



"مقاله پژوهشی"

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

محمد ضابط^۱، امیر ابراهیم زاده^۲، زهره علیزاده^۳ و علیرضا صمدزاده^۴

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

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

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

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۲/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۷/۱۷

صفحه: ۲۹ تا ۳۹

چکیده مسوط

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 به‌نژادی 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 اتخاذ گردد.

مواد و روش‌ها: هفت ژنوتیپ الوند، آنفارم ۹، چمران ۲، بک کراس روشن، قدس، افق و رقم محلی سرخ‌دانه و ۲۱ دورگ حاصل از آنها در قالب طرح دای آلل یک طرفه ۷ × ۷ طی سالهای ۹۶-۱۳۹۴ مورد بررسی قرار گرفتند.

یافته‌ها: تجزیه واریانس بیانگر تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها بود. تجزیه دای آلل به روش گریفینگ نشان داد که ترکیب پذیری عمومی و خصوصی در تمامی صفات معنی‌دار بود. ژنوتیپ‌های بک کراس روشن و سرخ‌دانه ترکیب شونده‌های عمومی مطلوب و ژنوتیپ‌های افق و قدس ترکیب شونده‌های عمومی نامطلوب تشخیص داده شد. دورگ بک کراس روشن × چمران ۲ و الوند × قدس دورگ‌های مطلوب در اکثر صفات بودند و دورگ‌های افق × بک کراس روشن، افق × سرخ‌دانه و آنفارم ۹ × بک کراس روشن نامناسب‌ترین دورگ‌ها بودند. تجزیه واریانس هیمن نشان داد که جزء افزایشی و غیر افزایشی واریانس ژنتیکی در تمامی صفات معنی‌دار گردید. با توجه به معنی‌دار شدن جزء b1 و b2، در اکثر صفات هتروزیس و فراوانی نابرابر آلل‌های غالب و مغلوب دیده شد. جزء b3 که معادل ترکیب‌پذیری خصوصی گریفینگ می‌باشد در کلیه صفات معنی‌دار 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 تلاقی‌ها استفاده شود.

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

واژه‌های کلیدی: تجزیه گریفینگ، تجزیه هیمن، ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی

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 ۱۱/۵ میلیون تن برآورد می‌شود (۱۶).

هرچند افزایش عملکرد دانه مهمترین هدف به‌نژادگران در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد، اما به دلیل آنکه عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای و دارای وراثت چند ژنی است، مطالعه آن مشکل و لذا به‌نژادگران غالباً از اجزای عملکرد جهت بهبود آن استفاده می‌نمایند، هرچند که این اجزاء در عمل به‌صورت 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 این است که بتوان آنها را به اجزای متعلق به عوامل مختلف تقسیم کرد. مقدار نسبی این اجزاء مبین خصوصیات ژنتیکی جمعیت، به ویژه درجه شباهت خویشاوندان است (۲۷، ۲۹). به‌نژادگران گندم می‌توانند با استفاده از طرح‌های مختلف آمیزشی، اجزای ژنتیکی کنترل کننده صفات را در جمعیت گیاهان مورد مطالعه برآورد کنند. این طرح‌های تلاقی از حیث مواد ژنتیکی برای

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

هالور (۹) مرور 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، تلاقی‌های دای آلل، طرح‌های یک و دو و سه کامستاک واریانسون، تلاقی سه جانبه و تجزیه لاین × تستر اشاره نمود (۲۹). انتخاب دقیق روش‌های به‌نژادی، بسته به ماهیت ژنتیکی صفت مورد مطالعه متفاوت خواهد بود. نتایج حاصل از به‌کارگیری روش‌های مختلف ژنتیک کمی مانند تلاقی‌های دای آلل، پژوهشگر را به اطلاعات مورد نیاز برای برنامه‌ریزی‌های به‌نژادی رهنمون می‌کند. طرح تلاقی‌های دای آلل یکی از معمول‌ترین روش‌های برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری است. اصول و مبانی این نوع تلاقی‌ها را محققین مختلف بیان نموده‌اند (۷، ۱۰، ۱۳).

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

اصلاح عملکرد می‌شود، ضروری است. از این رو بایستی اطلاعات جامع و دقیقی از پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده اجزای عملکرد در تصمیم‌گیری برای انتخاب روش به‌نژادی مناسب جهت رسیدن به حداکثر عملکرد دانه جمع‌آوری گردد. تجزیه و تحلیل دای آلل 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 به دلیل 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 ژنوتیپ‌های مختلف گندم به منظور بررسی ژنتیکی عملکرد و صفات وابسته به آن در گندم با استفاده از تجزیه دای آلل در شرایط آب و هوایی بیرجند انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴ ژنوتیپ‌ها در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند کشت شدند تا تلاقی‌های مورد نظر انجام گردد. ژنوتیپ‌ها شامل وارسته‌های تجاری افق، قدس، الوند، بک‌کراس‌روشن، آنفارم ۹، 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 ژنوتیپ 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 دای آلل یک‌طرفه انجام و در اواخر بهار و اوایل تابستان، هم بذرهای والدینی و هم بذرهای حاصل از تلاقی (F_1) برداشت شدند. این بذرهای داخل پاکت‌های برچسب‌گذاری شده نگهداری گردید.

در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ بذرهای والدین (هفت ژنوتیپ) به همراه ۲۱ دورگ حاصل از آن‌ها، مجموعاً ۲۸ ژنوتیپ در یک طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. هر دورگ در یک خط و والدین در سه خط به طول ۱/۳ متر کشت شدند. فاصله بذرهای روی خط دو الی پنج سانتی متر، فاصله بین خط‌ها ۶۰ سانتی متر و عمق کشت بذرهای دو الی سه سانتی‌متر در نظر گرفته شد. با در نظر گرفتن اثر حاشیه‌ای، در اواخر خرداد ماه ۱۳۹۶ بوته‌های F_1 و والدین به‌وسیله دست برداشت و صفات مورد نظر شامل ارتفاع بوته (اندازه‌گیری از سطح خاک تا زیر خوشه 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 سنبلچه در سنبله (۲۲)، تعداد سنبلچه در سنبله اصلی گندم نان (۲۱)، تعداد سنبلچه 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 خوشه‌دهی 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 غالبیت ناقص در صفات تعداد سنبلچه 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 تنش خشکی 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 غالبی در توارث اکثر صفات داشت (۵). صادقی (۲۳) با بررسی خصوصیات ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد از قبیل تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن دانه در سنبله، هکتولیت، وزن هزار دانه و عملکرد دانه نشان داد که مدل افزایشی - غالبیت 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 به‌نژادگران به شمار می‌رود. تلاقی ارقام جدید و گزینش ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات مطلوب در بین نتاج آن‌ها از روش‌هایی است که همواره مورد استفاده به‌نژادگران قرار گرفته‌است (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 ۰/۵ 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 مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) 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 مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) 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 ژنوتیپ‌ها برای صفات مختلف نشان داد که ژنوتیپ‌های والدینی مختلف دارای ترکیب‌پذیری عمومی معنی‌داری در جهت مثبت و یا منفی بودند (جدول ۳). برای طول پدانکل بهترین ژنوتیپ بک‌کراس‌روشن (۱/۷۷) و بدترین ژنوتیپ افق (۲/۵۲-)، برای ارتفاع بوته بهترین ژنوتیپ سرخ‌دانه (۱۰/۰۰) و بدترین ژنوتیپ افق (۵/۳۰-)، برای وزن ساقه بهترین ژنوتیپ سرخ‌دانه (۲۵/۹۴) و بدترین ژنوتیپ قدس (۱۹/۹۵-)، برای طول سنبله بهترین ژنوتیپ الوند (۰/۵۲) و بدترین ژنوتیپ بک‌کراس‌روشن (۲۲/۳۶) و بدترین ژنوتیپ قدس (۱۹/۷-)، برای تعداد دانه در سنبله بهترین ژنوتیپ الوند (۶/۲۵) و بدترین ژنوتیپ آنفارم ۹ (۵/۹۰-)، برای تعداد سنبله در بوته بهترین ژنوتیپ سرخ‌دانه (۴/۱۷) و بدترین ژنوتیپ چمران ۲ (۲/۸۷-)، برای تعداد سنبلچه در سنبله بهترین ژنوتیپ الوند (۱/۲۵) و بدترین ژنوتیپ آنفارم ۹ (۱/۰۵-)، برای عملکرد دانه بهترین ژنوتیپ بک‌کراس‌روشن (۱۷/۰) و بدترین ژنوتیپ افق (۱۸/۶۴-)، برای عملکرد بیولوژیک بهترین ژنوتیپ آنفارم ۹ (۴۹/۸۸) و بدترین ژنوتیپ قدس (۴۰/۵۳-)، برای شاخص برداشت بهترین ژنوتیپ قدس (۰/۰۲۶) و بدترین ژنوتیپ افق (۰/۰۲۴-)، برای درصد پروتئین بهترین ژنوتیپ افق (۰/۶۲) و بدترین ژنوتیپ قدس (۰/۵۷-) و برای وزن هزار دانه بهترین ژنوتیپ بک‌کراس‌روشن (۳/۳۱) و بدترین ژنوتیپ افق (۳/۵۲-) بود.

ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفات مختلف گندم

نتایج نشان داد که تنوع بالایی در مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ‌های مورد مطالعه وجود داشت (جدول ۴). بهترین دورگ‌ها برای صفات مختلف به شرح ذیل بود. بک‌کراس‌روشن × چمران ۲ بهترین دورگ برای طول پدانکل (۶/۱۵)، وزن ساقه (۸۴/۵۲)، عملکرد دانه (۸۱/۰) و عملکرد بیولوژیک (۱۹۸/۷۳)، افق × آنفارم ۹ بهترین دورگ برای ارتفاع بوته (۱۴/۸۸)، سرخ‌دانه × قدس بهترین دورگ برای وزن سنبله (۱۱۶/۹۴)، آنفارم ۹ × سرخ‌دانه بهترین دورگ برای تعداد سنبله در بوته (۱۴/۶۲)، الوند × قدس بهترین دورگ برای طول سنبله (۳/۴)، تعداد دانه در سنبله (۱۲/۵۵) و تعداد سنبلچه در سنبله (۲/۲۵)، چمران ۲ × 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 سنبلچه در سنبله (شمارش تعداد سنبلچه 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 کرت، جدا کردن دانه‌ها و سپس توزین وزن دانه‌ها)، عملکرد بیولوژیکی (برداشت دو خط وسطی از هر کرت و محاسبه وزن کل بوته‌ها)، شاخص برداشت (تقسیم عملکرد اقتصادی به عملکرد بیولوژیکی) و درصد پروتئین به روش کج‌لدال (۱۷) اندازه‌گیری شدند.

داده‌های آزمایش در ابتدا با بررسی ضریب چولگی و کشیدگی (در بازه ۲ تا ۲- نرمال) و سپس با آزمون شاپیرو-ویلک برای نرمال بودن بررسی شدند و سپس آزمون غیریکنواختی واریانس‌های درون تیماری با استفاده از آزمون‌های بارتلت و لون انجام شد. در اولین گام، تجزیه واریانس داده‌ها صورت گرفت تا معنی‌دار بودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها آشکار گردد. با توجه به آنکه والدین به‌طور تصادفی انتخاب نشده بودند و از طرفی چون در آزمایش، F_1 ها به‌همراه 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 غالبیت ژن‌ها از طریق نسبت $2\sigma^2_{gca}/2\sigma^2_{gca} + \sigma^2_{sca}$ محاسبه شد. چنانچه این نسبت برابر ۱ شود به مفهوم این است که تمامی اثرات، ناشی از اثرات افزایشی می‌باشد. چنانچه این نسبت برابر ۰/۵ باشد به این معنی است که واریانس اثرات افزایشی و غیر افزایشی برابرند و چنانچه این نسبت کمتر از ۰/۵ شود گویای نقش مؤثرتر اثرات غیر افزایشی (غالبیت، فوق غالبیت و اپیستازی) در کنترل این صفات می‌باشد. پارامترهای ژنتیکی به روش همین برآورد گردید. تجزیه همین 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 نرم‌افزارهای 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 ژنوتیپ‌ها 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 (۰/۵۴) تقریباً برابر با ۰/۵ از مقدار ۰/۵ بیشتر بود، لذا می‌توان چنین نتیجه گرفت که برای کلیه صفات مورد بررسی نقش اثرات افزایشی ژن‌ها بیشتر از نقش اثرات غیرافزایشی (غالبیت فوق غالبیت، اپیستازی) می‌باشد. لذا استفاده از روش‌های اصلاحی مبتنی بر انتخاب، نظیر انتخاب دوره‌ای جهت بهبود صفات

الوند × سرخ‌دانه بدترین دورگ برای تعداد سنبله در بوته (-۷/۳۳)، افق × بک‌کراس‌روشن بدترین دورگ برای وزن سنبله (-۸۴/۱۶)، وزن ساقه (۷۱/۹۹) و عملکرد بیولوژیک (-۱۴۷/۳۰)، آنفارم ۹ × 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 (-۳/۴۰) 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 ۹ × قدس بهترین دورگ برای وزن هزار دانه (۶/۷۷) بود. 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 (-۱۹/۴۴) و تعداد سنبلچه در سنبله (-۲/۲۹)، 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	میانگین مربعات صفات						
		طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	تعداد پنجه‌ها	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله
تکرار	۲	۱۲۰/۹۲**	۱۵۰/۶۴**	۳۸۰/۷۱ ^{ns}	۲۴۵۵۵/۴۴**	۱۰/۰۸**	۱۲۳۱۱/۸۳**	۶۱۳/۴۴**
ژنوتیپ	۲۷	۳۱/۷۸**	۳۸۱/۴۳**	۳۰۷/۴۱ ^{ns}	۹۴۴۱/۹۵**	۲/۸۱**	۹۳۹۷/۹۴**	۳۸۲/۲۳**
خطا	۵۴	۰/۰۹	۲/۲۸	۱۸۹/۳۶ ^{ns}	۱۲۱/۱۸	۰/۰۰	۰/۱۸	۰/۱۷

ادامه جدول ۱

Continued Table 1

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات صفات						
		تعداد سنبله در بوته	تعداد سنبلچه در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزاردانه (گرم)
تکرار	۲	۳۷۲/۰۷**	۹۶/۷۶**	۹۴۰/۲۴**	۳۴۱۷۷/۷۳**	۰/۰۰۹**	۶۶/۶۵**	۳۹۸/۷۳**
ژنوتیپ	۲۷	۱۲۰/۵۲**	۸/۲۱**	۴۷۱۱/۷۴**	۳۴۵۵۶/۲۰**	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	میانگین مربعات صفات						
		تعداد سنبله در بوته	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته
تکرار	۲	۱۲۰/۹۰**	۱۵۰/۷۰**	۲۴۵۵۵/۴۴**	۱۰/۰۸**	۱۲۳۱۱/۸۰**	۶۱۳/۴۷**	۳۷۲/۰۷**
ترکیب‌پذیری عمومی	۶	۵۶/۱۱**	۳۳۲/۴۰**	۱۱۶۷۲/۴۱**	۳/۲۱**	۸۱۵۰/۶۶**	۱۴۸/۴۹**	۱۴۸/۴۸**
ترکیب‌پذیری خصوصی	۲۱	۲۴/۷۳**	۲۸۱/۱۵**	۸۰۴/۷۱**	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

ادامه جدول ۲

Continued Table 2

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات صفات					
		تعداد سنبلچه در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزاردانه (گرم)
تکرار	۲	۹۶/۷۱**	۹۴۰/۲۴**	۳۴۱۷۷/۷۳**	۰/۰۰۹**	۶۶/۵۵**	۳۹۸/۷۱**
ترکیب‌پذیری عمومی	۶	۱۹/۱۱**	۳۸۷۲/۵**	۴۱۲۵۲/۴۱**	۰/۰۰۸۳**	۵/۷۷**	۱۹۷/۱۷**
ترکیب‌پذیری خصوصی	۲۱	۵/۰۴**	۴۹۵/۱۵**	۳۲۶۴۲/۷۸**	۰/۰۰۵**	۹/۷۲**	۶۰/۸۸*
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 مرتبط با عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم

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

ژنوتیپ‌های گندم	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته
الوند	-۰/۲۶**	۲/۹۴**	-۱۵/۵۳**	۰/۵۳**	-۱۵/۹۰**	۶/۲۵**	-۱/۴۶**
افق	-۲/۵۲**	-۵/۳۹**	-۱۶/۳۵**	-۰/۲۳**	-۱۵/۳۸**	-۰/۱۶*	-۱/۱۱**
آنفارم ۹	۱/۶۲**	-۳/۶۶**	۲۴/۸۷**	-۰/۵۴**	۲۱/۶۹**	-۵/۹۰**	۱/۷۸**
بک‌کراس‌روشن	۱/۷۷**	-۰/۶۱**	۱۴/۵۷**	۰/۰۴**	۲۲/۳۶**	-۰/۴۹**	-۰/۳۴**
چمران ۲	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	-۱۳/۵۴**	-۰/۱۵**	-۴/۳۱**	-۱/۹۴**	-۲/۸۷**
قدس	-۰/۵۴**	-۳/۳۵**	-۱۹/۹۵**	۰/۱۱**	-۱۶/۴۲**	۵/۳۶**	-۰/۸۶**
سرخ‌دانه	-۰/۰۹ ^{ns}	۱/۰۰**	۲۵/۹۴**	۰/۲۵**	۷/۹۵**	-۳/۱۲**	۴/۱۷**

جدول ۳- مقادیر ترکیب پذیری عمومی صفات مرتبط 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 ^{**}	-۸/۳۷ ^{**}	-۳۵/۰۳ ^{**}	۰/۰۰۴ ^{NS}	-۰/۱۸ ^{**}	-۰/۴۳ ^{NS}
افق	-۰/۲۵ ^{**}	-۱۸/۶۴ ^{**}	-۳۴/۱۲ ^{**}	-۰/۰۲۳ ^{**}	-۰/۶۲ ^{**}	-۳/۵۲ ^{**}
آنفارم ۹	-۱/۰۵ ^{**}	۱۰/۳۰ ^{**}	۴۹/۸۸ ^{**}	-۰/۰۰۸ ^{**}	-۰/۲۷ ^{**}	۲/۳۳ ^{**}
بک کراس روشن	-۰/۹۰ ^{**}	۱۷/۰۰ ^{**}	۳۴/۵۸ ^{**}	۰/۰۱۳ ^{**}	-۰/۱۲ ^{**}	۳/۳۱ ^{**}
چمران ۲	-۰/۳۱ ^{**}	۰/۱۷	-۱۱/۱۶ ^{**}	۰/۰۰۷ ^{**}	-۰/۳۹ ^{**}	۲/۲۸ ^{**}
قدس	-۰/۱۵ ^{**}	-۵/۱۴ ^{**}	-۴۰/۵۳ ^{**}	۰/۰۲۶ ^{**}	-۰/۵۷ ^{**}	-۱/۰۳ ^{NS}
سرخ دانه	۰/۸۰ ^{**}	۴/۶۷ ^{**}	۳۶/۳۹ ^{**}	-۰/۰۱۸ ^{**}	۰/۵۵ ^{**}	-۲/۹۴ ^{**}

جدول ۴- مقادیر ترکیب پذیری خاصی صفات مرتبط با عملکرد در دورگ‌های مختلف گندم

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

ژنوتیپ‌های گندم	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته
الوند × افق	-۵/۲۸ ^{**}	۹/۳۱ ^{**}	۷/۷۹ ^{**}	-۰/۴۶ ^{**}	۱۹/۱۰ ^{**}	۰/۰۶ ^{NS}	۱/۵۵ ^{**}
الوند × آنفارم ۹	۱/۱۸ ^{**}	-۰/۷۱ ^{NS}	۲۱/۹۰ ^{**}	-۰/۳۵ ^{**}	۴۷/۰۳ ^{**}	۶/۸۱ ^{**}	-۵/۳۴ ^{**}
الوند × بک کراس روشن	۰/۰۳ ^{NS}	-۰/۹۱ ^{NS}	۳۲/۱۹ ^{**}	-۰/۷۳ ^{**}	۴۶/۲۶ ^{**}	۰/۴۰ ^{NS}	۵/۶۰ ^{**}
الوند × چمران ۲	-۳/۲۳ ^{**}	-۱۳/۳۳ ^{**}	۵/۶۴ ^{**}	۰/۰۵ ^{**}	-۴۶/۹۷ ^{**}	-۱۱/۱۶ ^{**}	-۳/۵۳ ^{**}
الوند × قدس	۰/۶۸ ^{**}	۴/۸۰ ^{**}	-۲۷/۹۵ ^{**}	۳/۴۰ ^{**}	-۴۹/۸۶ ^{**}	۱۲/۵۵ ^{**}	۱۱/۶۴ ^{**}
الوند × سرخ دانه	۴/۰۵ ^{**}	-۵/۴۷ ^{**}	-۳۱/۸۷ ^{**}	-۰/۷۲ ^{**}	۵/۰۶ ^{**}	۹/۰۲ ^{**}	-۱۷/۳۳ ^{**}
افق × آنفارم ۹	۳/۶۴ ^{**}	۱۴/۸۸ ^{**}	۱۵/۷۱ ^{**}	۰/۰۰ ^{NS}	۰/۸۴ ^{**}	۰/۵۵ ^{**}	-۰/۶۹ ^{**}
افق × بک کراس روشن	-۱/۰۱ ^{**}	-۱/۲۴ ^{NS}	-۷۱/۹۹ ^{**}	-۰/۱۸ ^{**}	-۸۴/۱۶ ^{**}	۶/۱۴ ^{**}	-۴/۷۵ ^{**}
افق × چمران ۲	-۰/۵۶ ^{**}	-۰/۲۳ ^{NS}	-۳۸/۸۸ ^{**}	۰/۸۱ ^{**}	-۲۷/۴۹ ^{**}	۰/۵۸ ^{**}	-۰/۲۱ ^{NS}
افق × قدس	-۱/۷۶ ^{**}	۰/۷۰ ^{NS}	۳۲/۵۳ ^{**}	-۰/۴۵ ^{**}	-۱۰/۳۸ ^{**}	۵/۹۵ ^{**}	-۳/۵۵ ^{**}
افق × سرخ دانه	۲/۲۰ ^{**}	-۱۹/۰۴ ^{**}	-۴/۰۹ ^{**}	۰/۱۰ ^{**}	۱۸/۸۲ ^{**}	-۱۹/۴۳ ^{**}	-۰/۱۸ ^{**}
آنفارم ۹ × بک کراس روشن	۳/۴۵ ^{**}	-۳/۷۰ ^{**}	-۶۷/۸۸ ^{**}	-۰/۰۷ ^{**}	-۵۱/۲۳ ^{**}	-۶/۴۵ ^{**}	-۶/۱۴ ^{**}
آنفارم ۹ × چمران ۲	۲/۳۷ ^{**}	۲/۱۴ ^{**}	-۶۵/۱۰ ^{**}	-۰/۲۸ ^{**}	-۴۹/۹۰ ^{**}	۷/۳۲ ^{**}	-۶/۹۳ ^{**}
آنفارم ۹ × قدس	۱/۹۳ ^{**}	۲/۴۱ ^{**}	-۱۸/۶۹ ^{**}	-۰/۲۳ ^{**}	-۵۷/۴۵ ^{**}	-۴/۶۴ ^{**}	-۴/۴۴ ^{**}
آنفارم ۹ × سرخ دانه	-۲/۵۱ ^{**}	۱/۹۴ ^{**}	۳۷/۲۴ ^{**}	-۰/۵۳ ^{**}	۲۱/۹۴ ^{**}	-۲/۲۰ ^{**}	۱۶/۶۲ ^{**}
بک کراس روشن × چمران ۲	۶/۱۵ ^{**}	۵/۶۵ ^{**}	۸۴/۵۳ ^{**}	۰/۲۳ ^{**}	۱۱۴/۴۴ ^{**}	۰/۹۲ ^{**}	۶/۵۱ ^{**}
بک کراس روشن × قدس	-۰/۰۵ ^{NS}	-۲/۱۱ ^{**}	-۶۳/۰۶ ^{**}	-۰/۵۲ ^{**}	-۳۸/۴۵ ^{**}	-۸/۷۱ ^{**}	-۵/۱۶ ^{**}
بک کراس روشن × سرخ دانه	۱/۱۷ ^{**}	۵/۳۱ ^{**}	۶۵/۸۰ ^{**}	۱/۰۰ ^{**}	۱۴/۹۴ ^{**}	۷/۲۴ ^{**}	۰/۴۵ ^{**}
چمران ۲ × قدس	-۴/۲۰ ^{**}	-۵/۴۴ ^{**}	-۷۱/۲۹ ^{**}	-۱/۴۰ ^{**}	-۵۱/۴۵ ^{**}	۲/۴۰ ^{**}	-۶/۱۲ ^{**}
چمران ۲ × سرخ دانه	۰/۴۶ ^{**}	۱۱/۰۷ ^{**}	۴۶/۸۰ ^{**}	-۰/۲۵ ^{**}	۳۴/۹۴ ^{**}	-۰/۴۳ ^{NS}	۷/۳۹ ^{**}
سرخ دانه × قدس	۲/۲۱ ^{**}	-۲/۶۳ ^{**}	۱۷/۰۱ ^{**}	-۰/۸۱ ^{**}	۱۱۶/۹۴ ^{**}	-۳/۶۵ ^{**}	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	-۰/۸۳ ^{**}	۷/۰۰ ^{**}	۳۷/۶۴ ^{**}	-۰/۰۰۷ ^{NS}	۱/۱۲ ^{**}	۶/۰۱ ^{**}
الوند × آنفارم ۹	-۰/۶۳ ^{**}	۲۹/۱۰ ^{**}	۳۳/۶۴ ^{**}	۰/۰۴ ^{**}	-۰/۴۹ ^{**}	۱/۶۶ ^{NS}
الوند × بک کراس روشن	-۰/۳۷ ^{**}	۴۹/۰۷ ^{**}	۸۸/۹۴ ^{**}	۰/۰۴۳ ^{**}	-۰/۹۸ ^{**}	-۱۰/۳۵ ^{**}
الوند × چمران ۲	۱/۶۱ ^{**}	-۳۰/۲۷ ^{**}	-۴۱/۲۲ ^{**}	-۰/۰۴۵ ^{**}	-۰/۲۴ ^{NS}	-۲/۷۳ ^{NS}
الوند × قدس	۲/۲۵ ^{**}	-۳۳/۱۹ ^{**}	-۶۲/۹۵ ^{**}	-۰/۰۳۷ ^{**}	۱/۲۱ ^{**}	۱/۴۱ ^{NS}
الوند × سرخ دانه	-۰/۸۶ ^{**}	-۳/۶۴ ^{NS}	-۲۴/۲۵ ^{**}	۰/۰۱۹ ^{**}	-۰/۰۸ ^{NS}	۵/۹۱ ^{**}
افق × آنفارم ۹	۱/۶۸ ^{**}	۲۵/۵۲ ^{**}	۲۲/۰۷ ^{**}	۰/۰۴۸ ^{**}	-۳/۴۰ ^{**}	۱/۷۲ ^{NS}
افق × بک کراس روشن	۱/۴۳ ^{**}	-۴۶/۵۳ ^{**}	-۱۴۷/۳۰ ^{**}	۰/۰۰۸ ^{NS}	۰/۴۱ ^{NS}	۰/۷۴ ^{NS}
افق × چمران ۲	۰/۹۴ ^{**}	-۴۴/۹۳ ^{**}	-۶۶/۲۳ ^{**}	-۰/۰۷۷ ^{**}	-۰/۳۵ ^{NS}	-۳/۰۶ ^{NS}
افق × قدس	-۰/۰۳ ^{NS}	۳/۹۸ ^{NS}	۳/۴۷ ^{**}	۰/۰۱۱ ^{NS}	-۱/۷۶ ^{**}	-۲/۸۶ ^{NS}
افق × سرخ دانه	-۲/۲۹ ^{**}	۰/۴۴ ^{NS}	-۱/۷۲ ^{**}	-۰/۰۱۱ ^{NS}	۳/۹۹ ^{**}	-۲/۳۷ ^{NS}
آنفارم ۹ × بک کراس روشن	-۰/۶۷ ^{**}	-۵۸/۸۳ ^{**}	-۱۱۵/۳۰ ^{**}	-۰/۰۶۳ ^{**}	۲/۷۴ ^{**}	۵/۷۰ ^{**}
آنفارم ۹ × چمران ۲	-۱/۹۹ ^{**}	-۲۸/۹۴ ^{**}	-۸۹/۹۰ ^{**}	-۰/۰۰۳ ^{NS}	۲/۲۴ ^{**}	۰/۳۶ ^{NS}
آنفارم ۹ × قدس	-۱/۵۸ ^{**}	-۲۵/۲۶ ^{**}	-۷۰/۵۳ ^{**}	-۰/۰۱۵ ^{**}	-۲/۱۷ ^{**}	۶/۷۷ ^{**}
آنفارم ۹ × سرخ دانه	۲/۰۱ ^{**}	۴۳/۰۹ ^{**}	۱۰۶/۲۸ ^{**}	۰/۰۲۷ ^{**}	-۰/۳۳ ^{NS}	-۱۰/۵۷ ^{**}
بک کراس روشن × چمران ۲	-۰/۱۸ ^{**}	۸۱/۰۰ ^{**}	۱۹۸/۷۳ ^{**}	-۰/۰۲۳ ^{**}	-۱/۸۱ ^{**}	۳/۱۵ ^{NS}
بک کراس روشن × قدس	-۱/۵۷ ^{**}	-۱/۶۶ ^{**}	-۹۰/۹۰ ^{**}	۰/۰۳۱ ^{**}	-۰/۲۹ ^{NS}	۲/۱۵ ^{NS}
بک کراس روشن × سرخ دانه	۱/۶۵ ^{**}	۸/۶۱ ^{**}	۷۲/۱۷ ^{**}	-۰/۰۲۴ ^{**}	-۰/۷۶ ^{**}	-۱/۹۴ ^{NS}
چمران ۲ × قدس	۰/۴۱ ^{**}	-۳۳/۴ ^{**}	-۱۲۶/۱۶ ^{**}	۰/۰۵۳ ^{**}	۱/۶۸ ^{**}	-۱/۷۹ ^{NS}
چمران ۲ × سرخ دانه	-۰/۴۰ ^{**}	۳۴/۳۵ ^{**}	۶۹/۳۹ ^{**}	۰/۰۳۶ ^{**}	-۱/۲۶ ^{**}	۱/۴۰ ^{NS}
سرخ دانه × قدس	۰/۰۹ ^{NS}	۶۱/۰۵ ^{**}	۱۹۲/۵۰ ^{**}	-۰/۰۲۴ ^{**}	۰/۹۱ ^{**}	-۲/۴۱ ^{NS}

تجزیه واریانس هیمن برای صفات مختلف گندم

جزء a که تنوع ژنتیکی افزایشی را نشان می‌دهد در تمامی صفات مختلف معنی‌دار گردید. بنابراین واریانس ژنتیکی افزایشی در وراثت‌پذیری تمامی صفات نقش دارد. این جزء تخمینی از ترکیب‌پذیری عمومی گریفینگ است. جزء b نیز در تمامی صفات معنی‌دار شد. این جزء دال بر غالبیت است و بنابراین واریانس غالبیت در وراثت‌پذیری کلیه صفات نقش داشت. جزء b_1 در همه صفات به استثنای وزن هزار دانه معنی‌دار شد. این جزء مقایسه والدین در برابر تلاقی‌ها را مورد بررسی قرار می‌دهد و نشان‌دهنده هتروزیس می‌باشد، بنابراین در همه صفات هتروزیس مورد انتظار است. جزء b_2 که هتروزیس خاص هر والد را نشان می‌دهد در تمامی صفات به استثنای وزن هزار دانه معنی‌دار شد، بنابراین در تمامی صفات فراوانی آل‌های غالب و مغلوب نابرابر است. جزء b_3 که بخشی از انحراف غالبیت خاص هر تلاقی را اندازه‌گیری می‌کند در تمامی صفات معنی‌دار شد. جزء b_3 معادل ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است و معنی‌دار بودن آن نشان‌دهنده معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است. با توجه معنی‌دار شدن جزء a و b_3 در کلیه صفات و معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در تجزیه گریفینگ نتایج این دو تجزیه همدیگر را مورد تأیید قرار دادند. با توجه به آنکه در اینجا دای آل یک‌طرفه 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

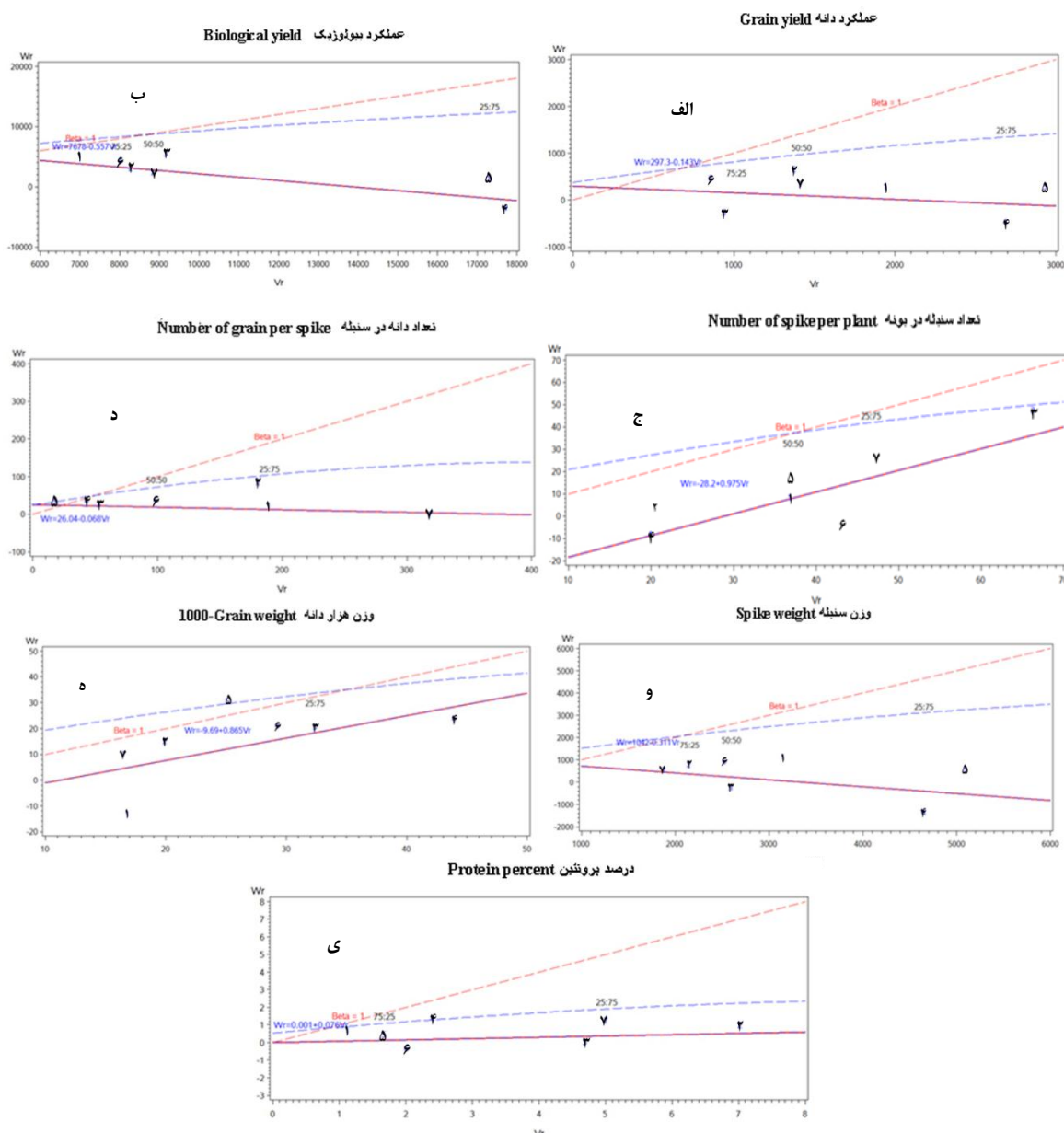
برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه نشان داد که D یا اندازه اثرات افزایشی کلیه صفات به‌جز ارتفاع بوته، تعداد سنبله در بوته و تعداد سنبلچه در سنبله معنی‌دار نشد، در نتیجه در اکثر صفات عمل افزایشی ژن‌ها مهم و موثر نبود. H_1 یا اندازه اثرات غالبیت که نشان‌دهنده واریانس غالبیت است در کلیه صفات به‌جز طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه معنی‌دار گردید، لذا در کلیه این صفات عمل غیر افزایشی ژن‌ها نیز مهم و تأثیر گذار بوده است. H_2 یا اندازه اثرات غالبیت که در صورت فراوانی مساوی آل‌های افزایشی و کاهنده مانند H_1 است در کلیه صفات به‌جز طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه معنی‌دار گردید، لذا توزیع نامتقارن ژن‌ها با اثرات مثبت و منفی در والدین در مورد کلیه صفات به استثنای صفات فوق‌الذکر وجود داشت. F که مبین متوسط کوواریانس اثرات افزایشی در غالبیت است در کلیه صفات معنی‌دار نگردید. لذا در کلیه صفات فراوانی آل‌های غالب و مغلوب مساوی است. E یا واریانس محیطی در تمامی صفات مختلف معنی‌دار نشد و فقط در وزن هزار دانه معنی‌دار شد، به عبارتی اثر محیط در کلیه این صفات تأثیرگذار 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 اشتباهی رخ داده است. h^2_p یا وراثت‌پذیری عمومی بین حداقل ۰/۹۰ برای عملکرد دانه تا

حداکثر ۰/۹۹ برای اکثر صفات متغیر بود. با توجه به این که این پارامتر سهم واریانس ژنتیکی را از واریانس فنوتیپی کل نشان می‌دهد، لذا مقادیر بالای این پارامتر در کلیه صفات نشان‌دهنده سهم بالای واریانس ژنتیکی است. h^2_p یا وراثت‌پذیری خصوصی که سهم واریانس ژنتیکی افزایشی را از واریانس فنوتیپی کل می‌رساند بین حداقل ۰/۱۳ برای درصد پروتئین تا حداکثر ۰/۴۳ برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله در بوته متغیر بود. با توجه به آن که مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برای عملکرد دانه ۰/۲۵ بوده و وراثت‌پذیری عمومی ۰/۹۰ می‌باشد، لذا تأثیر محیط در این صفت بسیار بالا بود. از طرفی وراثت‌پذیری 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 W_I در برابر V_I 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 W_I را در بالای مبدأ، در صفات تعداد سنبله در بوته و وزن هزار دانه خط رگرسیون محور را در پایین‌تر 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 غالبیت می‌باشد و غالبیت ناقص وجود دارد. در صفات تعداد سنبله در بوته و وزن هزار دانه $D < H_1$ می‌باشد، لذا واریانس غالبیت نقش مهمتری از واریانس افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت دارد و فوق‌غالبیت حکم وجود دارد. در صفت درصد پروتئین $D = H_1$ می‌باشد، لذا واریانس افزایشی و غالبیت توأم در کنترل ژنتیکی صفت نقش دارد و غالبیت کامل وجود دارد. با توجه به آنکه نقاط نزدیک به مبدأ نشان‌دهنده آن است که آن والد دارای اکثر ژن‌های غالب و نقاط دور از مبدأ نشان‌دهنده 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.



شکل ۱- خط رگرسیون W_r/V_r برای صفات مختلف. ارقام: ۱- الوند ۲- افق ۳- آنفارم ۴- بک کراس روشن ۵- چمران ۶- قدس ۷- سرخدانه
Figure 1- W_r/V_r Regression line for different traits
Varieties: 1-Alvand 2-Ofogh 3-Anfarm 4-Backcross Roshan 5-Chamran 6-Ghods 7-Sorkh-daneh

نتایج و بحث

قدس دورگ‌های مناسبی در اکثر صفات بود و دورگ‌های افق × بک کراس روشن، افق × سرخدانه و آنفارم ۹ × بک کراس روشن دورگ‌های نامناسبی در مطالعه کنونی بودند. با توجه به این که دورگ حاصل از والد بک 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 مربعات 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

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

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 H_1 نشان داد که در کلیه صفات سهم اثرات غالبیت بیشتر از افزایشی بود و هتروزیس برای اصلاح این صفات می‌تواند مؤثر باشد. معنی‌دار بودن جزء b_1 (که نشان دهنده هتروزیس است) برای اکثر صفات چنین چیزی را تایید می‌کند. در کلیه صفات با توجه به معنی‌دار بودن b_3 که نوعی اثرات غیرافزایشی را نشان می‌دهد، تولید هیبرید و استفاده از پدیده هتروزیس می‌تواند روش مناسبی در بهبود این صفات باشد، هرچند هتروزیس در گیاه خودگشنی مثل گندم زیاد قابل توجه 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 تاناچ (۱۲) و چودری (۴) برای صفت عملکرد دانه و مطالعه ساراجی (۲۵) برای صفت عملکرد بیولوژیک یا نتایج این تحقیق مطابقت داشت. مطالعات موندال و داسگوپتا (۲۲) برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله، مطالعه میشر (۲۱) برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله اصلی گندم نان، مطالعه لی و کالتسیکس (۱۸) برای صفت تعداد سنبلچه 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

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 ترکیب‌پذیری عمومی گریفینگ است) و واریانس غالبیت (جزء b) تمامی صفات مختلف معنی‌دار گردید و در اکثر صفات هتروزیس (جزء b_1 معنی‌دار بود) مورد انتظار است و در اکثر صفات (جزء b_2 معنی‌دار بود) فراوانی آل‌های غالب و مغلوب مساوی است. جزء b_3 که معادل ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است معنی‌دار گردید و نتایج حاصل از آن را مورد تاکید قرار داد. وراثت‌پذیری خصوصی عملکرد دانه نسبتاً پایین و وراثت‌پذیری 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 بایستی علاوه بر خود این صفت به صفات وابسته و به‌خصوص اجزای عملکرد دانه توجه نمود.

نتیجه‌گیری کلی

آنچه مسلم است این است که در طی سالیان اخیر کلیه کشاورزان اعم از عمده و خرده مالکین خراسان جنوبی به کشت ارقام تجاری ترغیب 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 دارای عملکرد اقتصادی بالایی نمی‌باشد ولی دارای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی بالایی در آمیزش با سایر ارقام می‌باشد. بنابراین توصیه می‌گردد که از این رقم محلی در تلاقی با سایر ارقام استفاده گردد تا از این طریق به بوته فراموشی سپرده نشود.

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

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

منابع	درجه آزادی	میانگین مربعات صفات						
		طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته
تکرار	۲	۱۲۰/۹۰**	۱۵۰/۶۴**	۲۴۵۵۵/۴۶**	۱۰/۰۸**	۱۲۳۱/۱۸**	۶۱۳/۴۷**	۲۷۲/۰۷**
a	۶	۱۱۷/۳۳**	۱۰۵۸/۵۵**	۱۸۳۳۹/۶۶**	۷/۱۷**	۱۸۴/۸/۸**	۱۰۹۰/۶۶**	۳۳۶/۸۶**
b	۲۱	۲/۳۳**	۴۸۷/۰۳**	۱۴۶۳۲/۸۶**	۵/۰۹**	۱۶۲۵۳/۳۳**	۶۱۵/۳۳**	۱۹۷/۵۰**
b_1	۱	۳۱/۴۱**	۳۵۵/۵۵**	۵۵۶۵۰/۸۳**	۰/۰۲**	۲۴۴۳۱/۰۱**	۲۴۲/۰۰**	۳۵۰/۳۴**
b_2	۶	۵۲/۹**	۳۹۴/۲۱**	۶۲۳۰/۹۱**	۲/۰۷**	۱۵۰۱۰/۸۰**	۳۷۶/۴۴**	۹۴/۵۱**
b_3	۱۴	۴۴/۴۴**	۵۳۶/۲۰**	۱۵۳۰۳/۸۴**	۶/۷۵**	۱۶۲۰/۱/۷۱**	۷۴۴/۳۸**	۲۳۰/۸۳**
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	میانگین مربعات صفات					
		تعداد سنبلچه در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)
تکرار	۲	۹۶/۷۱**	۹۴۰/۰۲**	۳۴۱۷۷/۷۷**	۰/۰۱۰**	۶۶/۵۵**	۳۹۸/۷۱**
a	۶	۳۶/۷۶**	۱۱۶۷۶/۰۷**	۴۷۶۳۰/۴۹۲**	۰/۰۱۴**	۱۱/۱۱**	۳۲۰/۶۸**
b	۲۱	۹/۲۶**	۸۷۴۹/۹۲**	۱۱۳۵۷۱/۰۶**	۰/۰۰۹**	۱۸/۹۳**	۱۱۱/۸۳**
b_1	۱	۲/۳۳**	۶۹۸۰/۰۳**	۱۳۱۹۳۱/۶۱**	۰/۰۰۴**	۱/۱۳**	۳۰/۱۹ ^{ns}
b_2	۶	۴/۶۷**	۶۶۵۷/۵۴**	۲۴۵۳۲/۲۶**	۰/۰۰۴**	۳/۰۵**	۵۵/۸۳ ^{ns}
b_3	۱۴	۱۱/۷۲**	۹۷۷۳/۱۲**	۷۵۸۳۹۴/۸۱**	۰/۰۱۲**	۲۶/۹۹**	۱۴۱/۶۶**
خطا	۹۶	۰/۰۲	۱۹۶/۹۰	۱۳۰/۷۴	۰/۰۰۰	۰/۱۱	۳۴/۵۱

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف در ژنوتیپ‌های گندم

Table 6. Genetic parameters of different traits in wheat genotypes

پارامترهای ژنتیکی	طول پدانکل (سانتیمتر)	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	وزن ساقه (گرم)	طول سنبله (سانتیمتر)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبله در بوته
E	۰/۱۱±۱/۳۲	۱/۴۳±۱۸/۸۸	۷۰/۳±۴۵۸/۶	۰/۰۰۰۲±۰/۳۳	۰/۱۶±۴۸۴/۲	۰/۱۷±۳۱/۲۵	۰/۱۴±۲/۸
D	۴/۰۲±۳/۷۴	۱۹۷/۹۸±۵۳/۴۲	۲۷۵۱/۸±۱۲۹۷/۲	۰/۱۳±۰/۹۵	۲۰۷۷/۱±۱۳۶۹/۶	۵۵/۰۰±۸۸/۴۱	۳۷/۴±۷/۹
F	۰/۳۰±۸/۹۷	۱۸۷/۸۴±۱۲۸/۱۶	۲۴۵۸/۶±۳۱۱۱/۹	۰/۰۰±۲/۳۰	۳۸۹۷/۸±۳۲۸۵/۷	۴۰/۶۸±۲۱۲/۰۹	۳۷/۳±۱۸/۹
H ₁	۳۶/۸±۹/۰۱	۴۱۴/۶۵±۱۲۸/۶۲	۱۱۰۴۷/۷±۳۱۲۲/۹	۳/۸۹±۲/۳۰	۱۴۴۰۹/۱±۳۲۹۷/۴	۴۹۹/۲۷±۲۱۲/۸۵	۱۵۳/۷±۱۹/۰
H ₂	۲۹/۴±۷/۹۴	۳۲۱/۸۲±۱۱۳/۳۳	۹۶۱۴/۴±۲۷۵۱/۷	۳/۳۹±۲/۰۳	۱۰۸۳۵/۲±۲۹۰۵/۴	۴۰۹/۸۷±۱۸۷/۵۵	۱۳۱/۳±۱۶/۸
h _b	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۷	۰/۹۹	۰/۹۹	۰/۹۹	۰/۹۹
h _v	۰/۴۲	۰/۳۸	۰/۲۵	۰/۲۷	۰/۲۴	۰/۳۳	۰/۲۵
h _n							

ادامه جدول ۶

Continued Table 6

پارامترهای ژنتیکی	تعداد سنبله در سنبله	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	درصد پروتئین (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)
E	۰/۰۲±۰/۱۷	۱۹۶/۹±۲۷۱/۹	۱/۳۶±۱۵۹۵/۹	۰/۰۰۰۲±۰/۰۰۰۲	۰/۱۱±۰/۵۶	۳۵/۵۱±۷/۰۳
D	۱/۳۲±۰/۴۸	۴۷۲/۸±۷۶۹/۲	۸۶۱۲/۷±۵۵۴۳/۵	۰/۰۰۱۳±۰/۰۰۰۵	۰/۶۰±۱/۵۸	۰/۳۸±۸/۵۸
F	۰/۰۰±۱/۱۵	۸۶۱/۶±۱۸۴۵/۴	۱۰۷۸۹/۵±۱۳۳۹۸/۷	۰/۰۰۰۸±۰/۰۰۱۲	۰/۲۳±۳/۸	۰/۰۰±۲۰/۵۹
H ₁	۷/۲۲±۱/۱۶	۶۸۸۳/۹±۱۸۵۱/۹	۴۵۷۸۸/۷±۱۳۳۴۵/۸	۰/۰۰۶۶±۰/۰۰۱۲	۱۳/۰±۳/۸	۰/۰۰±۲۰/۶۶
H ₂	۶/۱۲±۱/۰۲	۵۴۳۹/۵±۱۶۳۱/۸	۳۶۰۵۱/۸±۱۱۷۵۹/۵	۰/۰۰۵۸±۰/۰۰۱۰	۱۲/۳±۳/۴	۵/۵۲±۱۸/۲۰
h _b	۰/۹۹	۰/۹۰	۰/۹۹	۰/۹۳	۰/۹۷	۰/۰۳
h _v	۰/۴۳	۰/۲۵	۰/۲۹	۰/۲۹	۰/۱۳	۰/۰۷
h _n						

منابع

- Azar Ghalleh. 2019. Available at <http://azarghalleh.com/wheat-history/>.
- Baker, R.J. 1978. Issues in diallel analysis. *Crop Sci.*, 18:533-537
- Borghini, 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.
- Chowdhary, M.H., M.T. Arshad, G.M. Subhani and I. Khaliq. 1997. Inheritance of some polygenic traits in hexaploid spring wheat. *Journal of Animal and Plant Sciences* 7(3): 77-79.
- 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).
- Golparvar, A., S. Mottaghi and A. Lotfifar. 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).
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to Diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Science*, 9: 463-493.
- Griffing, B. 1956b. A generalized treatment of the use of Diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10: 31-50.
- Haluber, A.R. and J.B. Miranda. 1982. *Quantitative genetic in maize breeding*. The Iowa State University. Ames, Iowa, 113 pp.
- Hayman, B. I. 1954a. The theory and analysis of Diallel crosses. *Genetics* 39: 789- 809.
- Heidari Rudbali, M., Abdolshahi, 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).
- Ikram, U.H. and L.Tanach. 1991. Diallel analysis of grain yield and other agronomic traits in durum wheat. *Rachis*, 10: 8-13.
- Jinks, J.L. and B.I. Hayman. 1953. The analysis of Diallel crosses. *Maize Genetics Coop. News Letter*, 27: 48-54.
- 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).
- 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).
- 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. Crossa and J. Burgueño. 2018. SASHAYDIAL: 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, Binghamton, 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 Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran, (Corresponding author: mzabet@birjand.ac.ir)

2- Graduated 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 combining ability. BC-Roshan \times Chamran2 and Alvand \times Ghods were the best hybrids and Ofogh \times BC-Roshan, Ofogh \times Sorkh-Dane and Anfaram9 \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, Griffing analysis, Hayman analysis