دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

تجزیه ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد دانه گندم نان با استفاده از روش دای‌آلل هیمن

سعید باقری‌کیا[۱]، حبیب‌اله سوقی[۲] و منوچهر خدارحمی[۳]

۱- بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، (نویسنده مسول: s.bagherikia@gmail.com)
۲- بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
۳- موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۹/۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۰/۱۲
صفحه: ۱ تا ۹

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: با آزمون نتاج حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل می‌توان عمل ژن‌ها و توارث صفات کمی را برآورد نمود این کار باعث افزایش توانایی گزینش لاین‌های والدی جهت شرکت در تلاقی‌ها می‌شود و نحوه مدیریت نسل‌ها در جمعیت‌های در حال تفرق تعیین می‌کند.

مواد و روش‌ها: به‌منظور شناخت ساختار ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای عملکرد، هفت رقم گندم نان شامل بولانی، فلات، مهرگان، معراج، کلاته، فرونتانا و MV17 در یک بلوک تلاقی کشت شدند و تلاقی‌های مستقیم بین هفت رقم مذکور به‌منظور تولید نسل F1 انجام شد. نتاج حاصل تلاقی به همراه والدین آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی محله گرگان در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ بررسی شدند.

یافته‌ها: نتایج این آزمایش نشان داد که اختلاف ژنوتیپ‌ها در همه صفات مورد بررسی معنی‌دار بود. برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش هیمن نشان داد که مقادیر واریانس غالبیت در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و طول پدانکل به‌طور قابل توجهی بیشتر از واریانس افزایشی بود. در صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی هم مقادیر واریانس غالبیت واریانس افزایشی اختلاف چندانی نداشتند. در صفات عملکرد بیولوژیک، وزن صد دانه و روز تا گلدهی نسبت آلل‌های غالب بیشتر از آلل‌های مغلوب بود در حالی که در سایر صفات نسبت آلل‌های غالب و مغلوب برابر بود. وراثت‌پذیری عمومی بالای عملکرد دانه (۸۹ درصد)، عملکرد بیولوژیک (۹۳ درصد) و وزن دانه در سنبله (۷۴ درصد) و وراثت‌پذیری خصوصی پایین آن‌ها (به‌ترتیب ۱۰، ۱۰ و ۱۳ درصد) نشان‌دهنده سهم بیشتر اثر غالبیت در کنترل این صفات بود. نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی نشان داد که صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و وزن صد دانه تحت کنترل عمل فوق غالبیت ژن‌ها و صفات تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل و ارتفاع بوته تحت کنترل عمل غالبیت ناقص ژن‌ها بودند. پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون نشان داد که ارقام فلات و مهرگان حامل بیشترین ژن‌های غالب و ارقام MV17 و فرونتانا حامل بیشترین ژن‌های مغلوب در کنترل صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک بودند.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان داد با توجه به سهم بیشتر اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و اجزای عملکرد بهتر است گزینش در بین نتاج حاصل از این تلاقی‌ها به نسل‌های پیشرفته‌تر موکول گردد؛ در حالی که می‌توان نسبت به بهبود ژنتیکی صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی در نسل‌های مقدماتی اقدام کرد.

واژه‌های کلیدی: تلاقی، درجه غالبیت، رگرسیون، عمل ژن، کوواریانس

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی جهان است که غذای تعداد زیادی از مردم را تأمین می‌کند، به‌طوری که مقدار قابل‌توجهی از پروتئین، ویتامین‌ها و فیبرهای غذایی را برای بدن فراهم می‌کند (۳۳). عملکرد دانه دارای توارث پیچیده چندژنی است و دارای اجزای مختلفی است که ترکیب مناسبی از این اجزا، عملکرد مطلوب را تعیین می‌کنند؛ از همین رو شناخت ژنتیکی صفات مختلف مرتبط با عملکرد دانه باعث افزایش ضریب موفقیت برنامه به‌نژادی می‌شود (۱۲). آگاهی از ماهیت و نحوه توارث و عمل ژن‌ها، باعث افزایش توانایی گزینش لاین‌های والدی جهت شرکت در تلاقی‌ها می‌شود و تعیین‌کننده نحوه پیشبرد و مدیریت نسل‌ها و گزینش در جمعیت‌های در حال تفرق است (۱۸). با آزمون نتاج حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل می‌توان عمل ژن‌ها و توارث صفات کمی را برآورد نمود (۲۷). روش‌های آماری مختلفی به‌منظور درک بهتر صفات مهم زراعی توسعه یافته‌اند. روش دای‌آلل هیمن (۱۰) یکی از روش‌های متداول تجزیه دای‌آلل است که اطلاعات ارزشمندی درباره توانایی والدین در انتقال صفات مطلوب زراعی به نتاج در اختیار به‌نژادگر قرار می‌دهد (۱۹). این روش اطلاعات ژنتیکی مفیدی در خصوص توزیع آلل‌ها، میانگین درجه غالبیت، نوع عمل ژن، تعداد گروه‌های ژنی مؤثر، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی ارائه می‌نماید. همچنین ترسیم برازش کوواریانس ردیف‌ها (Wr) روی واریانس ردیف‌ها (Vr) و پراکنش والدها برای صفات مختلف، اطلاعات گرافیکی است که در اختیار به‌نژادگر قرار می‌گیرد (۱۹).

مطالعه عمل ژن‌ها و نحوه توارث عملکرد و اجزای عملکرد در تلاقی‌های دای‌آلل در گندم نان توسط سایر محققان نیز مورد بررسی قرار گرفته است (۱۵،۱۸،۳۲،۴۰). با بررسی یک آزمایش دای‌آلل با شش ژنوتیپ مشخص شده است که در توارث صفات ارتفاع بوته، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، طول سنبله و وزن صد دانه هم اثر افزایشی و هم اثر غیر افزایشی نقش داشته‌اند (۳۶). سینگ و همکاران (۳۴) با استفاده از طرح دای‌آلل و ارزیابی ژنتیکی صفات روز تا گلدهی، طول دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، تعداد پنجه در بوته، سطح برگ، عملکرد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و عملکرد دانه در گندم نان نشان دادند که در همه صفات به غیر از روز تا گلدهی، اثر غیر افزایشی ژن نقش مهم‌تری دارد. اسحقی شمس‌آبادی و همکاران (۷) با بررسی برخی صفات مرفولوژیک در یک آزمایش دای‌آلل گزارش کردند که واریانس غیر افزایشی نقش بیشتری در اکثر صفات ایفا می‌کند. در مطالعه حیدری و همکاران (۱۱) با مطالعه نتاج حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل ۹×۹ گندم، میانگین درجه غالبیت برای صفات تعداد دانه در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله از نوع غالبیت نسبی و برای عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزار دانه از نوع فوق غالبیت گزارش شد. با استفاده از تجزیه گرافیکی هیمن وجود اثر غالبیت ناقص در صفات تعداد سنبلچه در سنبله و شاخص سطح برگ (۱۵) و وجود اثر فوق غالبیت در صفت وزن هزار دانه (۲۶) گزارش شده است.

پژوهش حاضر با هدف شناخت نحوه توارث صفات عملکرد دانه و اجزای آن و تولید دورگ‌های مناسب در برنامه‌های به‌نژادی گندم نان در اقلیم گرم و مرطوب شمال کشور انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و شرایط آزمایش

به‌منظور اجرای پژوهش حاضر هفت رقم گندم نان شامل بولانی، فلات، مهرگان، معراج، کلاته، فرونتانا و MV17 (جدول ۱) در یک بلوک تلاقی کشت شد و تلاقی‌های مستقیم بین هفت رقم مذکور به‌منظور تولید نسل F1 انجام شد. هفت والد مذکور به همراه ۲۱ نتاج F1 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰ کشت شدند. محل اجرای آزمایش ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی محله گرگان بود که در پنج کیلومتری شمال گرگان با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه و ۲۵ دقیقه شرقی واقع شده است. در این ایستگاه تحقیقاتی با توجه به آمار بلندمدت ایستگاه هواشناسی، میانگین سالانه درجه حرارت هوا، درصد رطوبت نسبی و مجموع میزان بارندگی به‌ترتیب ۱۸/۱ درجه سانتی‌گراد، ۷۲/۴ درصد و ۴۸۴/۷ میلی‌متر می‌باشد.

عملیات آماده‌سازی زمین شامل شخم، دیسک، لولر و ایجاد فارو و کاشت آزمایش در آذرماه انجام گرفت. میزان کودهای شیمیایی مصرفی در هر مرحله رشدی گیاه بر اساس خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه تعیین شد. هر کدام از ۲۱ نتاج F1 و ۷ والد (در مجموع ۲۸ ژنوتیپ) در دو خط دو متری و روی یک پشته با فاصله ۶۰ سانتی‌متر از یکدیگر کشت شدند. به‌منظور کنترل علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک‌برگ از علف‌کش آتلانتیس (Atlantis) با غلظت ۱/۵ لیتر در هکتار در مرحله پنجه‌زنی استفاده شد.

جدول ۱- شجره ارقام والد گندم نان در این مطالعه

Table 1. Pedigree of bread wheat parental cultivars in this study

شماره ژنوتیپ	نام رقم/لاین	تیپ رشد	شجره
۱	بولانی	بهاره	Landrace from Sistan and Baluchestan- Zabol
۲	فلات	بهاره	Kvz/Buho"s"//Kal/Bb=Seri82
۳	مهرگان	بهاره	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
۴	معراج	بهاره	PFAU/MILAN/3/SKAUZ/KS94U215//SKAUZ
۵	کلاته	بهاره	MILAN/S87230//BABAX
۶	فرونتانا	بهاره	FRONTEIRA/MENTANA
۷	MV17	زمستانه	HOHENTHURMER-13653-68/RUBIN//TOP

صفات مورد ارزیابی

تعداد روز تا گلدهی زمانی ثبت شد که ۵۰ درصد بوته‌های هر کرت وارد مرحله ۶۵ رشد و نمو فنولوژیک از نظر مقیاس زادوکس (۴۲) (فاز گلدهی) شده باشند. در مرحله رسیدگی فیزیولوژیک، پس از حذف اثرات حاشیه‌ای، برداشت کرت‌های آزمایشی به روش دستی صورت گرفت و صفات مورفولوژیک شامل ارتفاع بوته، طول پدانکل، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن صد دانه اندازه‌گیری شد. اندازه‌گیری صفات مذکور بر اساس برداشت جداگانه ۱۰ بوته به‌صورت تصادفی از هر کرت بود.

محاسبات آماری

نرمال بودن خطاهای آزمایشی و همگنی واریانس‌های درون تیماری با آزمون کولموگروف–اسیمرنوف (Kolmogorov-Smirnov) با استفاده از نرم‌افزار SPSS 26 مورد آزمون قرار گرفت. تجزیه دای‌آلل به روش هیمن (۱۰) بر اساس دستور پیشنهادی مکومبی و همکاران (۱۹) انجام شد. به‌منظور بررسی صحت فرضیات اصلی تجزیه دای‌آلل به روش هیمن، تجزیه واریانس برای مقادیر Wr-Vr و Wr+Vr انجام گردید.

جدول ۲ - تجزیه واریانس صفات مورفولوژیک، Wr-Vr و Vr+Wr در ژنوتیپ‌های گندم نان در تلاقی دای‌آلل

Table 2. Analysis of variance of morphological traits, Wr-Vr and Wr +Vr in bread wheat genotypes in a diallel cross design

		میانگین مربعات							
منابع تغییر	درجه آزادی	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله	طول پدانکل	ارتفاع بوته	تعداد روز تا گلدهی
تکرار	۲	۲۳/۸۳	۲۸/۷۷	۱۵/۵۱	۱۴۵/۳۷	۰/۱۰	۱۲/۶۲	۳۲/۶۵	۰/۳۷
ژنوتیپ	۲۷	۱۴۱/۳۷**	۱۰۴۹/۴۴**	۲۱/۶۲	۵۲۵/۶۰**	۰/۸۹**	۳۸/۴۵**	۲۴۱/۸۳**	۱۹/۷۷**
خطا	۵۴	۱۴/۶۲	۸۲/۴۳	۵/۲۲	۷۴/۶۱	۰/۲۱	۷/۲۰	۱۷/۲۸	۰/۴۱
CV		۱۶/۷۷	۱۴/۰۵	۴/۹۵	۱۲/۷۷	۱۵/۱۲	۷/۰۶	۲/۸۲	۰/۴۸
Wr-Vr		۴۷/۵۹^{ns}	۵۰۹۸/۸۲^{ns}	۴۳/۱۴^{ns}	۳۸۵/۶۶^{ns}	۰/۰۰۳۵^{ns}	۷/۲۰^{ns}	۲۱۳۷/۶۳**	۱۴۰/۱۲**
Wr+Vr		۵۶۷/۹۶^{ns}	۶۱۴۲۵^{ns}	۱/۲۲^{ns}	۳۰۱۵/۴۱^{ns}	۰/۰۵۱^{ns}	۲۲۰/۶۴*	۶۹۹۸/۱۵^{ns}	۵۳۴/۸۷**

*، ** و ns: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح ۵٪ و ۱٪ و غیرمعنی‌دار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

نتایج و بحث

نتایج جدول تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها در همه صفات مورد بررسی از نظر آماری اختلاف معنی‌دار داشتند (جدول ۲). این امر بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و امکان گزینش بین آن‌ها بود؛ بنابراین در بین نتاج حاصل از این تلاقی‌ها می‌توان اقدام به گزینش ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از پدیده هتروزیس نمود (۸). اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها در سایر مطالعات دای‌آلل در گندم گزارش شده است (۸،۳۸،۴۰). با توجه به معنی‌دار بودن ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه انجام تجزیه‌ها و برآورد خصوصیات ژنتیکی به روش تجزیه دای‌آلل (هیمن) امکان‌پذیر بود. در ادامه، به‌منظور بررسی صحت فرضیات اصلی تجزیه دای‌آلل به روش هیمن، تجزیه واریانس برای مقادیر Wr-Vr و Wr+Vr انجام گردید. کفایت مدل افزایشی–غالبیت با توجه به غیر معنی‌دار شدن آزمون F حداقل برای یکی مقادیر Wr-Vr و Wr+Vr در صفات مختلف تأیید شد (جدول ۲)؛ به عبارت دیگر برای کلیه صفات مورد بررسی، صحت عدم وجود پیوستگی ژنی و اثرات متقابل بین مکان‌های ژنی و فقدان آلل‌های چندگانه برقرار است.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس بر اساس روش پیشنهادی هیمن در جدول ۳ نشان داده شده است. منبع a که برآوردی از واریانس افزایشی و ترکیب‌پذیری عمومی است، برای صفات عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، ارتفاع بوته و روز تا گلدهی معنی‌دار بود که بیانگر اهمیت اثرات افزایشی در توارث صفات مذکور است. همچنین منبع b که برآوردی از واریانس غالبیت (مربوط به تفاوت‌های بین دورگ‌ها و والدین) و ترکیب‌پذیری خصوصی است، برای کلیه صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده اهمیت اثرات غیر افزایشی در توارث صفات مورد بررسی است. این نتایج با یافته‌های سایر پژوهشگران مبنی بر وجود اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم مطابقت دارد (۱۱،۲۱،۲،۲۸).

بر اساس روش هیمن منبع b به اجزاء b1، b2 و b3 تفکیک گردید. جزء b1، در همه صفات به‌استثنای وزن دانه در سنبله معنی‌دار بود. جزء b1 مقایسه بین میانگین والدین در برابر میانگین تلاقی‌ها است (متوسط اثر هتروزیس) و نشان‌دهنده غالبیت جهت‌دار است (۳۱). جزء b2 هم در همه صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود. این جزء تعیین کننده غالبیت یا هتروزیس خاص مرتبط با هر والد بوده و معنی‌دار شدن آن در صفات مذکور تفاوت در فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین و برتری تلاقی‌ها نسبت به والدها را نشان می‌دهد (۳۵). همچنین جزء b3 در تمامی صفات معنی‌دار بود. این جزء بیشترین سهم از غالبیت را به خود اختصاص می‌دهد و معادل مقدار قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در روش گریفینگ است (۲۰،۳۱).

برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مختلف در جدول ۴ ارائه شده است. واریانس افزایشی (D) در صفات وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل، ارتفاع بوته و روز تا گلدهی معنی‌دار بود. آماره‌های H1 (واریانس غالبیت) و H2 (فرم دیگر واریانس غالبیت) در تمامی صفات مورد بررسی معنی‌دار بود. مقادیر واریانس غالبیت (H1) در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و طول پدانکل به‌طور قابل توجهی بیشتر از واریانس افزایشی (D) بود. در صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی هم مقدار واریانس غالبیت (H1)، واریانس افزایشی (D) اختلاف چندانی نداشتند (جدول ۴)؛ بنابراین می‌توان گفت در اکثر صفات سهم واریانس غیر افزایشی بیشتر از واریانس افزایشی است که این موضوع بیانگر اهمیت اثرات غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات مورد نظر است.

سهم بیشتر اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه (۳)، وزن صد دانه و عملکرد دانه (۸)، تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه و وزن صد دانه (۲۲) در سایر مطالعات دای‌آلل گندم نیز گزارش شده است. به‌طور کلی هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش داشتند. این نتایج با گزارش‌های سایر پژوهشگران نیز مطابقت داشت (۴،۵،۲۸).

میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غیر افزایشی (F) برای صفات عملکرد بیولوژیک، وزن صد دانه و روز تا گلدهی مثبت بود به عبارتی در صفات مذکور نسبت فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از آلل‌های مغلوب بوده است. در سایر صفات شامل عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، ارتفاع بوته فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برابر بود (F=0 و نسبت ژن‌های غالب و مغلوب برابر با یک). بیشترین مقادیر درجه غالبیت به‌ترتیب مربوط به صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک بود (جدول ۴) که مبین وجود فوق غالبیت برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفات بود.

وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفت ارتفاع بوته به‌ترتیب ۹۱ درصد و ۶۳ درصد بود (جدول ۴) که در گروه با وراثت‌پذیری بالا طبقه‌بندی شد. در واقع توارث عمومی بالای ارتفاع بوته که حاکی از تأثیر نسبتاً کم عوامل محیطی بر این صفت و کارایی گزینش مستقیم برای آن است. به عبارتی گزینش در نسل‌ها اولیه می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد. در سایر مطالعات روی گندم نان، قابلیت وراثت‌پذیری خصوصی و عمومی بالایی برای ارتفاع بوته گزارش شده است (۱۳،۳۶،۳۹).

وراثت‌پذیری عمومی و وراثت‌پذیری خصوصی در صفت تعداد روز تا گلدهی به‌ترتیب ۹۸ و ۵۳ درصد بود که نشان‌دهنده سهم قابل توجه واریانس افزایشی در کنار واریانس غالبیت در کنترل این صفت است؛ این موضوع با گزارش احمدی و همکاران (۲) در یک آزمایش دای‌آلل با مطالعه تلاقی‌های هشت والد گندم نان مطابقت دارد. همچنین وراثت‌پذیری عمومی و وراثت‌پذیری خصوصی در صفت طول پدانکل به‌ترتیب ۸۲ و ۴۲ درصد برآورد شد و اهمیت هر دو اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در توارث این صفت است. با توجه به تأثیر مثبت طول پدانکل در پر شدن دانه‌ها در شرایط تنش خشکی (۲۵) می‌توان از این صفت در برنامه‌های اصلاحی تحت تنش خشکی استفاده کرد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

وزن صد دانه یکی از اجزای مهم عملکرد گندم بوده و تحت تأثیر خصوصیات ژنتیکی گیاه از نظر پتانسیل تولید تعداد دانه در سنبله، رقابت دانه‌ها به‌عنوان مخازن اصلی گیاه، طول دوره پر شدن دانه و شرایط محیطی قبل و بعد از گرده‌افشانی و اثرات متقابل آن‌ها دارد (۳۰). در صفت وزن صد دانه وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به‌ترتیب حدود ۷۶ درصد و ۱۸ درصد مشاهده شد که نشان‌دهنده سهم به‌مراتب بیشتر اثر غیر افزایشی نسبت به اثر افزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت است (جدول ۴). در مورد وزن صد دانه گزارش‌های متناقضی وجود دارد در برخی مطالعات عمل غالبیت ژن‌ها برای کنترل این صفت گزارش شده است (۶،۸،۲۱،۲۶) در حالی که در برخی دیگر از مطالعات بیشتر روی عمل افزایشی ژن‌ها تأکید شده است (۱۱،۳۶).

وراثت‌پذیری عمومی بالای عملکرد دانه (۸۹ درصد)، عملکرد بیولوژیک (۹۳ درصد) و وزن دانه در سنبله (۷۴ درصد) و در مقابل وراثت‌پذیری خصوصی پایین آن‌ها (به‌ترتیب ۱۰، ۱۰ و ۱۳ درصد) نشان‌دهنده سهم بیشتر اثر غالبیت در تعیین این صفات است. صادق زاده اهری و همکاران (۲۹)، اقبال و همکاران (۱۳) و حیدری و همکاران (۱۱) نیز میزان بالایی از وراثت‌پذیری عمومی در عملکرد دانه گندم گزارش نمودند.

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات زراعی گندم نان بر اساس روش دای‌آلل هیمن
Table 3. Analysis of variance for agronomic traits of bread wheat based using Hyman's diallel method

منبع تغییر	درجه آزادی	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله	طول پدانکل	ارتفاع بوته	تعداد روز تا گلدهی
اثر افزایشی (a)	۶	۳۴/۴۷*	۳۰۹/۰۰**	۹/۶۱^{ns}	۷۰۰/۷۸**	۰/۷۶**	۱۰/۱۰^{ns}	۲۴۴/۴۲**	۲۶/۴۹**
اثر غالبیت (b)	۲۱	۱۷۱/۹۰**	۱۲۶۱/۰۰**	۲۵/۰۶**	۴۷۵/۵۵**	۰/۹۳**	۴۶/۵۵**	۲۴۱/۰۹**	۱۷/۸۵**
اثر غالبیت جهت‌دار (b1)	۱	۲۱۷/۱۰*	۱۰۹۷/۸۲**	۳۲/۸۶*	۷۹۴/۶۷**	۰/۴۳^{ns}	۵۲/۸۹**	۱۶۹/۲۲**	۲۲/۳۲**
اثر تقارن ژن‌های غالب (b2) و مغلوب	۶	۱۰۲/۴۲**	۷۹۹/۱۶**	۱۴/۱۴*	۴۷۱/۴۲**	۱/۳۰**	۴۳/۰۸**	۹۲/۰۰**	۸/۲۳**
اثر باقیمانده اثرات غیر افزایشی (b3)	۱۴	۱۹۸/۴۶**	۱۴۷۰/۵۹**	۲۹/۱۸**	۴۵۴/۵۲**	۰/۸۱**	۴۷/۵۹**	۳۱۰/۱۳**	۲۱/۶۵**
خطا	۵۴	۱۴/۶۲	۸۲/۴۳	۵/۲۲	۷۴/۶۱	۰/۲۱	۷/۲۰	۱۷/۲۸	۰/۴۱

جدول ۴- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات زراعی گندم نان با استفاده از روش هیمن
Table 4. Estimation of genetic parameters for agronomic traits of bread wheat based using Hyman's diallel method

پارامتر	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	وزن صد دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله	طول پدانکل	ارتفاع بوته	تعداد روز تا گلدهی
واریانس افزایشی (D)	۰/۰۱^{ns}	۱۰/۵۹^{ns}	۱۲/۹۰**	۱۰۴/۱۵**	۰/۰۵^{ns}	۹/۰۸*	۷۳/۱۶**	۱۷/۱۷**
میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غیر افزایشی (F)	۰/۰۰^{ns}	۴۶/۸۳^{ns}	۱۸/۵۹**	۰/۰۰^{ns}	۰/۰۰^{ns}	۰/۱۲^{ns}	۰/۰۰^{ns}	۱۷/۹۲**
واریانس غالبیت (H_1)	۱۵۶/۸۶**	۱۳۹۵/۱۰**	۲۶/۳۷**	۲۵۶/۰۱**	۰/۶۵**	۲۵/۲۴**	۸۷/۳۷**	۱۷/۶۴**
فرم دیگر واریانس غالبیت (H_2)	۱۴۷/۷۷**	۱۲۸۰/۱۹**	۱۷/۹۴**	۲۵۳/۱۱**	۰/۶۴**	۲۲/۳۵**	۷۵/۲۲**	۱۰/۶۷**
اثر کلی غالبیت (h^2)	۳۴۳/۸۷**	۱۸۵۴/۹۹**	۱/۹۳**	۶۹۲/۰۰**	۱/۹۳**	۴۶/۳۶**	۰/۰۰	۳/۸۸
واریانس محیطی (E)	۴/۹۸	۲۶/۸۴	۱/۸۶	۲۵/۷۱	۰/۰۷	۲/۴۶	۵/۹۴	۰/۱۳
میانگین درجه غالبیت	۳۹/۶۱	۱۱/۴۸	۱/۴۳	۱/۵۷	۳/۴۷	۱/۶۷	۱/۰۹	۱/۰۱
نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین	۱/۰۰	۱/۴۸	۳/۰۳	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۱	۱/۰۰	۳/۱۲
تعداد گروه‌های ژنی با رفتار غالب	۲/۳۳	۱/۴۴	۰/۱۱	۲/۷۳	۳/۰۲	۲/۰۷	۰/۰۰	۰/۳۶
وراثت‌پذیری عمومی	۰/۸۹	۰/۹۳	۰/۷۶	۰/۸۲	۰/۷۴	۰/۸۲	۰/۹۱	۰/۹۸
وراثت‌پذیری خصوصی	۰/۱۰	۰/۱۰	۰/۱۸	۰/۳۸	۰/۱۳	۰/۴۲	۰/۶۳	۰/۵۳

شکل ۱ برازش کوواریانس ردیف‌ها (Wr) روی واریانس ردیف‌ها (Vr) و پراکنش والدها را برای صفات مورد بررسی نشان می‌دهد. موقعیت خط رگرسیون و نحوه پراکنش والدها در اطراف این خط اطلاعات مفیدی را ارائه می‌کند. چنانچه خط رگرسیون از مرکز مختصات عبور نماید، دلالت بر وجود غالبیت کامل دارد در حالی که اگر خط رگرسیون محور کوواریانس را در بالا یا در پائین مرکز مختصات قطع کند به‌ترتیب نشان‌دهنده عمل غالبیت نسبی و فوق غالبیت ژن‌ها است (۱۹).

نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی نشان داد (شکل ۱) که در صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و وزن صد دانه خط رگرسیون محور کوواریانس را در پائین مرکز مختصات قطع نمود که بیان‌کننده اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد؛ اما در صفات تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل و ارتفاع بوته خط رگرسیون محور کوواریانس را بالاتر از مرکز مختصات قطع نمود که گویای وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد.

وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در عملکرد دانه در توسط سایر محققان نیز گزارش شده است (۴۰،۴۱). عبدی و فتوکیان (۱) نیز با مطالعه یک طرح نیمه دای‌آلل ۶×۶ در صفات تعداد دانه در بوته و وزن صد دانه تحت اثر فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارند. همچنین در سایر مطالعات گندم به غالبیت نسبی صفات تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی (۱۱) ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله (۳۷) اشاره شده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

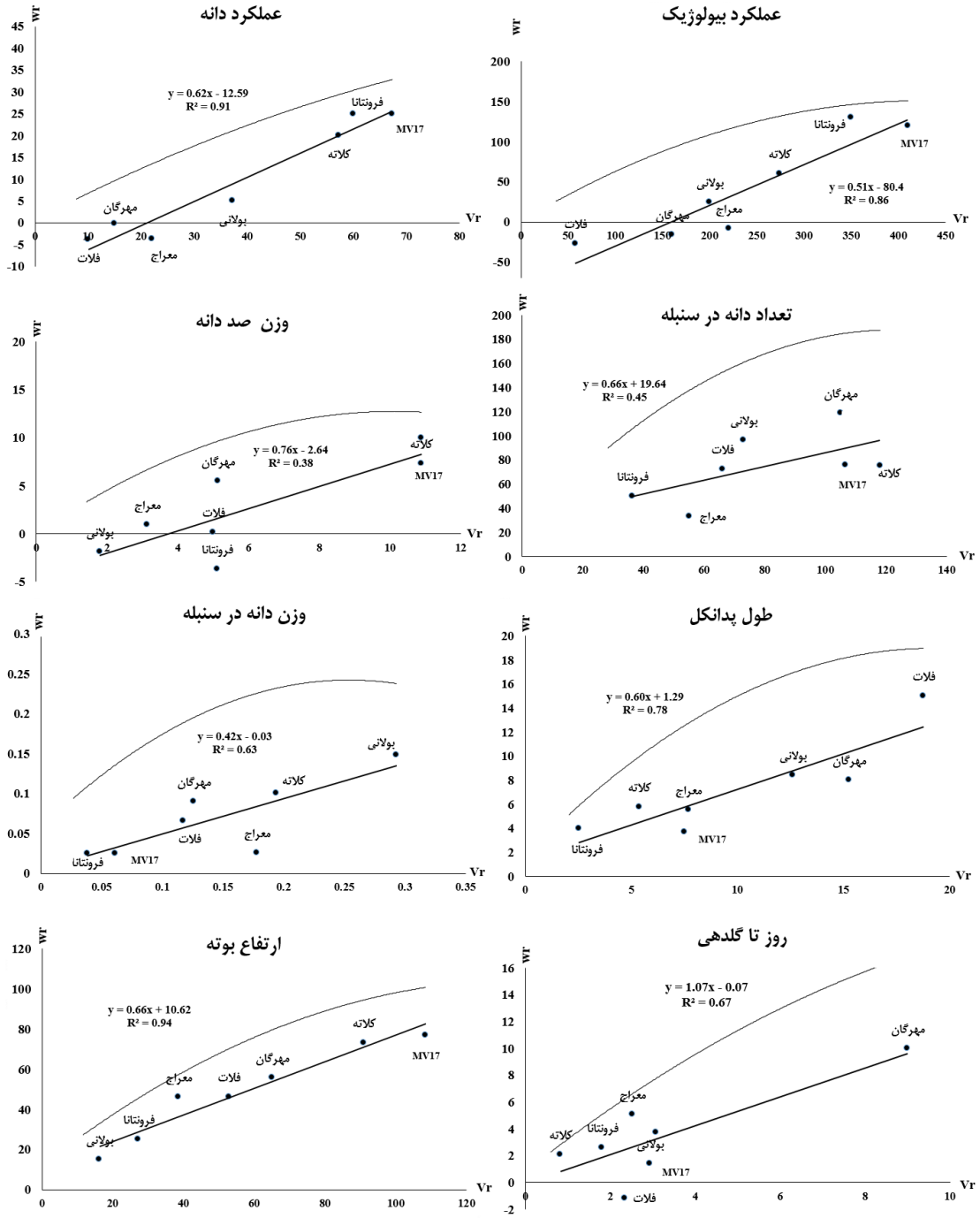
در صفات وزن دانه در سنبله و روز تا گلدهی خط رگرسیون از مرکز مختصات عبور کرد (شکل ۱) که نشان‌دهنده غالبیت کامل در این صفات است. به‌طور کلی جهت بهبود صفاتی که تحت کنترل غالبیت ژن‌ها قـرار دارند می‌توان از روش‌های به‌نژادی مبتنی بـر گزینش و تولید هیبرید اسـتفاده کرد.

پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون بیانگر فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب می‌باشد، به این ترتیب که والدی که حاوی ژن‌های غالب بیشتر است در پائین و نزدیک مرکز مختصات و والدی که حاوی ژن‌های مغلوب بیشتر است در نقطه مقابل قرار می‌گیرد و بدیهی است که تلاقی بین این ژنوتیپ‌ها می‌تواند منجر به تولید دورگ‌های مناسب‌تری شود. پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون در صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک نشان داد که ارقام MV17 و فرونتانا در دورترین نقطه نسبت به محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفته است. در نتیجه ارقام مذکور برای صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک حامل بیشترین تعداد ژن‌های مغلوب بود. ارقام فلات و مهرگان در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار داشتند و دارای ژن‌های غالب بیشتری برای کنترل صفات مذکور بودند. در صفات وزن صد دانه و ارتفاع بوته بیشترین فاصله از مبدأ مربوط به والد ارقام MV17 و کلاته و کمترین فاصله از مبدأ مربوط به والد رقم بولانی بود؛ بنابراین چنین استنباط می‌شود که ارقام MV17 و کلاته بیشترین آلل مغلوب و رقم بولانی بیشترین آلل غالب را صفات وزن صد دانه و ارتفاع بوته دارند. پراکنش والدین برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله در امتداد خط رگرسیون نشانگر بیشترین ژن‌های غالب برای رقم فرونتانا بود. در صفت تعداد دانه در سنبله ارقام کلاته، مهرگان و MV17 و در صفت وزن دانه در سنبله رقم بولانی حداکثر ژن‌های مغلوب را داشتند. در صفت طول پدانکل رقم مهرگان در فاصله دورتری از مبدأ مختصات قرار گرفته و دارای ژن‌های مغلوب است در حالی رقم فلات با نزدیک‌ترین فاصله از مبدأ مختصات دارای آلل‌های غالب می‌باشد. در صفت تعداد روز تا گلدهی نیز ارقام مهرگان و کلاته به‌ترتیب با بیشترین و کمترین فاصله از مبدأ مختصات دارای حداکثر آلل‌های مغلوب و غالب بودند. در نمودار پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون در صفات عملکرد بیولوژیک، وزن صد دانه و روز تا گلدهی مشخص شد که بیشتر والدین در نزدیکی مبدأ مختصات قرار گرفته‌اند که نشان‌دهنده این است که این صفات به‌صورت کلی توسط ژن‌های غالب کنترل می‌شوند. این نتیجه توسط مقادیر بالای آماره میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غیر افزایشی (F) و آماره نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در جدول ۴ تأیید می‌شود. در حالی که در سایر صفات، والدین در طول خط رگرسیون پراکنش پیدا کرده‌اند که نشان‌دهنده برابری نسبت ژن‌های غالب و مغلوب و مقادیر صفر (یا نزدیک به صفر) آماره میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غیر افزایشی (F) است. به این ترتیب انتظار می‌رود برای تمامی صفات مورد بررسی تلاقی بین لاین‌های ابتدا و انتهای خط رگرسیون منجر به تولید ژنوتیپ دورگی با بیشترین هتروزیگوتی در صفت مورد نظر شود.

در گزارش‌های متعددی با استفاده از تجزیه دای‌آلل با مطالعه نحوه توارث عملکرد دانه مشخص شده است که عملکرد دانه و اجزای آن در گندم نان بیشتر توسط ژن‌های غیرافزایشی کنترل می‌شود (۹،۱۴،۱۶،۱۷،۲۳). اجاقی و آخوندوا (۲۴) گزارش کردند که تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد پنجه در بوته بیشتر توسط اثرات فوق غالبیت کنترل می‌گردند. در مطالعه صادقی و همکاران (۲۸) نیز سهم اثرات غیر افزایشی برای دو صفت تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه برتری نشان داده است؛ اما برخلاف نتایج تحقیق حاضر، سهم بیشتر واریانس افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله (۲)، وزن صد دانه (۲،۳۸) و عملکرد دانه در بوته (۲،۸)، نیز گزارش شده است. دلیل این تضاد در نتایج، احتمالاً به ماهیت ژنتیکی متفاوت ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تحقیقات مختلف برمی‌گردد (۲۹).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]



شکل ۱- خطوط رگرسیون Wr روی Vr برای صفات زراعی گندم نان
Figure 1. The Vr/Wr regression lines for agronomic traits of bread wheat

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان داد با توجه به سهم بیشتر اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و اجزای عملکرد شامل تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه بهتر است گزینش در بین نتاج تلاقی‌های مختلف تا نسل‌های پیشرفته ادامه یابد. در حالی که می‌توان نسبت به بهبود ژنتیکی صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی در نسل‌های مقدماتی اقدام کرد. نتایج پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان داد که در صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک ارقام فلات و مهرگان دارای بیشترین ژن‌های غالب بودند در حالی که در صفات تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و طول پدانکل رقم فرونتانا ژن‌های غالب بیشتری نسبت به سایر ارقام داشتند. هتروزیس مشاهده‌شده برای عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و وزن صد دانه ناشی از عمل فوق غالبیت ژن‌ها بود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]
[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

تقدیر و تشکر

مقاله حاضر از پروژه مصوب مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره ۹۹۱۱۰۴-۱۲۵-۰۳-۰۳-۰۰ تهیه شده است. از همکاران پروژه غلات در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان به جهت همکاری صمیمانه آن‌ها در انجام این پژوهش تقدیر و تشکر می‌شود.

منابع

1. Abdi, H. and M.H. Fotokian. 2017. Graphical analysis of grain yield and its components in some bread wheat cultivars by diallel Hayman method. Iranian Journal of Agriculture Sciences, 48(4): 913-922. (In Persian).
2. Ahmadi, J., A.A. Zali, B.Y. Samadi, A. Talaie, M.R. Ghannadha and A. Saeidi. 2003. A study of combining ability and gene effect in bread wheat under stress conditions by diallel method. Iranian Journal Agriculture Science, 34(1):1-8 (In Persian).
3. Baloch, M.J., G.M. Channa, W.A. Jatoi, A.W. Baloch, I.H. Rind, M.A. Arain and A.A. Keerio. 2016. Genetic characterization in 5×5 diallel crosses for yield traits in bread wheat. Sarhad Journal of Agriculture, 32: 127-133.
4. Barnlard, A., T. Labuschange and H. Niekerk. 2001. Heritability estimates of bread wheat quality traits in the Western cape province of South Africa. Euphytica, 127: 115-122.
5. Cemal, Y., B. Faheem Shehzeol and O. Hakan. 2009. Genetic analysis of some physical properties of bread wheat grain. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 33: 525-535.
6. Ejaz-Ul-Hassan, S. and I. Khaliq. 2008. Quantitative inheritance of some physiological traits for spring wheat under two different population densities. Pakistan Journal of Botany, 40(2):581-587.
7. 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.
8. Golparvar, A.R., S. Mottaghi and O. Lotfifar. 2011. Diallel analysis of grain yield and its components in bread wheat genotypes under drought stress conditions. Plant Production Technology, 3(1): 51-62 (In Persian).
9. Hama Amin, T.N. and S. Towfiq. 2019. Inheritance of grain yield and its related characters for 5×5 diallel cross of F1 bread wheat. Ecology and Environmental Research, 17(2): 3013-3032.
10. Hayman, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics, 39: 789-808.
11. Heidari, B., A. Rezaie and S.A.M. Mirmohammadi Maibody. 2006. Diallel Analysis for the Estimation of the Genetic Parameters of Grain Yield and Grain Yield Components in Bread Wheat. Journal of Crop Production and Processing, 10(2): 121-140 (In Persian).
12. Ilker, E., F.A. Tonk, M. Tosun, M. Altinbas and M. Kuçukakça. 2009. Inheritance and combining ability in some powdery mildew resistant wheat lines. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 9: 124-131.
13. Iqbal, M., A. Navabi, D.F. Salmon, R.C. Yang and D. Spaner. 2007. Simultaneous selection for early maturity, increased grain yield and elevated grain protein content in spring wheat. Plant breeding, 126(3): 244-250.
14. Kamaluddin, R., R.M. Singh, L.C. Prasad, M.Z. Abdin and A.K. Joshi. 2007. Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). Genetics and Molecular Biology, 30(2): 411-416.
15. Khahani, B., M.R. Bihamta and B. Naserian. 2018. Estimation of general and specific combining abilities of morphological traits and grain yield in bread wheat. Journal of Crop Breeding, 10(25): 53-62.
16. Kumar, A., H. Harshwardhan, A. Kumar and B. Prasad. 2015. Combining ability and gene interaction study for yield, its attributing traits and quality in common wheat. Journal of Applied and Natural Science, 7(2): 927-934.
17. Kumar, J., A. Kumar, M. Kumar, S.K. Singh and L. Singh. 2019. Inheritance pattern of genes for morpho-physiological and yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). Cereal research communications, 47(2): 191-204.
18. Ljubičić, N., S. Petrović, M. Kostić, M. Dimitrijević, N. Hristov, A. Kondić and R. Jevtić. 2017. Diallel analysis of some important grain yield traits in bread wheat crosses. Turkish Journal of Field Crops, 22(1): 1-7.
19. Makumbi, D., G. Alvarado, J. Crossa and J. Burgueño. 2018. SASHAYDIALL: a SAS program for Hayman's diallel analysis. Crop Science, 58: 1605-1615.
20. Moghaddam, M. and H. Amiri Oghan. 2010. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Publication of Tabriz University, Tabriz, Iran, 415 pp (In Persian).
21. Mohammadi, M., P. Sharifi, R. Karimizadeh and M. Rostaei. 2017. Evaluatingthe genetic parameters for some morpho-physiological traits in wheat using diallel analysis. Cereal Research, 7(3): 343-356 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

22. Mousavi, S.S., B. Yazdi-Samadi, A.A. Zali and M.R. Ghanadha. 2006. Study GCA and SCA effects of quantitative traits of wheat in normal and water stress conditions. Iranian Journal of Agriculture Sciences, 37: 227-238 (In Persian).
23. Nagar, S.S., P. Kumar, S.R. Vishwakarma and V. Gupta. 2018. Genetic analysis of grain yield and its component traits using diallel analysis in bread wheat. Wheat and Barley Research, 10(1): 45-51.
24. Ojaghi, J. and E. Akhundova. 2010. Genetic effects for grain yield and its related traits in doubled haploid lines of wheat. International Journal of Agriculture and Biology, 12(1): 86-90.
25. Okuyama, L.A., L.C. Federizzi and J.F. Barbosa Neto. 2005. Plant traits to complement selection based on yield components in wheat. Ciência Rural, 35: 1010-1018.
26. Rashid, M.A.R., A. Salam Khan and R. Iftikhar. 2012. Genetic studies for yield and yield related parameters in bread wheat. American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences, 12(12):1579-1583.
27. Rigatti, A., A.J. Peregrin, C. Meier, A. Lunkes, L.A. Klein, A. Da Silva, E.P. Bellé, A.D.B. Silva, V.S. Marchioro and V.Q. De Souza. 2018. Combination capacity and association among traits of grain yield in wheat (*Triticum aestivum* L.): A Review. Journal of Agricultural Science, 10(5): 179-187.
28. Sadeghi, F. 2014. Estimation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallele method. Journal of Crop Breeding, 6(13): 101-113 (In Persian).
29. Sadeghzadeh-Ahari, D., P. Sharifi, R. Karimizadeh and M. Mohammadi. 2018. Estimation of genetic parameters of yield and yield components in rainfed durum wheat through diallel cross. Journal of Crop Breeding, 10(25): 176-184.
30. Shanahan, J.F., D.H. Smith and J.R. Welsh. 1984. An analysis of post-anthesis sink-limited winter wheat grain yields under various environments. Agronomy Journal, 76(4): 611-615.
31. Sharma, R. 1998. Statistical and Biometrical techniques in plant breeding. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi, 178-197 pp.
32. Shehzad, M., S.B. Hussain, M.K Qureshi, M. Akbar, M. Javed, H.M. Imran and S.A. Manzoor. 2015. Diallel cross analysis of plesiomorphic traits in *Triticum aestivum* L. genotypes. Genetics and Molecular Research, 14(4): 13485-13495.
33. Shewry, P.R. and S.J. Hey. 2015. The contribution of wheat to human diet and health. Food and Energy Security, 4(3): 178-202.
34. Singh, H., S.N. Sharma and R.S. Sain. 2004. Combining ability for some quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). Crop Science, 45: 68-72.
35. Singh, R.P. and S. Singh. 1992. Estimation of genetic parameters through generation means analysis in bread wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 52: 369-375.
36. Soughi, H. and M. Khodarahmi. 2021. Estimation of Genetically Parameters and Combining Ability of yield and Yield Components in Bread Wheat by Diallel Method. Journal of Crop Breeding, 13(37): 205-212 (In Persian).
37. Tahmasebi, S., M. Khoddambashi and A. Rezai. 2007. Estimation of genetic parameters of grain yield and related characteristics using diallel cross analysis under drought stress and normal irrigation. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 1: 229-240 (In Persian)
38. Topal, A.C.A., N. Akgün and M. Babaoglu. 2004. Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. Field crops research, 87(1): 1-12.
39. Tousi Mojarrad, M. and M.R. Ghannadha. 2008. Diallel Analysis for Estimation of Genetic Parameters in Relation to Traits of Waheat Height in Normal and Drought Conditions. Journal of Crop Production and Processing, 12(43): 143-155 (In Persian).
40. Vanda, M. and S. Houshmand. 2012. Estimation of genetic parameters of some important agronomic traits in durum (Triticum turgidum Var. durum) wheat. Agronomy Journal, 95: 70-76.
41. Zabet, M., A. Ebrahimzade, Z. Alizadeh and A.R. Samadzadeh. 2020. Investigation of General and Specific Combining Ability and Genetic Analysis of Different Traits of Bread Wheat under Non-Stress and Drought Stress Conditions. Journal of Plant Genetic Researches, 6(2): 141-156.
42. Zadoks, J.C., T.T. Chang and C.F. Konzak. 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. Weed research, 14(6): 415-421.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]

Genetic Analysis of Grain Yield and Yield Components in Bread Wheat using Hayman's Diallel Method

Saeed Bagherikia[1], Habiballah Soughi[2] and Manouchehr Khodarahmi[3]

1- Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran. (Corresponding author: s.bagherikia@gmail.com)
2- Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran
3- Seed and Plant Improvement Institute, AREEO, Karaj, Iran
Received: 29 Noveber 2021 Accepted: 2 January 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: By progeny trial after a diallel crossing, the function of genes and inheritance of quantitative traits can be estimated. This increases the ability to select parental lines, to participate in crosses, and determines the management of generations in the segregating populations.

Material and Methods: In order to understand the genetic structure of grain yield and yield components, seven bread wheat cultivars including Bolani, Falat, Mehrgan, Meraj, Kalateh, Frontana and MV17 were planted in the crossing block and direct crosses were performed among the seven cultivars to produce F_1 generation. The progenies of the crosses with their parents were evaluated based on a randomized complete block design (RCBD) with three replications in Gorgan agricultural research station in 2020-2021 cropping season.

Results: The results of this experiment showed a significant difference among the genotyps in all the studied traits. Estimation of genetic parameters using Heiman's method showed that the values of dominance variance were significantly greater than the additive variance in grain yield, biological yield, 100-kernel weight, number of grains per spike, grain weight per spike and peduncle length. There was a small difference between the values of dominance and additive variance in the plant height and days to anthesis. In biological yield, 100-kernel weight and days to anthesis, the proportion of dominant alleles and was greater than the recessive alleles in parents, while the proportion of dominant and recessive alleles was equal in the other traits. High broad-sense heritability in grain yield (89%) and biological yield (93%) and grain weight per spike (74%) and their low narrow-sense heritability (10%, 10% and 13, respectively) showed a greater share of the dominance effect in controlling these traits. The results of graphical analysis showed that grain yield, biological yield and 100-kernel weight were controlled with dominance gene action and number of grains per spike, peduncle length and plant height were controlled with incomplete dominance gene action. The distribution of parents around the regression line showed that Falat and Mehregan cultivars carried the most dominant genes and MV17 and Frontana cultivars carried the most recessive genes in controlling grain yield and biological yield.

Conclusion: The results of this study indicated that due to the greater share of non-additive effects of genes in grain yield, biological yield and yield components, it is better to select among the progenies of the crosses be postponed to more advanced generations. While, genetic improvement in plant height and days to anthesis can be achieved in the early generations.

Keywords: Covariance, Cross, Degree of dominance, Gene action, Regression

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-09]

[DOI: 10.52547/jcb.14.41.1]