N-T	10.5 **
2*6	100.47 C-I	23.73 *	18.15 A-F	-9.84 **	0.96 A-H	1.05 **	17.73 F-L	-19.88 **
2*7	133.6 AB	66.58 **	16.27 B-G	-9.66 **	0.8 E-I	2.56 **	15.87 I-P	-7.03 **
3*4	99.6 E-I	45.89 **	15.93 C-G	-19.42 **	1.09 A-G	-9.17 **	15.47 J-Q	-16.51 **
3*5	112.33 B-G	15.17 ns	20.19 A-E	25.79 **	1.17 A-C	-2.5 **	18 E-L	-2.86 **
3*6	88.33 G-J	8.78 ns	17.91 A-G	-11.03 **	1.13 A-E	-5.83 **	20.93 A-D	-5.42 **
3*7	96 E-I	19.7 ns	18.11 A-G	12.83 **	1.25 A	4.17 **	20.27 A-F	9.39 **
4*5	94.73 E-I	-2.87 ns	12.93 G	-34.6 **	0.81 D-I	-1.22 **	12.53 R-U	-1.1 ns
4*6	97.27 E-I	19.79 ns	15.8 C-G	-21.53 **	0.99 A-H	4.21 **	16.27 H-N	-26.48 **
4*7	98.73 E-I	23.1 *	18.71 A-F	-5.36 **	1.11 A-F	42.31 **	17.07 G-M	0 ns
5*6	93.73 E-J	-3.9 ns	15.64 D-G	-22.31 **	0.95 A-H	0 ns	19.33 C-G	-12.65 **
5*7	106.4 C-H	9.09 ns	18.75 A-F	19.5 **	0.89 B-I	8.54 **	19.07 D-H	11.72 **
6*7	104.33 C-I	28.49 **	15.69 D-G	-22.06 **	1.06 A-H	11.58 **	22.8 A	3.03 **
2*1	110.8 B-G	25.44 *	21.38 AB	8.91 **	0.74 HI	-15.90 **	15.2 K-R	18.75 **
3*1	94.33 E-I	6.79 ns	16.59 B-G	-15.49 **	1.12 A-E	-6.67 **	17.87 E-L	-3.56 **
4*1	97.07 E-I	9.89 ns	17.47 B-G	-11.63 **	0.89 B-I	1.14 **	12.53 R-U	-2.1 ns
5*1	94.73 E-I	-2.87 ns	19.57 A-F	-0.31 ns	0.74 HI	-15.90 **	12.2 S-U	-4.69 **
6*1	105.6 C-H	19.55 ns	17.93 A-G	-10.93 **	1 A-H	5.26 **	18.4 D-J	-16.86 **
7*1	119.6 A-F	35.4 **	17.23 B-G	-12.23 **	0.94 A-H	6.82 **	18 E-L	5.45 **
3*2	99.87 D-I	28.37 **	14.91 FG	-17.21 **	0.87 B-I	-27.5 **	15.87 I-P	-14.36 **
4*2	120.4 A-E	54.76 **	19.23 A-F	-2.73 ns	0.93 A-I	24 **	13.47 N-T	12.25 **
5*2	126.27 A-D	29.47 **	21.01 A-C	16.66 **	1.07 A-H	30.49 **	16.27 H-N	28.41 **
6*2	113.27 B-G	39.5 **	15.58 D-G	-22.60 **	0.98 A-H	3.16 **	18 E-L	-18.66 **
7*2	140.4 A	75.06 **	15.77 C-G	-12.44 **	1.03 A-H	32.05 **	16.13 H-O	-5.51 **
4*3	97.67 E-I	43.06 **	17.74 A-G	-10.27 **	0.9 A-I	-25 **	16 I-O	-13.65 **
5*3	102.2 C-I	4.79 ns	17.98 A-G	12.02 **	1.15 A-D	-4.17 **	17.07 G-M	-7.88 **
6*3	93.73 E-J	15.43 ns	20.03 A-F	-0.5 ns	1.09 A-G	-9.17 **	20.67 A-E	-6.6 **
7*3	92.8 F-J	15.71 ns	17.74 A-G	10.53 **	1.12 A-E	-6.67 **	19.87 B-G	7.23 **
5*4	97.47 E-I	-0.06 ns	15.61 D-G	-21.04 **	0.85 B-I	3.66 **	11.6 TU	-8.45 **
6*4	96.27 E-I	18.56 ns	19.76 A-F	-1.84 ns	0.81 D-I	-14.74 **	14.4 M-T	-34.93 **
7*4	80.47 H-K	0.34 ns	18.31 A-F	-7.38 **	0.84 C-I	7.69 **	15.73 I-P	-17.85 **
6*5	103.8 C-I	6.43 ns	19.42 A-F	-3.53 ns	1.08 A-H	13.68 **	19 D-H	-14.14 **
7*5	54.6 L	-44.02 **	18.49 A-F	17.85 **	0.76 F-I	-7.32 **	15.73 I-P	-7.85 **
7*6	92.6 F-J	14.04 ns	16.55 B-G	-17.78 **	1.04 A-H	9.47 **	22 A-C	-0.59 ns
LSD درصد 5		21.55		4.16		0.28		2.40
LSD درصد 1		25.70		4.96		0.33		2.86

ns, *, ** به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

ns, * and **: Not significant, significant at 5% and 1% levels of probability, respectively

Genotypes' names: 1. K18 2. K3218 3. K1264.1 4. MO17 5. K19 6. K74.1 7. K3653.5