



مقاله پژوهشی"

بررسی صفات مورفولوژی و کمی با استفاده از تجزیه دای‌آل در گندم نان

محمد خابط^۱، امیر ابراهیم‌زاده^۲، زهره علیزاده^۳ و علیرضا صمدزاده^۴

۱- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، (نویسنده مسؤول: mzabet@birjand.ac.ir)

۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

۳- استادیار و مریبی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

۴- استادیار و مریبی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۲/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۷/۱۷

صفحه: ۳۹ تا ۴۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گندم یکی از محصولات مهم و استراتژیک به لحاظ ارزش غذایی است. آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی و توارث اجزای عملکرد جهت انتخاب بهترین روش بهترادی ضروری است. از این رو با استفاده از پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده اجزای عملکرد در تصمیم‌گیری برای انتخاب روش بهترادی مناسب جهت رسیدن به حداکثر عملکرد دانه اتخاذ گردد.

مواد و روش‌ها: هفت ژنوتیپ‌الوند، آنفارم^۹، چمن^{۱۰}، بک‌کراس روشن^{۱۱}، قنس^{۱۲}، افق^{۱۳} و رقم محلی سرخ‌دانه و ۲۱ دورگ حاصل از آنها در قالب طرح دای‌آل یک‌طرفه 7×7 طی سالهای ۹۶-۱۳۹۴ مورد بررسی قرار گرفتند.

یافته‌ها: تجزیه واریانس بیانگره متفاوت معنی دار بین ژنوتیپ‌ها بود. تجزیه دای‌آل به روش گریفینگ نشان داد که ترکیب پذیری عمومی و خصوصی در تمامی صفات معنی دار بود. ژنوتیپ‌های بک‌کراس روشن و سرخ‌دانه ترکیب شونده‌های عمومی نامطلوب تشخیص داده شد. دورگ بک کراس روشن \times چمن^{۱۲} و الوند \times قنس دورگ‌های مطلوب در اکثر صفات بودند و دورگ‌های افق \times بک کراس روشن، افق \times سرخ‌دانه و آنفارم^۹ بک کراس روشن نامناسب‌ترین دورگ‌ها بودند. تجزیه واریانس همین نشان داد که جزء افزایشی و غیر افزایشی واریانس ژنتیکی در تمامی صفات معنی دار گردید. با توجه به معنی دار شدن جزء b1 و b2 در اکثر صفات هتروزیس و فراوانی تابرا بر آل‌های غالب و مطلوب دیده شد. جزء b3 که معادل ترکیب پذیری خصوصی گریفینگ می‌باشد در کلیه صفات معنی دار گردید و نتایج حاصل از تجزیه گریفینگ را مورد تأیید قرار داد. نتایج این تحقیق نشان داد که برای معرفی رقم یا ارقام جدید در خراسان جنوبی (بیرجند) توصیه می‌شود که از رقم محلی سرخ‌دانه در تلاقي‌ها استفاده شود.

نتیجه‌گیری: مطالعه کنونی نشان داد که رقم محلی سرخ‌دانه اگرچه دارای عملکرد اقتصادی بالایی نمی‌باشد ولی دارای ترکیب پذیری عمومی و خصوصی بالایی در آمیزش با سایر ارقام می‌باشد. بنابراین توصیه می‌گردد که از این رقم محلی در تلاقي با سایر ارقام استفاده گردد تا به بوته فراموشی سپرده نشود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه گریفینگ، تجزیه همین، ترکیب پذیری عمومی و خصوصی

برآورد پارامترها، متفاوت هستند. نوع مواد ژنتیکی قدرت برآورد اجزای افزایشی، غالیت و اپیستاتیک را تعیین می‌کند (۲۹،۲۴).

هالولور^(۹) مروج جامعی را در روش‌های ارزیابی اجزای واریانس ژنتیکی ارائه داد. در تمامی این روش‌ها بر اساس شباهت والدین و نتاج و سایر خویشاوندان، امکان شناسایی اجزاء واریانس ژنتیکی به وجود می‌آید. از جمله این روش‌ها می‌توان به روش تجزیه دو والدی، رگرسیون نتاج-والدین، تلاقي‌های دای‌آل، طرح‌های یک و دو و سه کامستاک و رایبیسون، تلاقي سه جانبه و تجزیه لاین \times تست اشاره نمود (۲۹). انتخاب دقیق روش‌های بهترادی، بسته به ماهیت ژنتیکی صفت مورد مطالعه متفاوت خواهد بود. نتایج حاصل از به کارگیری روش‌های مختلف ژنتیک کمی مانند تلاقي‌های دای‌آل، پژوهشگر را به اطلاعات مورد نیاز برای برنامه‌ریزی‌های بهترادی رهنمون می‌کند. طرح تلاقي‌های دای‌آل یکی از معمول‌ترین روش‌های برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری است. اصول و مبانی این نوع تلاقي‌ها را محققین مختلف بیان نموده‌اند (۱۳، ۱۰، ۷).

انتخاب غیرمستقیم در نسل‌های اولیه بهترادی از طریق صفاتی که همبستگی مثبت و معنی داری با عملکرد دانه داشته و وراثت‌پذیری به مراتب بالاتر از عملکرد داشته باشند یکی از راه کارهای مهم بهترادی گیاهی است. بنابراین اطلاع از نحوه وراثت و کنترل ژنتیکی صفات مختلف از اهمیت ویژه‌ای در برنامه بهترادی برخوردار است (۶).

مقدمه گندم گیاهی است که به مقدار زیاد و در مساحت وسیعی از زمین‌های کشاورزی دنیا و حتی در نواحی خشک کشت گردیده و محصول کافی تولید می‌نماید. اهمیت اقتصادی گندم چه از نظر تولید و چه از نظر تغذیه در دنیا بیش از سایر محصولات کشاورزی می‌باشد (۱). گندم یکی از محصولات استراتژیک بوده و نقش مهمی در تغذیه انسان دارد. میزان تولید گندم طی سال‌های اخیر افزایش داشته و اکنون میزان تولید کشور در حدود $11/5$ میلیون تن برآورد می‌شود (۱۶).

هرچند افزایش عملکرد دانه مهمنترین هدف بهترادگران در برنامه‌های بهترادی می‌باشد، اما به دلیل آنکه عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای و دارای وراثت چند ژنی است، مطالعه آن مشکل و لذا بهترادگران غالباً از اجزای عملکرد دانه آن استفاده می‌نمایند، هرچند که این اجزاء در عمل به صورت جبرانی عمل می‌کنند و افزایش یکی کاهش دیگری را در پی دارد (۲۸). ژنتیک یک صفت کمی بر محور مطالعه تغییرات آن قرار دارد، زیرا مسایل اساسی ژنتیکی به شکل تغییرات بیان می‌شوند. هدف اساسی از مطالعه این تغییرات آن است که بتوان آنها را به اجزای متعلق به عوامل مختلف تقسیم کرد. مقدار نسبی این اجزاء میان خصوصیات ژنتیکی جمعیت، به ویژه درجه شباهت خویشاوندان است (۲۹، ۲۷). بهترادگران گندم می‌توانند با استفاده از طرح‌های مختلف آمیزشی، اجزای ژنتیکی کنترل کننده صفات را در جمعیت گیاهان مورد مطالعه برآورد کنند. این طرح‌های تلاقي از حیث مواد ژنتیکی برای

اصلاح عملکرد می‌شود، ضروری است. از این رو بایستی اطلاعات جامع و دقیقی از پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده اجزای عملکرد در تصمیم‌گیری برای انتخاب روش بهنژادی مناسب جهت رسیدن به حداکثر عملکرد دانه جمجمه‌ی گردد. تجزیه و تحلیل دای‌آل به عنوان روشی بسیار قوی و کارا به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی همچون وراثت‌پذیری، عمل ژن‌ها، ترکیب‌پذیری خصوصی و عمومی و تعیین میزان هتروزیس استفاده می‌شود (۲۶).

رقم محلی سرخ‌دانه از دیرباز در خراسان جنوبی کشت و کار می‌گردد و کشاورزان علاقه زیادی به کشت آن بهدلیل عملکرد بیولوژیک بالا دارند. در این تحقیق سعی شد تا با تلاقی بین رقم محلی سرخ‌دانه با سایر ارقام تجاری رایج در منطقه و یا دارای عملکرد دانه بالا دورگی با عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه بالا به دست آید. پژوهش حاضر با استفاده از والدین و نتاج F_1 حاصل از تلاقی بین ژنتوتیپ‌های مختلف گندم به منظور بررسی ژنتیکی عملکرد و صفات وابسته به آن در گندم با استفاده از تجزیه دای‌آل در شرایط آب و هوایی بیرجند انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

در سال زراعی ۱۳۹۴-۹۵ ژنتوتیپ‌ها در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند کشت شدند تا تلاقی‌های مورد نظر انجام گردد. ژنتوتیپ‌ها شامل واریته‌های تجاری افق، قدس، الوند، بک‌کراس‌روشن، آنفارم، چمران ۲ و رقم محلی بیرجند (سرخ‌دانه) بودند که از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان جنوبی تهیه گردیدند. در هر کرت، هر ژنتوتیپ در دو خط به طول سه متر، فاصله بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر، فاصله بوته‌ها روی ردیف پنج تا ۱۰ سانتی‌متر و در عمق دو تا پنج سانتی‌متری کاشته شدند. در مرحله‌ای که ارتفاع بوته‌ها حدوداً ۱۰ سانتی‌متر بود، عمل تنک کردن همراه با وجین انجام شد. از اواسط فروردین تا اواخر اردیبهشت ماه سال ۱۳۹۵ بسته به آمادگی بوته‌ها از لحاظ تلاقی، کلیه تلاقی‌های ممکن به صورت دای‌آل یک‌طرفه انجام و در اوخر بهار و اوایل تابستان، هم بذرهای والدینی و هم بذرهای حاصل از تلاقی (F_1) برداشت شدند. این بذرها داخل پاکت‌های برچسب‌گذاری شده نگهداری گردید.

در سال زراعی ۱۳۹۵-۹۶ بذرهای والدین (هفت ژنتوتیپ) به همراه ۲۱ دورگ حاصل از آن‌ها، مجموعاً ۲۸ ژنتوتیپ در یک طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. هر دورگ در یک خط و والدین در سه خط به طول $1/3$ متر کشت شدند. فاصله بذرها روی خط دو الی پنج سانتی‌متر، فاصله بین خطها ۶۰ سانتی‌متر و عمق کشت بذرها دو الی سه سانتی‌متر در نظر گرفته شد. با در نظر گرفتن اثر حاشیه‌ای، در اوخر خرداد ماه ۱۳۹۶ بوته‌های F_1 و والدین به‌وسیله دست برداشت و صفت‌های مورد نظر شامل ارتفاع بوته (اندازه‌گیری از سطح خاک تا زیر خوش و بر اساس میانگین ده بوته)، تعداد پنجه‌ها (میانگین ده بوته)، طول سنبله (میانگین ده سنبله)، طول پدانکل (فاصله زیر سنبله تا اولین گره و بر اساس

بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری طی یک‌سری مطالعه‌ها نشان داد که در صفات تعداد سنبله در سنبله (۲۲)، تعداد سنبله در سنبله اصلی گندم نان (۲۱)، تعداد سنبله در سنبله گندم دوروم (۱۸) و تعداد دانه در سنبله (۲۲، ۲۱) سهم واریانس افزایشی در کنترل این صفات بیشتر است، در حالی که بر عکس مطالب فوق طی مطالعه‌های دیگر سهم اثرات غیر افزایشی ژن‌ها برای تعداد دانه در سنبله اصلی و شاخص برداشت (۱۴) وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته (۱۲، ۴)،

عملکرد بیولوژیک (۲۵) بیشتر از اثرات افزایشی ژن‌ها بود.

بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری عملکرد دانه، اجزای عملکرد و چندین صفت کمی نشان داد که قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به جزء تعداد دانه در سنبله به طور معنی‌داری بالا بود، درحالی که قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی فقط برای عملکرد دانه و ارتفاع بوته زمان خوشده‌ی معنی‌دار بود و در اکثر صفات مقادیر قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی از قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی بزرگتر بودند (۳).

بررسی عمل ژن در صفات مختلف مورفولوژیک و عملکرد نشان داد که ترکیب‌پذیری عمومی در تمامی صفات معنی‌دار و وراثت‌پذیری خصوصی در تمامی صفات بسیار بالا بود. تجزیه واریانس هیمن نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش دارند. پارامترهای ژنتیکی نشان‌دهنده وجود اثر غالیت ناقص در صفات تعداد سنبله در سنبله، طول میانگره سوم و دوم، قطر میانگره سوم و دوم و سطح برگ بود (۱۵). در مطالعه اجزای ژنتیکی عملکرد گندم نان در شرایط تشکی معلوم شد که تمامی آثار ژن‌ها روی نحوه توارث صفات مورد بررسی موثر می‌باشند. توارث‌پذیری خصوصی از ۲۹ درصد برای وزن هزار دانه تا ۶۶ درصد برای تعداد دانه در بوته متغیر بود (۱۱).

بررسی ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) صفات مورفولوژیک گندم شامل صفات روز تا سبز شدن، روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی، طول برگ پرچم، طول دوره پر شدن دانه، وزن سنبله در بوته، وزن ساقه و عملکرد دانه نشان داد که اثر ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برای کلیه صفات به جزء روز تا رسیدگی و طول دوره پر شدن معنی‌دار و واریانس ژنتیکی افزایشی نقشی غالی در توارث اکثر صفات داشت (۵). صادقی (۲۳) با بررسی خصوصیات ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد از قبیل تعداد سنبله در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن دانه در سنبله، هکتولیتر، وزن هزار دانه و عملکرد دانه نشان داد که مدل افزایشی - غالیت برای بیشتر صفات به غیر از وزن دانه و وزن سنبله و عملکرد دانه کفایت نمود. تجزیه هیمن نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش داشتند.

تولید ارقام جدید و سازگار به محیط‌های مختلف از اهداف مهم به نژادگران به شمار می‌رود. تلاقی ارقام جدید و گزینش ژنتوتیپ‌های برتر از نظر صفات مطلوب در بین نتاج آن‌ها از روش‌هایی است که همواره مورد استفاده بهنژادگران قرار گرفته است (۱۰، ۷).

آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی و توارث اجزای عملکرد که موجب انتخاب بهترین روش بهنژادی و در نهایت موجب

فوق مؤثر خواهد بود. در صفت درصد پروتئین این نسبت تقریباً برابر با $5/0$ بود که نشان می‌دهد واریانس اثرات افزایشی و غیرافزایشی برابرند.

تجزیه گریفینگ برای صفات مختلف گندم

نتایج حاصل از تجزیه گریفینگ نشان داد که میانگین مرباعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA^(۱)) در همه صفات معنی‌دار بود، به عبارت دیگر بین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی والدین مختلف تفاوت معنی‌دار وجود داشت، بنابراین جزء افزایشی واریانس قابل توارث در وراثت کلیه صفات نقش داشت. میانگین مرباعات قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA^(۲)) در کلیه صفات معنی‌دار بود. بنابراین جزء غیر افزایشی واریانس قابل توارث نیز در کلیه صفات تأثیرگذار بود (جدول ۲).

ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات مختلف گندم

برآورد ترکیب‌پذیری عمومی ژنتوپ‌ها برای صفات مختلف نشان داد که ژنتوپ‌های والدین مختلف دارای ترکیب‌پذیری عمومی معنی‌داری در جهت مثبت و یا منفی بودند (جدول ۳). برای طول پدانکل بهترین ژنتوپ بک‌کراس‌روشن (۱/۷۷) و بدترین ژنتوپ افق (۲/۵۳)، برای ارتفاع بوته بهترین ژنتوپ سرخ‌دانه (۱۰/۰۰) و بدترین ژنتوپ افق (۵/۳۰)، برای وزن ساقه بهترین ژنتوپ سرخ‌دانه (۲۵/۹۴) و بدترین ژنتوپ قدس (۹/۹۵)، برای طول سنبله بهترین ژنتوپ الوند (۰/۵۲) و بدترین ژنتوپ آنفارم (۰/۵۴)، برای وزن سنبله بهترین ژنتوپ بک‌کراس‌روشن (۲۲/۳۶) و بدترین ژنتوپ الوند (۱۹/۰۷)، برای تعداد دانه در سنبله بهترین ژنتوپ آنفارم (۹/۰۵)، برای بدهی سرخ‌دانه (۰/۱۷) و بدترین ژنتوپ چمنان ۲ (۲/۸۷)، برای تعداد سنبله در سنبله بهترین ژنتوپ الوند (۶/۲۵) و بدترین ژنتوپ آنفارم (۹/۰۵)، برای تعداد سنبله در بوته بهترین ژنتوپ سرخ‌دانه (۰/۱۷) و بدترین ژنتوپ چمنان ۲ (۲/۸۷)، برای شرح پدانکل بهترین ژنتوپ الوند (۱/۲۵) و بدترین ژنتوپ آنفارم (۹/۰۵)، برای عملکرد دانه بهترین ژنتوپ بک‌کراس‌روشن (۱۷/۰) و بدترین ژنتوپ افق (۶/۴۶)، برای عملکرد دانه بهترین ژنتوپ بک‌کراس‌روشن (۰/۰۲۶) و بدترین ژنتوپ قدس (۰/۰۲۶) و بدترین ژنتوپ افق (۰/۰۶۲)، برای درصد پروتئین بهترین ژنتوپ افق (۰/۰۵۷) و برای وزن هزار دانه بهترین ژنتوپ بک‌کراس‌روشن (۳/۳۱) و بدترین ژنتوپ افق (۳/۵۲) بود.

ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفات مختلف گندم

نتایج نشان داد که تنواع بالایی در مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ‌های مورد مطالعه وجود داشت (جدول ۴). بهترین دورگ‌ها برای صفات مختلف به شرح ذیل بود. بک‌کراس‌روشن \times چمنان ۲ بهترین دورگ برای طول پدانکل (۶/۱۵)، وزن ساقه (۸۴/۵۲)، عملکرد دانه (۸۱/۰) و عملکرد بیولوژیک (۱۹۸/۷۳)، افق \times آنفارم ۹ بهترین دورگ برای ارتفاع بوته (۱۴/۸۸)، سرخ‌دانه \times قدس بهترین دورگ برای وزن سنبله (۱۱۶/۹۴)، آنفارم ۹ \times سرخ‌دانه بهترین دورگ برای تعداد سنبله در بوته (۱۴/۶۲)، الوند \times قدس بهترین دورگ برای طول سنبله در سنبله (۳/۴)، تعداد دانه در سنبله (۱۲/۵۵) و تعداد سنبله در سنبله (۲/۲۵)، چمنان ۲ \times قدس بهترین دورگ

میانگین ده بوته)، وزن ساقه (میانگین ده بوته بعد از جداکردن سنبله‌ها)، تعداد سنبله در بوته (شمارش تعداد سنبله‌ها بر اساس میانگین ده بوته)، تعداد سنبله در سنبله (شمارش تعداد سنبله بر اساس میانگین ده سنبله)، تعداد دانه در سنبله (شمارش تعداد دانه بر اساس میانگین ده سنبله)، وزن سنبله (میانگین وزن سنبله ده بوته)، وزن هزار دانه (شمارش هزار دانه و سپس توزین آنها)، عملکرد دانه (برداشت دو خط وسطی از هر دانه)، عملکرد بیولوژیکی (برداشت دو خط وسطی از هر دانه)، محاسبه وزن کل بوته‌ها، شاخص برداشت (تقسیم عملکرد اقتصادی به عملکرد بیولوژیکی) و درصد پروتئین به روش کجلال (۱۷) اندازه گیری شدند.

داده‌های آزمایش در ابتدا با بررسی ضرب چولگی و کشیدگی (در بازه ۲ تا ۲- نرمال) و سپس با آزمون شاپیرو- ویک برای نرمال بودن بررسی شدند و سپس آزمون غیریکنواختی واریانس‌های درون نیماری با استفاده از آزمون‌های بارتلت و لون انجام شد. در اولین گام، تجزیه واریانس داده‌ها صورت گرفت تا معنی‌دار بودن تفاوت بین ژنتوپ‌ها آشکار گردد. با توجه به آنکه والدین به طور تصادفی انتخاب نشده بودند و از طرفی چون در آزمایش، F₁ها به همراه والدین استفاده گردید، لذا تعیین ترکیب‌پذیری و نحوه عمل ژن با استفاده از روش دو مدل یک گریفینگ (۸) صورت گرفت. بنا به پیشنهاد بیکر (۲) مؤثرتر بودن نقش هر یک از اثرات افزایشی یا غالیست ژن‌ها از طریق نسبت $gca/2\sigma^2 gca + \sigma^2 sca$ محاسبه شد. چنانچه این نسبت برابر ۱ شود به مفهوم این است که تمامی اثرات، ناشی از اثرات افزایشی می‌باشد. چنانچه این نسبت برابر $5/0$ باشد به این معنی است که واریانس اثرات افزایشی و غیر افزایشی برابرند و چنانچه این نسبت کمتر از $5/0$ شود گوبای نقش مؤثرتر اثرات غیر افزایشی (غالیست، فوق غالیست و اپیستازی) درکنترل این صفات می‌باشد. پارامترهای ژنتیکی به روش هیمن برآورد گردید. تجزیه هیمن مطابق با برنامه SASHAYDIAL (۱۹) و تجزیه گریفینگ مطابق با برنامه مانجیت اس. کانگ (۲۰) با استفاده از نرم افزار SASv9.2 و سایر تجزیه‌ها با استفاده از نرم افزارهای SPSS و MSTATC انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس ساده برای صفات مختلف گندم

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که برای تمامی صفات به استثنای تعداد پنجه‌ها بین ژنتوپ‌ها تفاوت معنی‌داری وجود داشت. با توجه به معنی‌دار بودن کلیه صفات امکان تجزیه دایآل وجود داشت و لذا در ادامه کار تجزیه دایآل بر روی کلیه صفات صورت گرفت (جدول ۱). نسبت بیکر برای تمامی صفات به استثنای درصد پروتئین (۵۴/۰) تقریباً برابر با $5/0$ از مقدار $5/0$ بیشتر بود، لذا می‌توان چنین نتیجه گرفت که برای کلیه صفات مورد بررسی نقش اثرات افزایشی ژن‌ها بیشتر از نقش اثرات غیرافزایشی (غالیست فوق غالیست، اپیستازی) می‌باشد. لذا استفاده از روش‌های اصلاحی مبتنی بر انتخاب، نظریه انتخاب دوره‌ای جهت بهبود صفات

الوند × سرخ‌دانه بدترین دورگ برای تعداد سنبله در بوته (۷/۳۳)، افق × بک‌کراس‌روشن بدترین دورگ برای وزن سنبله (۱۶/۹۹)، وزن ساقه (۷۱/۹۹) و عملکرد بیولوژیک (۱۴۷/۳۰)، آنفارم × بک‌کراس‌روشن بدترین دورگ برای عملکرد دانه (۵۸/۸۳)، افق × چمران ۲ بدترین دورگ برای شاخص برداشت (۰/۰۸)، افق × آنفارم ۹ بدترین دورگ برای درصد پروتئین (۴۰/۳) و آنفارم ۹ × سرخ‌دانه بدترین دورگ برای وزن هزار دانه (۱۰/۵) شناسایی شد.

برای شاخص برداشت (۰/۰۵)، افق × سرخ‌دانه بهترین دورگ برای درصد پروتئین (۳/۹۹) و آنفارم × قدس بهترین دورگ برای وزن هزار دانه (۶/۷۷). بدترین دورگ‌ها برای صفات مختلف به شرح ذیل بود. الوند × افق بدترین دورگ برای طول پدانکل (۵/۲۸)، افق × سرخ‌دانه بدترین دورگ برای ارتفاع بوته (۱۹/۰۴)، تعداد دانه در سنبله (۲/۹۹) و تعداد سنبله (۱۹/۴۴) و تعداد سنبلچه در سنبله (۲/۹۹)، چمران ۲ × قدس بدترین دورگ برای طول سنبله (۱/۴۰)،

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مختلف گندم

Table 1. Analysis of variance of different traits of wheat

منابع تغییرات	درجه آزادی	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	تعداد پنجه‌ها	میانگین مربوط صفات			تعداد دانه در سنبله
					وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	
تکرار	۲	۱۲۰/۹۳**	۱۵۰/۶۴**	۳۸/۰۷ns	۲۴۵۵۵/۴۴**	۱۰/۰۸**	۱۲۳۱۱/۸۳**	۶۱۳/۴۳**
ژنتیک	۲۷	۳۱/۷۸**	۳۸۱/۴۳**	۳۰۷/۴۱ns	۹۴۴۱/۹۵**	۲/۸۲**	۹۳۹۷/۹۴**	۳۸۲/۲۲**
خطا	۵۴	۰/۰۹	۲/۲۸	۱۸۹/۳۶ns	۱۲۱/۱۸	.۰/۰۰	.۰/۱۸	.۰/۱۷

ادامه جدول ۱

Continued Table 1

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد سنبله در بوته	تعداد سنبلچه در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	میانگین مربوط صفات			وزن هزار دانه (گرم)
					عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	
تکرار	۲	۳۷۳/۰۷**	۹۶/۷۶**	۹۴۰/۰۴**	۳۴۴۱۷/۰۷**	.۰/۰۹**	۶۶/۶۵**	۳۹۸/۷۳**
ژنتیک	۲۷	۱۲۰/۰۵**	۸/۲۱**	۴۷۱۱/۰۷**	۳۴۵۵۶/۰۲**	.۰/۰۰۵**	۸/۸۷**	۹۱/۲۱**
خطا	۵۴	.۰/۱۳	.۰/۰۲	۱۵/۵۳	۱/۳۴	.۰/۰۰۰	.۰/۱۰	۳۰/۹۰

جدول ۲- تجزیه گریفینگ در صفات مختلف گندم

Table 2. Analysis of variance using Griffing method in different traits of wheat

منابع تغییرات	درجه آزادی	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	میانگین مربوط صفات			تعداد دانه در سنبله در بوته
					طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	
تکرار	۲	۱۲۰/۹۰**	۱۵۰/۷۰**	۲۴۵۵۵/۴۶**	۱۰/۰۸**	۱۲۳۱۱/۰۸**	۶۱۳/۴۷**	۲۷۲/۰۷**
ترکیب‌پذیری عمومی	۶	۵۶/۱۱**	۷۳۲/۴۰**	۱۱۶۷۲/۲۱**	۳/۲۱**	۸۱۵/۶۶**	۱۴۸/۴۹**	۱۴۸/۴۸**
ترکیب‌پذیری خصوصی	۲۱	۲۴/۷۲**	۲۸۱/۱۵**	۸۸۰/۴/۲۱**	۲/۷۱**	۹۷۵۴/۲۷**	۱۱۲/۵۱**	۱۱۲/۵۰**
خطا	۵۴	.۰/۰۹۹	۲/۲۸	۱۲۱/۱۰	.۰/۰۰۰۲	.۰/۱۸	.۰/۱۴	.۰/۱۳
نسبت بیکر	.۰/۸۲	.۰/۸۴	.۰/۷۳	.۰/۷۰	.۰/۶۳	.۰/۷۲	.۰/۷۲	.۰/۷۲

ادامه جدول ۲

Continued Table 2

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد سنبلچه در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	میانگین مربوط صفات			وزن هزار دانه (گرم)
					شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)	
تکرار	۲	۹۶/۷۱**	۹۴۰/۰۲**	۳۴۴۱۷/۰۷**	.۰/۰۰۹۸**	۶۶/۵۵**	۳۹۸/۷۲**	
ترکیب‌پذیری عمومی	۶	۱۹/۱۱**	۳۸۷۲/۰۵**	۴۱۲۵۲/۰۴**	.۰/۰۰۸۳**	۵/۷۷**	۱۹۷/۱۷**	
ترکیب‌پذیری خصوصی	۲۱	۵/۰۴**	۴۹۵۱/۰۵**	۳۲۶۴۲/۰۸**	.۰/۰۰۵**	۹/۷۲**	۶۰/۰۸*	
خطا	۵۴	.۰/۰۲	۱۵/۵	۱/۳۱	.۰/۰۰۰۱	.۰/۱۰	.۳۰/۹۱	
نسبت بیکر	.۰/۸۸	.۰/۶۱	.۰/۷۲	.۰/۷۷	.۰/۵۴	.۰/۸۷		

جدول ۳- مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی صفات مرتبی با عملکرد در ژنتیک‌های گندم

Table 3. General combining values of correlated traits with yield in wheat genotypes

منابع تغییرات	درجه آزادی	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد دانه در بوته
الوند	-	-۰/۲۶**	۲/۹۴**	-۱۵/۰۴**	.۰/۵۲**	-۱۵/۰۹**	۶/۲۵**	-۱/۴۶**
افق	-	-۲/۵۲**	-۵/۳۹**	-۱۶/۳۵**	-۰/۲۷**	-۱۵/۳۸**	-۰/۱۶*	-۱/۱۱**
آنفارم ۹	۱/۶۷**	-	-۳/۶۶**	۲۴/۸۷**	-۰/۵۳**	۲۱/۶۹**	-۵/۹۰**	۱/۷۸**
بک‌کراس‌روشن	۱/۷۷**	-	-۰/۵۱**	۱۴/۵۷**	.۰/۴**	۲۲/۷۶**	-۰/۴۹**	.۰/۴۳**
چمران ۲	-/۰۲	-	۰/۰۸ns	-۱۳/۰۴**	-۰/۱۵**	-۴/۳۱**	-۱/۹۳**	-۲/۸۷**
قدس	-۰/۰۵۴**	-	-۳/۳۵**	-۱۹/۹۵**	.۰/۱۱**	-۱۶/۴۴**	۵/۳۶**	-۰/۱۶**
سرخ‌دانه	-۰/۰۹ ns	-	۱۰/۰۰**	۲۵/۹۴**	.۰/۲۵**	۷/۹۵**	-۳/۱۲**	۴/۱۷**

جدول ۳- مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی صفات مرتب با عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم

Table 3. General combining values of correlated traits with yield in wheat genotypes

ژنوتیپ‌های گندم	تعداد سنبله در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)
الوند	۱/۲۵**	-۸/۲۷**	-۳/۰-۲**	.۰/۰۰۴۱۵	.۱۸**	-۰/۴۷۱۵
افق	.۰/۲۵**	-۱/۸۶۴**	-۳/۴/۱۲**	-.۰/۰۰۲۴**	.۰/۶۱**	-۳/۵۲**
۹ آنفارم	-۱/۰۵**	۱۰/۳۰**	۴۹/۸۸**	-.۰/۰۰۰۸**	-.۰/۲۷**	۲/۳۳**
بک کراس روشن	۰/۰۹**	۱۷/۰۰**	۳۴/۰۸**	-.۰/۰۱۰۰	-.۰/۰۲*	۳/۱۱**
چمنان	۰/۰۲۱**	.۰/۱۷	-۱۱/۱۵**	-.۰/۰۰۷**	-.۰/۳۹**	۲/۲۸*
قدس	۰/۰۱۵**	-۵/۱۴**	-۴۰/۰۵**	-.۰/۰۲۶**	-.۰/۰۵۷**	-۱/۰۳ns
سرخ دانه	۰/۰۸**	۴/۶۷**	۳۶/۳۹**	-.۰/۰۱۸**	.۰/۰۵۵**	-۲/۹۴**

جدول ۴- مقادیر ترکیب‌پذیری‌های خصوصی صفات مرتب با عملکرد در دورگ‌های مختلف گندم

Table 4. Specific combining values of correlated traits with yield in wheat hybrids

ژنوتیپ‌های گندم	طول پدانکل (سانسیتمتر)	ارتفاع بوته (سانسیتمتر)	وزن ساقه (گرم)	وزن سنبله (سانسیتمتر)	طول سنبله (گرم)	وزن سنبله در سنبله (گرم)	تعداد دانه در بوته	تعداد سنبله در بوته
الوند × افق	-۵/۲۸**	۹/۳۱**	۷/۷۵**	-.۰/۰۴۶**	۱۹/۰**	.۰/۰۰۴۱۵	۱/۰۵۵**	۱/۰۵۵**
الوند × آنفارم ۹	۱/۱۸**	.۰/۷۱ns	۲۱/۰**	-.۰/۰۲۵**	۴۷/۰**	۶/۸۱**	-۰/۵۳۴**	-۰/۵۳۴**
الوند × بک کراس روشن	۰/۰۳ns	-.۰/۹۱ns	۳۲/۱۹**	-.۰/۰۷۳**	۴۶/۳۶**	.۰/۰۰۰۴۰	۵/۵۰**	۵/۵۰**
الوند × چمنان ۲	-۳/۲۲**	-۱۳/۳۳**	۵/۶۶**	.۰/۰۵**	-۴۶/۹۷**	-.۱۱/۱۶**	-۳/۵۳**	-۳/۵۳**
الوند × قلس	.۰/۶۸**	۴/۸۰**	-۷۷/۹۵**	۳/۰**	-۴۹/۸۶**	۱۲/۰۵**	۱۱/۶۴**	۱۱/۶۴**
الوند × سرخ دانه	۴/۰۵**	-۵/۰۴۷**	-۳۱/۱۸**	-.۰/۰۷۲**	۵/۰۶**	۹/۰۲**	-۷/۳۳**	-۷/۳۳**
افق × آنفارم ۹	۳/۶۴**	۱۴/۸۸**	۱۵/۷۱**	.۰/۰۰ns	-.۰/۰۸۳**	.۰/۰۵۵*	-۰/۶۹**	-۰/۶۹**
افق × بک کراس روشن	-۱/۰۱**	-۱/۰۲۴ns	-۷۱/۹۹**	-.۰/۰۱۸**	-۸۲/۱۶**	۶/۱۴**	-۴/۷۵**	-۴/۷۵**
افق × چمنان ۲	-۰/۰۵۶**	-.۰/۰۳۳ns	-۳۸/۸۸**	.۰/۰۱۸**	-۲۷/۴۹**	.۰/۰۵۸*	-۰/۲۱ns	-۰/۲۱ns
افق × قلس	-۱/۰۷۶**	.۰/۰۷۰ns	۳۲/۵۳**	-.۰/۰۴۵**	-۱۰/۳۸**	۵/۰۹۵**	-۳/۵۵**	-۳/۵۵**
افق × سرخ دانه	۲/۰۲**	-۱۹/۰۴**	-۴/۰**	.۰/۰۱۰**	۱۸/۰۳**	-۱۹/۰۲۳**	-۰/۰۸۸**	-۰/۰۸۸**
آنفارم ۹ × بک کراس روشن	-۳/۴۵**	-۳/۷**	-۶۷/۸۸**	-.۰/۰۰۷**	-۵۱/۲۲**	-۶/۴۵**	-۴/۱۴**	-۴/۱۴**
آنفارم ۹ × چمنان ۲	۲/۳۷**	۲/۱۴**	-۶۵/۰**	-.۰/۰۲۸**	-۴۹/۰**	۷/۳۲**	-۶/۹۳**	-۶/۹۳**
آنفارم ۹ × قلس	۱/۰۳**	۲/۴۱**	-۱۸/۶۹**	-.۰/۰۲۴**	-۵۷/۴۵**	-۴/۶۴**	-۴/۴۳**	-۴/۴۳**
آنفارم ۹ × سرخ دانه	-۲/۰۱**	۱/۹۴**	۳۷/۲۴**	.۰/۰۵۷**	۷۱/۹۴**	-۲/۲۰**	۱۴/۶۲**	۱۴/۶۲**
بک کراس روشن × چمنان ۲	۶/۱۵**	۵/۵**	۸۴/۵۳**	.۰/۰۲۰**	۱۱۴/۴۲**	.۰/۰۹**	۶/۵۱**	۶/۵۱**
بک کراس روشن × آنفارم ۹ × چمنان ۲	-۰/۰۵ns	-۲/۱۱**	-۶۳/۰۶	-.۰/۰۵۲**	-۳۸/۴۵**	-۸/۷۱**	-۰/۱۶**	-۰/۱۶**
بک کراس روشن × سرخ دانه	-۱/۰۸۷**	۵/۳۱**	۶۵/۸۰**	۱/۰۰**	۱۴/۹۴**	۷/۲۲**	.۰/۴۵*	.۰/۴۵*
چمنان ۲ × قلس	-۴/۰۳**	-۵/۰۴۳**	-۷۱/۲۹**	-.۰/۰۱۰**	-۵۱/۰۴۵**	۲/۴۰**	-۶/۱۲**	-۶/۱۲**
چمنان ۲ × سرخ دانه	.۰/۰۴۵*	۱۱/۰۷**	۴۶/۸۰**	.۰/۰۱۵**	۳۴/۹۴**	-۰/۰۳۳ns	۷/۰۴**	۷/۰۴**
سرخ دانه × قلس	۲/۰۲**	-۲/۰۶۱**	۷۷/۰۲**	-.۰/۰۱۸**	۱۱۶/۹۴**	-۳/۶۵**	۳/۴۸**	۳/۴۸**

ادامه جدول ۴

Continued Table 4

ژنوتیپ‌های گندم	تعداد سنبله در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه
الوند × افق	-.۰/۸۲**	۷/۰۰**	۳۷/۶۴**	-.۰/۰۰۰۷	۱/۱۲**	۶/۰۱*
الوند × آنفارم ۹	-.۰/۶۲**	۲۹/۱۰**	۳۳/۶۴**	-.۰/۰۴۰**	-.۰/۰۴۹**	۱/۶۶ns
الوند × بک کراس روشن	-.۰/۳۷**	۴۹/۰۷**	۸۸/۹۴**	-.۰/۰۴۳**	-.۰/۰۹۸**	-۱۰/۰۳۵**
الوند × چمنان ۲	۱/۶۱**	-۳/۰/۲۷**	-۴۱/۲۲**	-.۰/۰۴۵**	-.۰/۰۲۴ns	-۲/۰۷۱ns
الوند × قلس	۲/۰۲۵**	-۳۳/۱۹**	-۶۲/۹۵**	-.۰/۰۰۳۷**	۱/۲۱**	۱/۴۱ns
الوند × سرخ دانه	-.۰/۰۸۷**	-۲/۰۵۴ns	-۲۲/۲۵**	.۰/۰۰۰۱۹*	-.۰/۰۰۰۸*	۵/۹۱*
افق × آنفارم ۹	۱/۶۸**	۲۵/۰۴**	۲۲/۰۷**	-.۰/۰۰۰۴۸*	-.۳/۰۴**	۱/۷۳ns
افق × بک کراس روشن	۱/۰۳**	-۴۶/۵۳**	-۱۴۷/۳۰**	-.۰/۰۰۰۸	.۰/۰۰۰۴۳ns	.۰/۷۴ns
افق × چمنان ۲	۰/۰۹۴**	-۴۴/۹۳**	-۶۶/۲۳**	-.۰/۰۰۰۷۷**	-.۰/۰۳۵ns	-۳/۰۵ns
افق × قلس	-.۰/۰۰۲**	۳/۰۸ns	۳/۰۴**	-.۰/۰۱۱ns	-۱/۰۷۵**	-۲/۰۸۵ns
افق × سرخ دانه	-.۰/۰۲۹**	-.۰/۰۴۳ns	-۱/۰۲**	-.۰/۰۰۰۱۱	۳/۰۹**	-۲/۰۳۷ns
آنفارم ۹ × بک کراس روشن	-.۰/۰۶۷**	-۵۸/۱۸۳**	-۱۱۵/۳۰**	-.۰/۰۰۰۶۲**	۲/۰۴**	۵/۷۰*
آنفارم ۹ × چمنان ۲	-۱/۰۹**	-۲۸/۹۳**	-۸۹/۹۰**	-.۰/۰۰۰۳۱ns	۲/۰۴**	۰/۳۶ns
آنفارم ۹ × قلس	-۱/۰۵۸**	-۲۵/۰۴**	-۷۰/۰۳**	-.۰/۰۰۰۱۵*	-۲/۰۱۷**	۶/۷۷*
آنفارم ۹ × سرخ دانه	۲/۰۱**	۴۳/۰۹**	۱۶/۰۲۸**	-.۰/۰۰۰۲۷**	-.۰/۰۳۳ns	-۱۰/۰۵۷**
بک کراس روشن × چمنان ۲	-.۰/۰۱۸*	۸/۰۰**	۱۹۸/۰۲۳**	-.۰/۰۰۰۲۳**	-۱/۰۱**	۲/۱۵ns
بک کراس روشن × قلس	-۱/۰۵۷**	-۲۱/۶۶**	-۹۰/۰۹**	-.۰/۰۰۰۳۱**	-.۰/۰۲۹ns	۲/۱۵ns
بک کراس روشن × سرخ دانه	۱/۰۶۵**	۸/۶۱**	۷۲/۱۷**	-.۰/۰۰۰۲۴**	-.۰/۰۲۷**	-۱/۰۹۳ns
چمنان ۲ × قلس	۰/۰۱**	-۳۳/۰۴**	-۱۲۶/۱۶**	-.۰/۰۰۰۵۰**	۱/۰۸**	-۱/۰۷۳ns
چمنان ۲ × سرخ دانه	-.۰/۰۴۰**	۳۴/۰۳۵**	۶۹/۰۲۹**	-.۰/۰۰۰۳۶**	-۱/۰۳۶**	۱/۴۱ns
سرخ دانه × قلس	۰/۰۰۹ns	۶۱/۰۵**	۱۹۶/۰۵۰**	-.۰/۰۰۰۹۱**	-.۰/۰۴۱ns	-۲/۰۴۱ns

حداکثر ۹۹٪ برای اکثر صفات متغیر بود. با توجه به این که این پارامتر سهم واریانس ژنتیکی را از واریانس فوتیبی کل نشان می‌دهد، لذا مقادیر بالای این پارامتر در کلیه صفات نشان دهنده سهم بالای واریانس ژنتیکی است. h^2_n یا وراثت پذیری خصوصی که سهم واریانس ژنتیکی افزایشی را از واریانس فوتیبی کل می‌رساند بین حداقل ۰/۱۳ و برابر درصد پروتئین تا حداکثر ۰/۴۳٪ برای صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله در بوته متغیر بود. با توجه به آن که مقدار وراثت پذیری خصوصی برای عملکرد دانه ۰/۲۵٪ بوده و وراثت پذیری عمومی ۰/۹۰٪ می‌باشد، لذا تاثیر محیط در این صفت بسیار بالا بود. از طرفی وراثت پذیری خصوصی برای سایر صفات نیز نسبتاً خوب است، لذا امکان ایجاد نوترکیب‌های مناسب در نسل‌های در حال تفکیک برای صفات مختلف وجود دارد (جدول ۵).

تجزیه گرافیکی هیمن برای صفات مختلف گندم
در شکل ۱ نمودارهای Wr در برابر Vr صفات عملکرد دانه (الف)، عملکرد بیولوژیک (ب)، تعداد سنبله در بوته (ج)، تعداد دانه در سنبله (د)، وزن سنبله (و)، وزن هزار دانه (ه) و درصد پروتئین (ی) آمده است. در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله خط رگرسیون محور Wr را در بالای مبدأ، در صفات تعداد سنبله در بوته و وزن هزار دانه خط رگرسیون محور را در پایین تر از مبدأ و در صفت درصد پروتئین خط رگرسیون تقریباً از مبدأ می‌گذرد. با توجه به این امر در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله $D < H_1$ می‌باشد، لذا واریانس ژنتیکی افزایشی مهمتر از واریانس غالیت می‌باشد و غالیت ناقص وجود دارد. در صفات تعداد سنبله در بوته و وزن هزار دانه $D < H_1$ می‌باشد، لذا واریانس غالیت نقش مهمتری از واریانس افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت دارد و فوق غالیت حکم وجود دارد. در صفت درصد پروتئین $H_1 = D$ می‌باشد، لذا واریانس افزایشی و غالیت توأم در کنترل ژنتیکی صفت نقش دارد و غالیت کامل وجود دارد. با توجه به آنکه نقاط نزدیک به مبدأ نشان دهنده آن است که آن والد دارای اکثر ژن‌های غالب و نقاط دور از مبدأ نشان دهنده آن است که والد مورد نظر دارای اکثر ژن‌های مغلوب است لذا با توجه به این موضوع در صفت عملکرد دانه والد ۶ (قدس)، عملکرد بیولوژیک و درصد پروتئین والد ۱ (الوند)، تعداد سنبله در بوته والد ۴ (بک‌کراس روشن)، تعداد دانه در سنبله والد ۵ (چمران ۲)، وزن سنبله و وزن هزار دانه والد ۷ (سرخ دانه) دارای بیشترین ژن‌های غالب می‌باشند.

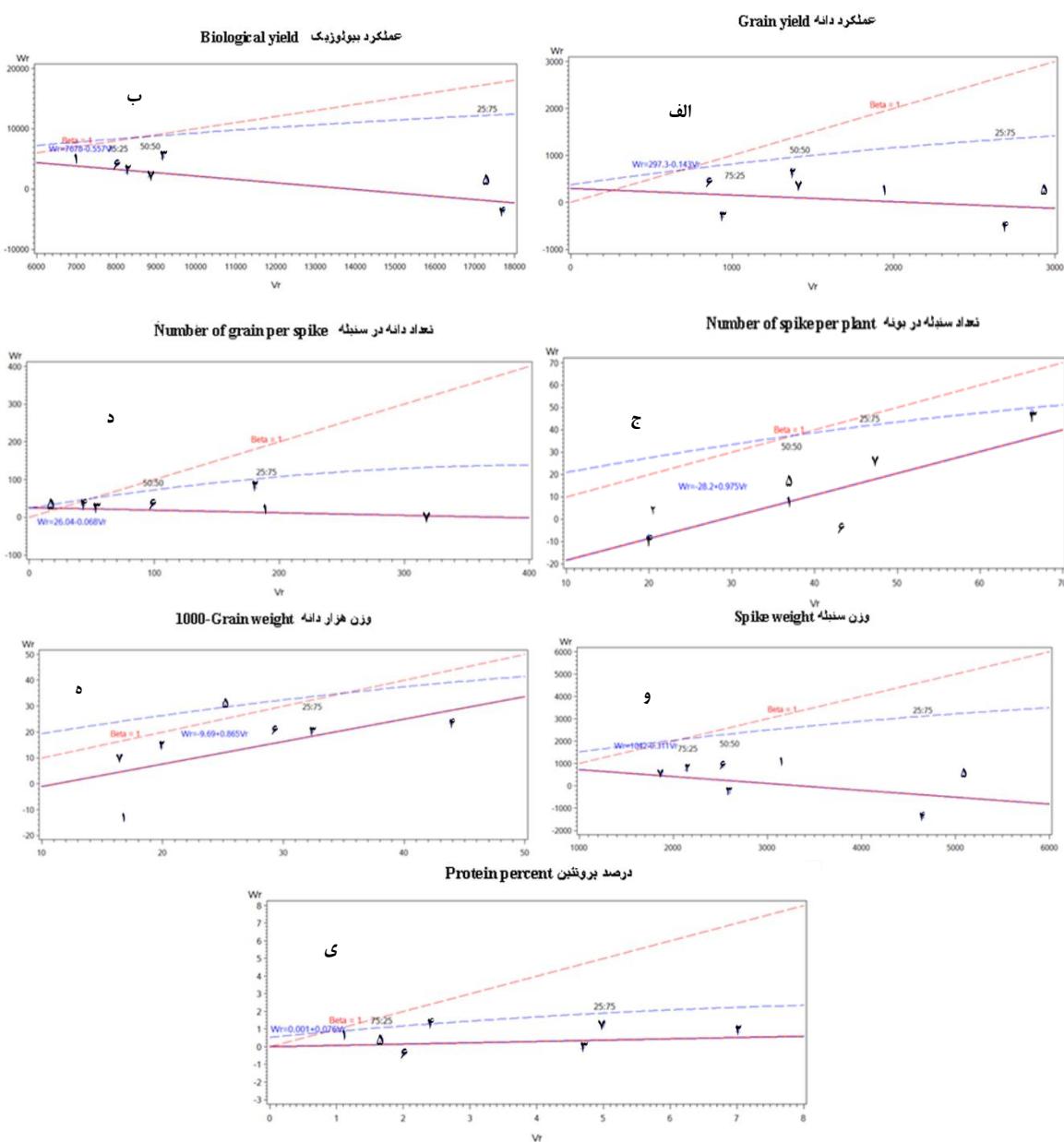
در صفت عملکرد دانه و وزن سنبله والد ۵ (چمران ۲)، عملکرد بیولوژیک و وزن هزار دانه والد ۴ (بک‌کراس روشن)، تعداد سنبله در بوته والد ۳ (آنفارم ۹)، تعداد دانه در سنبله والد ۷ (سرخ دانه) و درصد پروتئین والد ۲ (افق) دارای بیشترین ژن‌های مغلوب می‌باشند. بقیه والدهای دارای ترکیبی از ژن‌های غالب و مغلوب می‌باشند و هرچه به مبدأ نزدیکتر دارای ژن‌های غالب و هرچه از مبدأ دورتر باشند دارای ژن‌های مغلوب بیشتری می‌باشند.

تجزیه واریانس هیمن برای صفات مختلف گندم
جزء a که تنوع ژنتیکی افزایشی را نشان می‌دهد در تمامی صفات مختلف معنی دار گردید. بنابراین واریانس ژنتیکی افزایشی در وراثت پذیری تمامی صفات نقش دارد. این جزء b تخمینی از ترکیب پذیری عمومی گریفینگ است. این جزء b نیز در تمامی صفات معنی دار شد. این جزء دال بر غالیت است و بنابراین واریانس غالیت در وراثت پذیری کلیه صفات نقش داشت. جزء b₁ در همه صفات به استثنای وزن هزار دانه معنی دار شد. این جزء مقایسه والدین در تمامی صفات فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب نابرابر است. جزء b₂ که بخشی از انحراف غالیت خاص هر تلاقی را اندازه‌گیری می‌کند در تمامی صفات معنی دار شد. جزء b₃ معادل ترکیب پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است و معنی دار بودن آن نشان دهنده معنی دار بودن ترکیب پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است. با توجه معنی دار شدن جزء a و b₃ در کلیه صفات و معنی دار بودن ترکیب پذیری عمومی و خصوصی در تجزیه گریفینگ نتایج این دو تجزیه هم‌دیگر را مورد تأیید قرار دادند. با توجه به آنکه در اینجا دای آلل یک طرفه اجرا گردید و تفاوتی بین تلاقی‌های متقابل وجود نداشت، لذا در تمامی صفات متوسط اثرات مادری (c) و اثرات غیر مادری (d) برابر با صفر گردید (جدول ۴).

تجزیه عددی هیمن برای صفات مختلف گندم

برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه نشان داد که D یا اندازه اثرات افزایشی کلیه صفات به جزء ارتفاع بوته، تعداد سنبله در بوته و تعداد سنبله‌چه در سنبله معنی دار نشد، در نتیجه در اکثر صفات عمل افزایشی ژن‌ها مهم و موثر نبود. H₁ یا اندازه اثرات غالیت که نشان دهنده واریانس غالیت است در کلیه صفات به جزء طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه معنی دار گردید، لذا در کلیه این صفات عمل غیر افزایشی ژن‌ها نیز مهم و تاثیر گذار بوده است.

H₂ یا اندازه اثرات غالیت که در صورت فراوانی مساوی آلل‌های افزاینده و کاهنده مانند H₁ است در کلیه صفات به جزء طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه معنی دار گردید، لذا توزیع نامتقارن ژن‌ها با اثرات مشبت و منفی در والدین در مورد کلیه صفات به استثنای صفات فوق الذکر وجود داشت. F که مبنی متوسط کوواریانس اثرات افزایشی در غالیت است در کلیه صفات معنی دار نگردید. لذا در کلیه صفات فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی است. E یا واریانس محیطی در تمامی صفات مختلف معنی دار نشد و فقط در وزن هزار دانه معنی دار شد، به عبارتی اثر محیط در کلیه این صفات تاثیر گذار نبود. در صفات وزن هزار دانه و درصد پروتئین (مقدار آن منفی شد) احتمالاً اثرات محیطی بیش از اندازه بوده و اندازه‌گیری‌ها را تحت تأثیر قرار داده است و یا اینکه در اندازه‌گیری‌ها اشتباہی رخ داده است. h²_b یا وراثت پذیری عمومی بین حداقل ۰/۹۰٪ برای عملکرد دانه تا



شکل ۱- خط رگرسیون Wr/Vr برای صفات مختلف. ارقام: ۱-الوند ۲-افق ۳-آنفارم ۴-بکر کراس روشن ۵-چمران ۶-قدس ۷-سرخ دانه

Figure 1- Wr/Vr Regression line for different traits

Varieties: 1-Alvand 2-Ofogh 3-Anfarm9 4-Backcross Roshan 5-Chamran2 6-Ghods 7-Sorkh-daneh

قدس دورگ‌های مناسبی در اکثر صفات بود و دورگ‌های افق × بکر کراس روشن، افق × سرخ دانه و آنفارم ۹ × بکر کراس روشن دورگ‌های نامناسبی در مطالعه کنونی بودند. با توجه به این که دورگ حاصل از والد بکر کراس روشن هم در ایجاد بهترین دورگ و هم در ایجاد بدترین دورگ نقش داشت، بنابراین نتیجه گرفته می‌شود که بهترین دورگ از بین دورگ‌های حاصل بستگی به تلاقی والدین مد نظر دارد. تجزیه گریفینگ نشان داد که میانگین مریعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در همه صفات معنی‌دار بود، بنابراین جزء افزایشی و غیر افزایشی واریانس قابل توارث در وراثت کلیه صفات نقش داشت. در

نتایج و بحث

آچه از مجموع بررسی ترکیب‌پذیری عمومی بر می‌آید این است که والد بکر کراس روشن و رقم محلی سرخ دانه در اکثر صفات دارای ترکیب‌پذیری بالایی بودند و والدین افق و قدس نیز دارای ترکیب‌پذیری پایینی بودند. بقیه والدین در حالت بینایینی قرار داشتند. با توجه به این نتایج پیشنهاد می‌گردد که در برنامه‌های بهنژادی و یا تلاقی‌هایی که سایر محققین می‌خواهند انجام دهند از ارقام بکر کراس روشن و رقم محلی سرخ دانه استفاده نمایند، لیکن ارقام افق و قدس قبل توصیه نیست. در بررسی ترکیب‌پذیری خصوصی ملاحظه شد که دورگ بکر کراس روشن × چمران ۲ و الوند ×

سهم واریانس افزایشی در کنترل این صفات بیشتر از غیر افزایشی بود. از مجموع نتایج تجزیه هیمن بر می‌آید که واریانس ژنتیکی افزایشی (جزء a) که تخمینی از ترکیب پذیری عمومی گریفینگ است) و واریانس غالبیت (جزء b) تمامی صفات مختلف معنی‌دار گردید و در اکثر صفات (جزء b₁ معنی‌دار بود) مورد انتظار است و در اکثر صفات (جزء b₂ معنی‌دار بود) فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی است. جزو b₃ که معادل ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است معنی‌دار گردید و نتایج حاصل از آن را مورد تاکید قرار داد. وراثت پذیری خصوصی عملکرد دانه نسبتاً پایین و وراثت پذیری عمومی آن بالا بود که این موضوع نشان دهنده تأثیر بالای محیط در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد که نشان می‌دهد برای اصلاح عملکرد دانه گندم باستی علاوه بر خود این صفت به صفات وابسته و به خصوص اجزای عملکرد دانه توجه نمود.

نتیجه‌گیری کلی

انچه مسلم است این است که در طی سالیان اخیر کلیه کشاورزان اعم از عمدۀ و خردۀ مالکین خراسان جنوی به کشت ارقام تجاری تغییب می‌شوند، لیکن کشاورزان با توجه به عملکرد بیولوژیکی بالای رقم محلی سرخ‌دانه در کنار دامداری‌های کوچکشان از کشت آن صرف نظر نمی‌کنند. مطالعه کنونی نشان داد که این رقم اگرچه دارای عملکرد اقتصادی بالای نمی‌باشد ولی دارای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی بالای در آمیزش با سایر ارقام می‌باشد. بنابراین توصیه می‌گردد که از این رقم محلی در تلاقی با سایر ارقام استفاده گردد تا این طریق به بوته فراموشی سپرده نشود.

صفاتی که اثر افزایشی در کنترل صفات بیشتر از غالبیت نقش دارد می‌توان با استفاده از روش شجره‌ای نسبت به اصلاح آن صفت اقدام نمود و با استفاده از ژنوتیپ‌هایی که دارای مقادیر بالاتری از لحاظ صفات برخوردار هستند عملکرد را بهبود داد که در مطالعه کنونی چنین امری اتفاق نیفتاد. بررسی مقادیر D و H₁ نشان داد که در کلیه صفات سهم اثرات غالبیت بیشتر از افزایشی بود و هتروزیس برای اصلاح این صفات می‌تواند مؤثر باشد. معنی‌دار بودن جزو b₁ (که نشان دهنده هتروزیس است) برای اکثر صفات چنین چیزی را تایید می‌کند. در کلیه صفات با توجه به معنی‌دار بودن b₃ که نوعی از اثرات غیرافزایشی را نشان می‌دهد، تولید هیرید و استفاده از پدیده هتروزیس می‌تواند روش مناسبی در بهبود این صفات باشد، هرچند هتروزیس در گیاه خودگشتنی مثل گندم زیاد قبل توجیه نیست. بررسی منابع مختلف نشان می‌دهد که مطالعه کنونی با بعضی از مطالعات و برای برخی از صفات منطبق و برای برخی دیگر از صفات عکس آن صادق است. در مطالعه کنونی عمل افزایشی و غیرافزایشی هر دو در کنترل ژنتیکی صفات دخیل بودند و سهم واریانس غالبیت بیشتر از افزایشی بود. نتایج مطالعات کرباسی منزوی (۱۴) برای صفت شاخص برداشت، ایکرام و تاناج (۱۲) و چودری (۴) برای صفت عملکرد دانه و مطالعه ساراووجی (۲۵) برای صفت عملکرد بیولوژیک یا نتایج این تحقیق مطابقت داشت. مطالعات موندال و داسگوپتا (۲۲) برای صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله، مطالعه میشرا (۲۱) برای صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله اصلی گندم نان، مطالعه لی و کالتیسکس (۱۸) برای صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله گندم دوروم و مطالعه برقی (۳) برای صفت عملکرد دانه، نتایج متفاوتی نسبت به نتایج به دست آمده در این بررسی را نشان داد. در مطالعه‌های محققین فوق الذکر

جدول ۵- تجزیه واریانس صفات مرتبط با عملکرد به روشنی در ژنوتیپ‌های گندم

Table 5. Analysis of variance of correlated traits with yield using Hayman method in wheat genotypes

منابع	درجه آزادی	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	میانگین مریعات صفت‌ها		تعداد سنبله در بوته
							تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته	
تکرار	۲	۱۲۰/۹۰**	۱۵۰/۶۴**	۲۴۵۵/۴۶**	۱۰/۰۸**	۱۲۳/۱۱/۰۸**	۶۱۳/۴۷**	۲۷۲/۰۷**	
a	۶	۱۱۷/۳۳**	۱۵۸/۵۵**	۱۸۳۹/۶۶**	۷/۱۷**	۱۸۴۰/۸۸**	۱۰۹/۶۶**	۲۳۶/۸۶**	
b	۲۱	۲/۲۳**	۴۸۷/۰۳**	۱۴۶۳۲/۸۶**	۵/۰۹**	۱۶۲۵۳/۲۳**	۶۱۵/۲۳**	۱۹۷/۵۰**	
b ₁	۱	۳۱/۴۱**	۳۵۵/۵۵**	۵۵۶۵/۰۸۳**	۰/۰۲**	۲۴۴۳۱/۰۱**	۲۴۲/۰۰**	۳۵۰/۲۴**	
b ₂	۶	۵۲/۹**	۳۹۴/۲۱**	۶۲۳۰/۹۱**	۲/۰۷**	۱۵۰۱/۰۸**	۳۷۶/۴۴**	۹۴/۵۳**	
b ₃	۱۴	۴۴/۴۴**	۵۳۶/۲۰**	۱۵۳۰/۳/۸۴**	۶/۷۵**	۱۶۲۰/۱/۷۲**	۷۴۴/۲۸**	۲۳۰/۷۲**	
خطا	۹۶	.۰/۱۳	۱۳۷/۶۸	۷۰/۳۸۲۷	.۰/۰۱۹	.۰/۲	۱۶/۶۹	.۰/۱۵	

ادامه جدول ۵

Continued Table 5

منابع	درجه آزادی	تعداد سنبله در سنبله	عملکرد بیولوژیک (گرم)	میانگین مریعات صفت‌ها	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)
تکرار	۲	۹۶/۷۱**	۹۴۰/۰۲**	۳۲۱۷/۷۷**	.۰/۰۱۰**	۶۶/۵۵**
a	۶	۳۶/۷۲**	۱۱۶۷۶/۰۷**	۴۷۶۳/۰۹۱**	.۰/۰۱۴**	۱۱/۱۱**
b	۲۱	۹/۲۶**	۸۷۴۹/۹۲**	۱۱۳۵۷۱/۰۶**	.۰/۰۰۹**	۱۸/۹۲**
b ₁	۱	۲/۲۳**	۶۶۸۰/۰۳**	۱۳۱۹۱/۰۶**	.۰/۰۰۴**	۱/۱۲**
b ₂	۶	۴/۶۷**	۶۶۵۷/۵۴**	۲۲۵۳۹۲/۶**	.۰/۰۰۴**	۳/۰۵**
b ₃	۱۴	۱۱/۷۲**	۹۷۷۳/۱۲**	۷۵۸۳۹۴/۸۲**	.۰/۰۱۲**	۲۶/۹۹**
خطا	۹۶	.۰/۰۲	۱۹۶/۹۰	۱۳۰/۰۴	.۰/۰۰۰	.۰/۱۱

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف در ژنوتیپ‌های گندم
 Table 6. Genetic parameters of different traits in wheat genotypes

تعداد سنبله در بوته	تعداد دانه در در سنبله	وزن سنبله در سنبله	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	طول پدانکل	بارامترهای ژنتیکی
.۰/۱۷±۳/۲۵	.۰/۱۶±۴/۸۴/۲	.۰/۰۰۲±۰/۳۳	.۰/۰/۰۰۲±۰/۳۳	.۷۰/۰/۳±۴/۵۸/۶	.۱/۹۳±۱/۸/۸	.۰/۱۱±۱/۳۲	E
.۳۷/۴±۷/۹	.۵۵/۰۰۸/۴/۱	.۲۰/۷۷/۱±۱۳/۶۹/۶	.۰/۱۳±۰/۹۵	.۲۲۵۱/۸±۱۲۹۷/۲	.۱۹۷/۹±۵/۳/۴۲	.۴/۰۲±۳/۷۴	D
.۳۷/۳±۱/۸/۹	.۴۰/۸۱±۱۲/۰/۹	.۳۸۹۷/۸±۳۲۸۵/۷	.۰/۰۰۰±۰/۷۳۰	.۲۴۵۸/۸±۳۱۱/۹	.۱۸۷/۸۴±۱۲/۱/۱۶	.۰/۰۳±۰/۷/۷	F
.۱۵۳/۱±۱۰/۰	.۴۹۹/۳۷۲±۲/۲/۰/۵	.۱۴۴۰/۰/۱±۳۳۹۷/۴	.۳/۸۹±۲/۷۰	.۱۱۰/۰/۷±۳۱۲/۷/۹	.۴۱۴/۴۵±۱۲/۸/۶۲	.۳۶/۸۴±۹/۰/۱	H ₁
.۱۳۱/۲±۱۶/۸	.۴۰/۰/۸۷±۱۸/۵/۵	.۱۰۸۳۵/۰/۲±۲۹۰/۰/۴	.۳/۳۹±۲/۰/۳	.۹۶۱۴/۴±۲۷۵۱/۷	.۳۲۱/۸۲±۱۱۱۳/۳۳	.۲۹۷/۴±۷/۹۴	H ₂
.۰/۹۹	.۰/۹۹	.۰/۹۹	.۰/۹۷	.۰/۹۷	.۰/۹۸	.۰/۹۹	h^r
.۰/۲۵	.۰/۲۴	.۰/۲۴	.۰/۲۵	.۰/۲۷	.۰/۳۸	.۰/۴۲	h_b^r
.۰/۲۵	.۰/۳۳	.۰/۹۷	.۰/۲۷	.۰/۲۹	.۰/۲۸	.۰/۴۲	h_n^r

ادامه جدول ۶

Continued Table 6

وزن هزار دانه (گرم)	درصد پروتئین (درصد)	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک (گرم)	عملکرد دانه (گرم)	تعداد سنبله در سنبله	تعداد سنبله در سنبله	بارامترهای ژنتیکی
.۳۵/۵۱±۳/۰۳	.۰/۱۱±۰/۵۶	.۰/۰۰۰۲±۰/۰۰۰۲	.۱/۳۶±۱۵۹۵/۹	.۱۹۶۹±۲۷۱/۹	.۰/۰/۰۲±۰/۱۷	E	
.۰/۳۸±۸/۵۸	.۰/۶۰±۱/۵۸	.۰/۰۰۰۵±۰/۰۰۰۵	.۸۶۱۲/۷±۵۵۴۳/۵	.۴۷۲/۸±۷۶۹/۲	.۱/۳۲±۰/۴۸	D	
.۰/۰۰۰۹±۰/۰۹	.۰/۲۲±۳/۸	.۰/۰۰۱۲±۰/۰۰۱۲	.۱۰۷۸۹/۵±۱۳۲۹۸/۷	.۸۶۱/۶±۱۸۴۵/۴	.۰/۰/۰۱±۰/۱۵	F	
.۰/۰۰۰۷±۰/۰۷	.۰/۱۳±۳/۸	.۰/۰۰۱۲±۰/۰۰۱۲	.۴۵۷۸۸/۷±۱۳۳۴۵/۸	.۶۸۸۳/۹±۱۸۵۱/۹	.۷/۲۲±۱/۱۶	H ₁	
.۰/۵۲±۱۸/۲۰	.۱۲/۲±۳/۴	.۰/۰۰۱۰±۰/۰۰۱۰	.۳۶۰۵۱/۸±۱۱۷۸۹/۵	.۵۴۳۹/۵±۱۶۳۱/۸	.۶/۱۲±۱/۰۲	H ₂	
-.۰/۰/۳	.۰/۹۷	.۰/۹۳	.۰/۹۹	.۰/۹۰	.۰/۹۹	h^r	
-.۰/۰/۷	.۰/۱۳	.۰/۲۹	.۰/۲۹	.۰/۲۵	.۰/۴۳	h_b^r	
-.۰/۰/۷	-.۰/۰/۳	-.۰/۹۷	-.۰/۹۹	-.۰/۹۰	.۰/۹۹	h_n^r	

منابع

1. Azar Ghalleh. 2019. Available at <http://azarghalleh.com/wheat-history/>.
2. Baker, R.J. 1978. Issues in diallel analysis. Crop Sci., 18:533-537
3. Borghi, B. and M. Perenzin. 1994. Diallel analysis to predict heterosis and combining ability for grain yield, yield components and bread-making quality in bread wheat (*T. aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 89(7-8): 975-981.
4. Chowdhary, M.H., M.T. Arshad, G.M. Subhani and I. Khalil. 1997. Inheritance of some polygenic traits in hexaploid spring wheat. Journal of Animal and Plant Sciences 7(3): 77-79.
5. Eshaghi Shamsabadi, E., H. Sabouri, H. Soughi and S.J. Sajadi. 2019. Diallel analysis of some important morpho-phenological traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) crosses. Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding, 8(1): 45-54 (In Persian).
6. Golparvar, A., S. Mottaghi and A. Lotififar. 2011. Diallel analysis and analysis of grain yield and its components in bread wheat genotypes under drought stress conditions. Plant Production Technology, 11 (1): 62-51 (In Persian).
7. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to Diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Science, 9: 463-493.
8. Griffing, B. 1956b. A generalized treatment of the use of Diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, 10: 31-50.
9. Haluver, A.R. and J.B. Miranda. 1982. Quantitative genetic in maize breeding. The Iowa State University. Ames, Iowa, 113 pp.
10. Hayman, B. I. 1954a. The theory and analysis of Diallel crosses. Genetics 39: 789- 809.
11. Heidari Rudbali, M., Abdolshah, R., Baghizadeh, A and Qaderi, M.G. 2016. Genetic analysis of yield and related traits in bread wheat (*Triticum aestivum*) under drought stress. Journal of Crop Breeding, 8(18): 1-6 (In Persian).
12. Ikram, U.H. and L.Tanach. 1991. Diallel analysis of grain yield and other agronomic traits in durum wheat. Rachis, 10: 8-13.
13. Jinks, J.L. and B.I. Hayman. 1953. The analysis of Diallel crosses. Maize Genetics Coop. News Letter, 27: 48-54.
14. Karbasi Monzavi, B. 1988. Estimation of combining ability, genetic parameters and heritability of protein and grain yield and their related characteristics in autumn wheat. Master's thesis on plant breeding, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology (In Persian).
15. Khahani, B., M.R. Bimta and B. Naserian. 2018. Estimation of general and specific combinability ability of morphological traits and grain yield in bread wheat. Journal of Crop Breeding, 10(25): 53-62 (In Persian).
16. Khodabandeh, N. 2013. Cereals. Tehran University Press, Tehran, Iran, 538pp (In Persian).

17. Kjeldahl, J. 1883. "Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern" (New method for the determination of nitrogen in organic substances), Zeitschrift für analytische Chemie, 22 (1): 366-383.
18. Lee, J. and P.J. Kaltsikes. 1970. Diallel analysis of correlated sequential characters in durum wheat. Crop Science, 10: 770-772.
19. Makumbi, D., G. Alvarado, J. Crossaand J. Burgueño. 2018. SASHAYDIALL: A SAS program for Hayman's diallel analysis. Crop Science, 58: 1605-1615.
20. Manjit, S.K. 2003. Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders Haworth Press/CRC Press, Bighamton, NY, USA.pp, 348.
21. 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. Journal of Soil and Crops, 2: 128-131.
22. Mondal, A.B. and T. Dasgupta. 1998. Diallel analysis in wheat. Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 48: 167-170.
23. Sadeghi, F. 2014. Evaluation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum L*) using Diall method. Journal of Crop Breeding, 6(13): 101-113 (In Persian).
24. Sadr Abadi, d., H. Marashi and M. Nasiri Mahallati. 1991. Principles of crop cultivation. Ferdowsi University of Mashhad, 538 pp (In Persian).
25. Sarawgi, A.K., M.N. Sirvastava and B.P. Chowdhary. 1991. Partial Diallel cross analysis of yield and its related characters in rice (*O. sativa L.*) under irrigated and rainfed situations. Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 51(1): 30-36.
26. Shoshi-Dezfoli, A.A and R. Honarnezhad. 2005. Determination of gene action and heritability of some of the traits related to rice quality using graphical analysis of diallel. Iranian Journal of agricultural Science, 36(4): 813-818.
27. Soltanlou, H. 2000. Genetic analysis of resistance to yellow rust in wheat. Master thesis. Faculty of Agriculture, Tehran University (In Persian).
28. Vaezi, S.H., C. Abd-Mishani, B. Yazdi-Samadi and M.R. Ghannadha. 1999. Genetic analysis of some quantitative characteristics of maize. Iranian Journal of agricultural Science, 30(4): 839-850 (In Persian).
29. Validzadeh, M. and M. Moghaddam. 2016. Introduction to quantitative genetics. University Publishing Center Press, 558 pp (In Persian).

Investigation of Morphological and Quantitative Traits using Diallel Analysis in Bread Wheat

Mohammad Zabet¹, Amir Ebrahimzadeh², Zohreh Alizadeh³ and Alireza Samadzadeh⁴

1- Associate Profesoe, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran, (Corresponding author: mzabet@birjand.ac.ir)

2- Graturated M.Sc. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran

3 and 4- Assistant Professor and Instructor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran

Received: 13 March, 2020 Accepted: 6 October, 2021

Extended Abstract

Introduction and Objective: Wheat is one of the most important and strategic plants that is important because of nutritional value. The knowledge of genetic control and inheritance of yield components is essential to selecting the best breeding method. Therefore, comprehensive and accurate information about the genetic parameters controlling yield components should be considered in deciding to select the appropriate breeding method to maximum grain yield.

Materials and Methods: The seven genotypes, including Alvand, Anfaram9, Chamran2, Back Cross-Roshan, Ofogh, goods and local variety Sorkh-Dane and 21 hybrids from them was studied in a 7×7 one-way Diallel designs during 2015-2016.

Results: Analysis of variance showed that there was a significant difference between genotypes. Griffing's diallel analysis showed that the general and specific combining ability was significant in all traits. The best genotypes were BC-Roshan and Sorkh-Dane and the worst genotypes were Ofogh and Ghods because of general combing ability. BC-Roshan \times Chamran2 and Alvand \times Ghods were the best hybrids and Ofogh \times BC-Roshan, Ofogh \times Sorkh-Dane and Anfarm9 \times BC-Roshan were the worst hybrids in most traits. Hayman's variance analysis showed that the additive and non-additive component of variance were significant in all of the traits. Based on Hayman's variance analysis, the heterosis (b1 component was significant) and unequal frequency of dominant and recessive alleles (b2 component was significant) were seen in most traits. Based on Hayman's variance analysis, the specific combining ability (b3 component was significant) of all traits was significant and emphasized the results of Griffing analysis. The results of this research indicate that for the introduction of a new variety or varieties in the Southern Khorasan region, it is recommended to use the local variety Sorkh-Dane in crossing in the figure.

Conclusion: The present study showed that although the local cultivar Sorkh-Daneh does not have a high economic yield, but it has a high general and specific combining ability in mating with other cultivars. Therefore, it is recommended to use this local cultivar in mating with other cultivars so as not to be forgotten.

Keywords: General and specific combining ability, Griffith analysis, Hayman analysis