Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 48, Winter 2024 p: 62-77

"Research Paper"

Genetic Analysis of Different Traits of Sesame using Hyman's Numerical and Graphical Method under Drought Stress

Mohammad Zabet[1], Fahimeh Barazandeh[2] and Alireza Samadzadeh[3]

1- Associate professor, Department of Production and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, University of Birjand. Birjand, Iran, (Corresponding author: mzabet@birjand.ac.ir)
2- Former M.Sc. student, Department of Production and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
3- Instructor, Department of Production and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran.

Received: 13 January, 2023 Accepted: 18 November, 2023

Extended Abstract

Introduction: Sesame is one of the oldest crops and probably the oldest oilseed in the world. In most regions, the landrace and local masses of sesame are used. To increase production and yield, the production of modified cultivars for different agricultural climates is extremely important.

Material and methods: Seven genotypes included Isfahan, Sirjan, Fars, Oltan, Jiroft, Sabzevar, TS-3 and 21 hybrids that were obtained from them were studied in the research farm of the Faculty of Agriculture of the University of Birjand under the drought stress conditions during 2015-2018. The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications as a 7 × 7 one-way diallel. In this study, several traits were measured. These traits were including plant height, height to the first fruiting capsule, number of capsules per plant, number of sub-branches, number of leaves, leaf length, number of seeds per capsule, capsule length, capsule weight, capsule width, days to 50% and 90% flowering, days to physiological maturity, thousand seed weight, oil percentage, protein percentage, amount of chlorophyll a, chlorophyll b, total chlorophyll, biological yield, economic yield and harvest index.

Results: The investigation of the adequacy of the additive-dominance model showed that the model was sufficient in the traits including plant height, capsule length, capsule weight, number of leaves, number of sub-branches, number of capsules per plant, economic yield, biological yield, days to 50 flowering, days to 90% flowering and days to physiological maturity, and therefore diallel analysis was done on these traits. Hayman's variance analysis showed that were significant component a (additive effects of genes) in all traits and component b (dominant effects of genes) in all traits except plant height. Also, were significant the component b_1 (mean dominance effects) in most traits except plant height, number of auxiliary branches, number of capsules and seed yield, the component b_2 (other dominance deviation due to the parents) in most traits except plant height, number of auxiliary branches and number of capsules, and the component b_3 (residual dominance variation) in all traits except plant height. The investigation of genetic parameters showed significant additive genetic component (D) and dominanant genetic components (H_1 and H_2) in most traits. Also were significant the component F (average covariance of additive and dominance effects) and the component h^2 (the overall dominance effect of heterozygous loci) in half of the traits. The average degree of dominance ($\sqrt{(H_1/D)}$) in different traits was observed as additive, incomplete, and over dominance. In all characteristics, except capsule weight, the ratio of genes with positive and negative effects ($H_2/(4H_1)$) was not equal to 0.25; therefore, in all traits, increasing and decreasing genes did not have symmetrical distribution among parents. The ratio of dominant and recessive genes in parents ($(\sqrt{(4DH_1)}+F)/(\sqrt{(4DH_1)}-F)$) was more than unity in most of the traits, so there was an uneven distribution of dominant and recessive genes in most of the traits. The number of dominant gene groups (h^2/H_2) was obtained from 0 to 2.04; therefore, all traits were controlled by one or two gene blocks. Broad sense (h_b^2) and narrow sense (h_n^2) heritability were high in all traits.

Conclusion: In the traits studied, the type of action of genes controlling the traits, the ratio of dominant and recessive genes, the ratio of genes with increasing and decreasing effects, additive effects and dominance were variable and were different in most of the traits. Generally, most traits were controlled by genes with additive and dominant effects. The high heritability estimate indicates the promising news of the studied genetic materials in future studies. Therefore, among these materials, better genotypes can be selected for the climatic conditions of Birjand, so that it can be further investigated in the future.

Keywords: Additive Variance, Dominance Variance, Heritability, Genetic Ratios, Regression Coefficient

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

OPEN ACCESS

"مقاله پژوهشی"

تجزیه ژنتیکی صفات مختلف کنجد با استفاده از روش عددی و گرافیکی هیمن تحت تنش خشکی

محمد ضابط[۱]، فهیمه برازنده[۲] و علیرضا صمدزاده[۳]

۱- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران، (نویسنده مسوول: mzabet@birjand.ac.ir)
۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران
۳- مربی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۰/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۸/۲۷
صفحه: ۶۲ تا ۷۷

چکیده مبسوط

مقدمه: کنجد یکی از قدیمی‌ترین گیاهان زراعی و احتمالا کهن‌ترین نبات روغنی جهان است. در اغلب مناطق دنیا از توده‌های بومی و محلی کنجد استفاده می‌شود. تولید ارقام اصلاح شده برای اقلیم‌های زراعی متفاوت به‌منظور افزایش تولید و عملکرد از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است.

مواد و روش‌ها: هفت ژنوتیپ اصفهان، سیرجان، فارس، اولتان، جیرفت، سبزوار و TS-3 و ۲۱ دورگ حاصل از آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار به صورت آزمایش دای‌آلل یک طرفه ۷ × ۷ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند تحت شرایط تنش خشکی طی سال‌های ۹۷-۱۳۹۴ مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه صفات ارتفاع بوته، ارتفاع تا اولین کپسول میوه‌دهنده، تعداد کپسول در بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد برگ، طول برگ، تعداد دانه در کپسول، طول کپسول، وزن کپسول، عرض کپسول، تعداد روز تا ۵۰ و ۹۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه، درصد روغن، درصد پروتئین، میزان کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل، عملکرد بیولوژیک، عملکرد اقتصادی و شاخص برداشت اندازه‌گیری شد.

یافته‌ها: بررسی کفایت مدل افزایشی – غالبیت نشان داد که در صفات ارتفاع بوته، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، تعداد روز تا ۵۰ گلدهی، تعداد روز تا ۹۰ درصد گلدهی و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک مدل کفایت نمود و لذا بر روی این صفات تجزیه دای‌آلل صورت گرفت. تجزیه واریانس هیمن نشان داد که پارامتر a (اثرات افزایشی ژن‌ها) در تمامی صفات، پارامتر b (اثرات غالبیت ژن‌ها) در تمامی صفات به غیر از ارتفاع بوته، پارامتر b_1 (میانگین اثرات غالبیت) در اکثر صفات به غیر از ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول و عملکرد دانه پارامتر b_2 (انحراف غالبیت اضافی ناشی از والدین) در اکثر صفات به غیر از ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی و تعداد کپسول و پارامتر b_3 (اثرات غالبیت باقیمانده) در تمامی صفات به غیر از ارتفاع بوته معنی‌دار بود. بررسی پارامترهای ژنتیکی نشان داد که پارامتر D (تنوع ناشی از اثرات افزایشی ژن‌ها) و پارامتر H_1 و H_2 (تنوع ناشی از اثرات غالبیت ژن‌ها) در اکثر صفات، پارامتر F (متوسط کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت) و پارامتر h^2 (یکسانی و عدم یکسانی گروه‌های ژنی مثبت و منفی) در نیمی از صفات معنی‌دار گردیدند. متوسط درجه غالبیت $(\sqrt{(H_1/D)})$ در صفات مختلف به‌صورت افزایشی، غالبیت ناقص و فوق غالبیت مشاهده شد. در کلیه صفات به غیر از وزن کپسول نسبت ژن‌های با اثرات مثبت و منفی $(H_2/(4H_1))$ برابر با ۰/۲۵ نبود، لذا در کلیه صفات ژن‌های افزاینده و کاهنده توزیع متقارنی در بین والدین نداشتند. نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین $((\sqrt{(4DH1)-F})+F)/(\sqrt{(4DH1)-F})$ در اکثر صفات فراتر از واحد بود، لذا توزیع نامساوی ژن‌های غالب و مغلوب در اکثر صفات وجود داشت. تعداد گروه‌های ژنی دارای غالبیت (h^2/H_2) در محدوده صفر تا ۲/۰۴ به‌دست آمد، لذا تمامی صفات توسط یک یا دو بلوک ژنی کنترل شدند. وراثت‌پذیری عمومی (h_b^2) و خصوصی در کلیه صفات مقادیر بالایی داشتند.

نتیجه‌گیری: در صفات مورد مطالعه نوع عمل ژن‌های کنترل‌کننده صفات، نسبت ژن‌های غالب و مغلوب، نسبت ژن‌های با اثرات افزاینده و کاهنده، اثرات افزایشی و غالبیت متغیر بود که در اکثر صفات با هم متفاوت بود. به طور کل اکثر صفات توسط ژن‌های با اثرات افزایشی و غالبیت کنترل می شدند. برآورد وراثت‌پذیری بالا نشـــان‌دهنده امیدبخش بودن مواد ژنتیکی مورد مطالعه در مطالعات آتی را دارد. بنابراین می‌توان از بین این مواد، ژنوتیپ‌های بهتر را برای شرایط آب و هوایی بیرجند انتخاب نمود تا در آینده مورد بررسی بیشتر قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: ضریب‌رگرسیون، نسبت‌های‌ژنتیکی، واریانس‌افزایشی، واریانس‌غالبیت، وراثت‌پذیری

مقدمه

کنجد (*Sesamum indicum* L) ششمین دانه روغنی و دوازدهمین روغن گیاهی تولید شده در جهان می‌باشد. سودان، میانمار و تانزانیا سه کشور مهم تولیدکننده کنجد در جهان می‌باشند. میزان تولید آن در دنیا ۶/۸ میلیون تن و کل سطح زیرکشت آن نزدیک به ۱۴ میلیون هکتار می‌باشد. سطح زیر کشت کنجد در ایران ۴۲۰۰۰ هکتار و میزان تولید آن ۲۹۰۰۰ تن با میانگین ۶۹۰ کیلوگرم در هکتار می‌باشد. ایران سی‌امین تولیدکننده کنجد در دنیا می‌باشد (FA0, 2022). رقابت شدید با دانه‌های روغنی مانند سویا، آفتابگردان و بادام زمینی، عملکرد پایین دانه در هکتار و مشکل مکانیزاسیون سبب کاهش رتبه آن در بین دانه‌های روغنی شده است. استفاده از دانش و فن‌آوری‌های جدید در برنامه‌های اصلاحی کمک مفیدی به توسعه کشت این گیاه خواهد نمود (Ram et al., 1990).

گیاه کنجد به‌دلیل دارا بودن سیستم ریشه‌ای بسیار منشعب به خشکی مقاوم است، اما در مرحله گلدهی و اوایل دانه بستن به کم آبی حساس می‌باشد (Fazeli Kakhki et al., 2014). افزایش عملکرد و توسعه ارقام پر محصول در شرایط تنش امری ضروری است و معمولاً اصلاح کنجد براساس صفات کنترل‌کننده عملکرد مانند تعداد کپسول، زیست‌توده و شاخص برداشت پایه‌ریزی می‌شود (Sarwar and Hussain, 2010).

استفاده از روش اصلاحی مناسب و گزینش درست شانس دستیابی به ژنوتیپ‌های بهبود یافته را افزایش می‌دهد (Mokhtarifar et al., 2016). زمانی‌که هدف به‌نژادگر، اصلاح چند صفت به‌طور هم‌زمان باشد، ابتدا باید پارامترهای ژنتیکی مرتبط با هرکدام از صفات را برآورد و سپس بر اساس این اطلاعات روش اصلاحی مناسب را انتخاب کند (Soughi and Khodarahmi, 2021). برای تعیین دقیق شایستگی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

صفات افزایش‌دهنده عملکرد در شرایط معمول و تنش روش‌های آماری مختلفی وجود دارد و روش هیمن یک تکنیک قدرتمند آماری است که اجزاء ژنتیکی واریانس، نسبت ژن‌های غالب و مغلوب، نوع عمل ژن، تعداد ژن‌ها، وراثت‌پذیری و بعضی پارامترهای ژنتیکی دیگر را برآورد می‌کند (Hayman, 1954a; Hayman, 1954b).

طی یک مطالعه صفات زودرسی و اقتصادی کنجد با استفاده از تجزیه دای‌آلل به‌روش هیمن مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که هر دو پارامتر D (پارامتر افزایشی) و H_2 (پارامتر غالبیت) در صفات روز تا اولین گلدهی و اولین گره میوه دهنده، ارتفاع تا اولین گل و اولین گره میوه دهنده و روز تا ۵۰ درصد گلدهی معنی‌دار بود. متوسط درجه غالبیت کمتر از یک برای کلیه صفات مورد مطالعه به غیر از وزن هزاردانه بود. در بیان وزن هزاردانه فوق غالبیت نقش داشت. مقادیر h^2/H_2 برای تمام صفات مورد مطالعه کمتر از یک و آلل‌های مغلوب بیشتر از آلل‌های غالب بود. مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدگی و محتوای روغن بالا، برای ارتفاع تا اولین گره میوه دهنده متوسط و برای عملکرد دانه کم بود (Saravanan et al., 2000b). طی یک مطالعه دیگر معلوم شد که اپیستازی در ارتفاع گیاه و تعداد شاخه‌ها نقش دارد و با توجه به مقادیر D و H_1، در تعداد شاخه‌ها واریانس افزایشی و در ارتفاع بوته واریانس غالبیت از اهمیت بیشتری برخوردار بود. مقادیر وراثت‌پذیری خصوصی برای تعداد شاخه‌ها بالا، در حالی که برای سایر صفات پایین یا متوسط بود (Bakheit and Mahdy, 1987).

تریپاتی و حسن (Tripathi and Hasan, 2004) با بررسی عمل ژن در F_1 و F_2 به‌دست آمده از تلاقی دای‌آلل شش والد نشان دادند که تفاوت‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها برای هر ده صفت وجود داشت. پارامتر افزایشی برای عملکرد و اجزای عملکرد و پارامتر غیر افزایشی برای همه صفات در F_1 معنی‌دار بود. آلل‌های مغلوب برای شاخه‌های یک بوته و کپسول در بوته بیشتر از آلل‌های غالب بودند. توزیع ژن‌های دارای اثرات مثبت و منفی برای وزن هزاردانه، روز تا رسیدگی، شاخه در بوته، کپسول در ساقه اصلی، کپسول در بوته و عملکرد در بوته متقارن تا تقریباً متقارن بود. طی یک مطالعه دیگر نوع عمل ژن در عملکرد و ده صفت وابسته به آن در یک نیم دای‌آلل ۶×۶ مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین ۱۵ هیبرید و شش والد آن‌ها در تمام صفات وجود داشت. واریانس ژنتیکی غیر افزایشی برای همه صفات، به‌جز روزها تا رسیدگی و مقاومت در برابر لکه برگی آلترناریا مشاهده شد. ده صفت فوق غلبه را نشان داد. آلل‌های مغلوب غالباً در کنترل ژنتیکی شاخه‌های میوه دهنده در بوته، کپسول در بوته و عملکرد بوته نقش داشتند. توزیع ژن‌ها با اثرات مثبت و منفی در صفات وزن هزار دانه، شاخه‌های میوه دهنده در بوته، کپسول در بوته، عملکرد بوته و عملکرد روغن متقارن یا تقریباً متقارن بود. والدین در صفات کپسول در بوته، وزن هزاردانه و میزان روغن دارای ژن‌های منفی اکثراً غالب بودند، در حالی که برای بقیه صفات ژن‌های مثبت مغلوب مشاهده شد (El-Bramawy and Shaban, 2007). آلاجی آباچوا و همکاران با ارزیابی ۱۵ هیبرید، والدین آن‌ها و شش رقم به این نتیجه رسیدند که والدین برای صفت درصد روغن نسبت متوسطی از ژن‌های غالب را داشتند، متوسط درجه غالبیت کمتر از یک و متوسط درجه غالبیت مثبت بود. آن‌ها وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی محتوای روغن را به‌ترتیب ۰/۹۵ و ۰/۸۸ گزارش نمودند (Aladji Abatchoua et al., 2015).

راتود و همکاران (Rathod et al., 2021) طی یک مطالعه، اطلاعات ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد کنجد را با استفاده از تجزیه دی آلل کامل ۸×۸ برآورد نمودند و به این نتیجه رسیدند که بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات اختلاف بسیار معنی‌داری وجود داشت. جزء D برای تمامی صفات به‌غیر از روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدن، تعداد کپسول در بوته و عملکرد دانه در بوته معنی‌دار بود. اجزای H_1 و H_2 نیز برای همه صفات به‌جز روز تا رسیدن، وزن هزار دانه و محتوای روغن معنی‌دار بودند. توزیع نامتعادل ژن‌ها با مقدار بیشتر H_1 نسبت به H_2 و نسبت ($H_2/4H_1$) کمتر از یک تأیید شد. مؤلفه F برای ارتفاع بوته، تعداد شاخه در بوته و طول کپسول معنی‌دار بود. تجزیه و تحلیل گرافیکی Vr-Wr نشان داد که خط رگرسیون محور Wr را در صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدن، ارتفاع بوته، تعداد کپسول در بوته، طول کپسول، تعداد دانه در کپسول، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و میزان روغن در زیر مبداء و در صفت تعداد شاخه در بوته بالای مبداء قطع نمود. بررسی هشت ژنوتیپ کنجد به‌روش دای‌آلل نشان داد که میانگین مربعات ناشی از ترکیب‌پذیری عمومی برای همه صفات بسیار معنی‌دار بود. جزء D یا اثرات افزایشی ژن‌ها برای تمامی صفات به‌جز عملکرد دانه در بوته و شاخص برداشت و مولفه‌های H_1 و H_2 برای تمامی صفات به‌جز روز تا بلوغ معنی‌دار بودند. تجزیه و تحلیل گرافیکی برای صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در کپسول، محتوای روغن و سطح برگ در بوته فوق غالبیت و برای صفت روز تا بلوغ، غالبیت نسبی نشان داد (Gami et al., 2020). کومار و همکاران (Kumar et al., 2021) با مطالعه هفت ژنوتیپ کنجد به‌روش دی آلل نیز نشان دادند که جزء D برای تمامی صفات معنی‌دار بود. در این مطالعه مقادیر بیشتر H_1 نسبت به H_2 و نسبت ($H_2/4H_1$) کمتر از یک و هم‌چنین مقدار مولفه K_D/K_R بیش از یک بود. تجزیه و تحلیل گرافیکی برای همه صفات به جز ارتفاع بوته فوق غالبیت را نشان داد.

بررسی گزارش‌های گوناگون و صفات مختلف نشان می‌دهد که نوع عمل ژن در صفات مختلف با توجه به شرایط محیطی و نوع والدین به‌کار رفته متغیر است. تجزیه و تحلیل ژنتیکی شش ژنوتیپ والدینی کنجد به‌همراه F_1های آن‌ها نشان داد که پارامتر غالبیت (H_1) و فوق غالبیت برای اکثر صفات بسیار معنی‌دار بود. وراثت‌پذیری خصوصی روز تا ۵۰ درصد گلدهی ۶۲ درصد و روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی ۷۷ درصد گزارش شد (Abd El-Kader et al., 2017). طی یک مطالعه برای صفات تعداد شاخه در بوته، تعداد کپسول در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته فوق‌غلبه مشاهده شد و برای روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد کپسول در بوته مقدار F منفی به‌دست آمد (Suganthi, 2018). مطالعه نه ژنوتیپ

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

کنجد و ۳۶ هیبرید F_1 و F_2 به‌صورت دای‌آلل در چهار محیط مختلف برای بررسی عملکرد ژن برای عملکرد دانه در بوته و اجزای آن نشان داد که اجزای افزایشی و همچنین غالبیت برای عملکرد دانه در بوته و اجزای آن در محیط‌های مختلف معنی‌دار بودند. به‌طور کل در اکثر صفات در همه محیط‌ها از جمله عملکرد دانه در بوته، مقدار نسبی اجزای غالبیت بیشتر از اجزای افزایشی بود و میانگین درجه غالبیت فوق غالبیت و تخمین $H_2/4H_1$ تقارن ژنی را شنان داد. هم‌چنین تخمین KD/KR نشان از بیشتر بودن آلل‌های غالب داشت (Sapara et al., 2019).

مرور تحقیقات قبلی برای برآورد ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای آن به روشنی نشان می‌دهد که نوع عمل ژن در بیان صفات مختلف متغیر است که این امر به‌دلیل استفاده از والدین، محیط‌ها و روابط متقابل متفاوت آن‌ها می‌باشد. با توجه به قدمت کشت و کار کنجد در استان خراسان جنوبی پژوهش حاضر با استفاده از والدین و نتاج F_1 به‌منظور تعیین نوع عمل ژن، تعیین درجه غالبیت، توزیع ژن‌های غالب و مغلوب و ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین در صفات کمی و مورفوفیزیولوژیک کنجد در شرایط تنش خشکی و شرایط آب و هوایی بیرجند به‌روش دی‌آلل صورت گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

هفت ژنوتیپ کنجد شامل اردستان، سیرجان، فارس، سبزوار و جیرفت، اولتان و TS3 در طی سال‌های ۹۶-۱۳۹۴ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند کشت و دورگ‌گیری بین آن‌ها انجام شد. مقاومت به خشکی این ژنوتیپ‌ها طی مطالعات قبلی (Askari, 2014) تعیین و ژنوتیپ‌های سیرجان، فارس، سبزوار حساس، جیرفت نیمه‌مقاوم و ژنوتیپ اردستان و ارقام اولتان و TS-3 مقاوم به تنش خشکی بودند (جدول ۱).

جدول ۱- نام و منشاء ژنوتیپ‌های کنجد

Table 1. Name and origin of sesame genotypes

ژنوتیپ Genotype	منبع Source	مقاومت به خشکی Drought resistance
اردستان Ardestan	استان اصفهان- اردستان Esfahan province - Ardestan	مقاوم Resistant
سیرجان Sirjan	استان کرمان – سیرجان Kerman province - Sirjan	حساس Susceptible
فارس Fars	استان فارس- شیراز Shiraz province- Fars	حساس Susceptible
سبزوار Sabzevar	استان خراسان رضوی- سبزوار Khorasan Razavi province - Sabzevar	حساس Susceptible
جیرفت Jiroft	موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر Seed and Plant Certification and Registration Institute	نیمه‌مقاوم Semi- resistant
اولتان Oltan	موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر Seed and Plant Certification and Registration Institute	مقاوم Resistant
TS3	موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر Seed and Plant Certification and Registration Institute	مقاوم Resistant

در تابستان ۱۳۹۴ کلیه تلاقی‌های ممکن به‌صورت دی‌آلل انجام و در اوایل پاییز بذور حاصل از بوته‌های مادری و F_1 برداشت و در بهار ۱۳۹۵ بذرهای والدین (هفت ژنوتیپ) به‌همراه ۲۱ دورگ به‌دست آمده (مجموعا ۲۸ ژنوتیپ) در یک طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت شدند. بذرها در خطی به طول دو متر با فاصله ۱۰ سانتی‌متر روی ردیف و ۶۰ سانتی‌متر بین ردیف‌ها و در عمق دو الی پنج سانتی‌متر در اردیبهشت ماه کشت شدند. در شرایط تنش بر اساس ۲۵۰ میلی‌متر و در شرایط بدون‌تنش بر اساس ۱۰۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر A آبیاری انجام شد. بر این اساس از زمان شروع گلدهی آبیاری هر ۲۰ روز صورت گرفت در حالی‌که دور آبیاری معمول در منطقه هر ۱۰ روز بود و در شرایط بدون تنش نیز هر ۱۰ روز آبیاری صورت گرفت. صفات ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع تا اولین کپسول میوه‌دهنده (سانتی‌متر)، تعداد کپسول در بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد برگ، طول برگ (سانتی‌متر)، تعداد دانه در کپسول، طول کپسول (سانتی‌متر)، وزن کپسول (گرم)، عرض کپسول (سانتی‌متر)، تعداد روز تا ۵۰ و ۹۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه (گرم)، درصد روغن، درصد پروتئین، میزان کلروفیل a، کلروفیل b و کلروفیل کل، عملکرد بیولوژیک (گرم)، عملکرد اقتصادی (گرم) و شاخص برداشت اندازه‌گیری شد. طی سال ۱۳۹۶ بعضی از صفات مانند درصد روغن به‌روش سوکسله (Soxhlet, 1879)، درصد پروتئین به‌روش کجلدال (Kjeldahl, 1883) و میزان کلروفیل به‌روش آرنون (Arnon, 1975) به شرح ذیل اندازه‌گیری شد. ابتدا نیم گرم از ماده تر گیاهی را در هاون چینی ریخته و سپس با استفاده از نیتروژن مایع کاملاً خرد گردید. سپس ۲۰ میلی‌لیتر استن ۸۰ درصد به نمونه اضافه و به‌مدت ۱۰ دقیقه سانتیریفیوژ شد. عصاره فوقانی به بالن شیشه‌ای منتقل و در ادامه مقداری از نمونه در کووت اسپکتروفتومتر ریخته و به‌طور جداگانه در طول موج‌های ۶۶۳ نانومتر برای کلروفیل a و ۶۴۵ نانومتر برای کلروفیل b توسط اسپکتروفتومتر مقدار جذب قرائت شد. در نهایت با استفاده از فرمول‌های زیر میزان کلروفیل a، b و کل بر حسب میلی‌گرم بر گرم وزن تر نمونه به‌دست آمد.

رابطه ۱: $Ch.a=(19.3\times A663-0.86\times A645)V/100W$

رابطه ۲: $Ch.b=(19.3\times A645-3.6\times A663)V/100W$

رابطه ۳: $Ch.T = Ch.a + Ch.b$

تجزیه آماری

در اولین گام نرمال بودن داده‌ها بررسی شد. داده‌های آزمایش در ابتدا با بررسی ضریب چولگی و کشیدگی (در بازه ۲

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

تا ۲- داده‌ها نرمال است) و سپس با آزمون شاپیرو- ویلک با نرم‌افزار SPSS برای نرمال بودن آزمون شدند (داده‌ها نرمال بودند). بعد از بررسی نرمال بودن داده‌ها تجزیه واریانس داده‌ها صورت گرفت. کفایت مدل افزایشی- غالبیت از طریق تجزیه Wr-Vr و آماره t^2 برای انحراف خط رگرسیون از مقدار واحد و هم‌چنین آماره t برای بررسی معنی‌داری شیب خط رگرسیون از مقدار صفر و هم‌چنین مقدار واحد صورت گرفت. در صورت صادق بودن کفایت مدل، تجزیه عددی انجام و متعاقب آن در صورت معنی‌دار بودن پارامترهای ژنتیکی درجه اول، پارامترهای ژنتیکی درجه دوم محاسبه و هم‌چنین تجزیه گرافیکی هیمن (Hayman, 1954a; Hayman, 1954b) انجام شد. پارامترهای ژنتیکی درجه اول شامل E (تنوع ناشی از اثرات محیطی)، D (تنوع ناشی از اثرات افزایشی)، H_1 (تنوع ناشی از اثرات غالبیت)، H_2 (تنوع تصحیح شده ناشی از اثرات غالبیت)، F (متوسط کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت بر روی همه آرایه‌ها) و h^2 (اثرات غالبیت: جمع جبری تمامی مکان‌های ژنی هتروزیگوت) و درصورت معنی‌دار بودن برآورد پارامترهای ژنتیکی درجه اول، پارامترهای درجه دوم شامل H_1-H_2: بیانگر فراوانی آل‌های غالب و مغلوب، ($\sqrt{(H_1/D)}$): متوسط درجه غالبیت، ($H_2/(4H_1)$: نسبت ژن‌های با اثرات مثبت (افزاینده) و منفی (کاهنده) در والدین ($\sqrt{(4DH1)}$-F)/($\sqrt{(4DH1)}$+F): نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین، h^2/H_2: تعداد گروه‌های ژنی دارای غالبیت،

$$r\bar{Y}_r(W_r + V_r) = \frac{Cov\ \bar{Y}_r(W_r + V_r)}{\sigma\bar{Y}_r \cdot \sigma_{W_r+V_r}}$$

ضریب همبستگی بین مرتبه غالبیت والدینی برای هر آرایه و میانگین والد مشترک آرایه،
$[((1/2)D_R+(1/4)H_R)/((1/2)D_R+(1/4)H_R+E)]\times100$:

وراثت‌پذیری عمومی،
$[((1/2)D_R)/((1/2)D_R+(1/4)H_R+E)]\times100$:

وراثت‌پذیری خصوصی،
$((1/2)F)^2/D(H_1-H_2)$: سطح غالبیت از یک مکان به مکان ژنی دیگر به‌روش هیمن (Hayman, 1954a; Hayman, 1954b) برآورد گردید. معنی‌داری اجزای D، H_1، H_2، F، h^2 و E با آزمون t (مثلاً $t=(D-0)/SE_D$) و درجه آزادی $r(2n+3)-(5+n)$ صورت گرفت، که n تعداد والدین و r تعداد تکرار آزمایش است. تجزیه هیمن مطابق با برنامه SASHAYDIALL (Makumbi et al., 2018) با استفاده از نرم‌افزار SASv9.2 انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس ساده

در ابتدا کفایت مدل افزایشی- غالبیت مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۲). در اینجا آماره t برای بررسی تفاوت شیب خط رگرسیون از مقدار صفر [$t_0=(b-0)/SEb$] و یک [$t_1=(1-b)/SEb$] و مقایسه آن با t جدول (درجه آزادی $n-۲=۴$ که n تعداد والدین است) مورد بررسی قرار گرفت. چنانچه مقدار t محاسبه شده از t جدول در سطح معنی‌داری ۵ و ۱ درصد (به ترتیب ۲/۸۷ و ۴/۶۰) بیشتر باشد t معنی‌دار خواهد بود. بررسی مقادیر t_0 و t_1 محاسبه شده نشان داد که t_0 در صفات ارتفاع بوته، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، تعداد روز تا ۵۰ گلدهی، تعداد روز تا ۹۰ درصد گلدهی و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک معنی‌دار بود و لذا در این صفات شیب خط تفاوت معنی‌داری با صفر داشت. از طرف دیگر t_1 درکلیه صفات به غیر از طول برگ، شاخص برداشت و درصد پروتئین مقدار t_1 با یک تفاوت معنی‌داری نداشت. به‌عبارت دیگر بر اساس این آزمون کفایت مدل در صفات ارتفاع بوته، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، تعداد روز تا ۵۰ گلدهی، تعداد روز تا ۹۰ درصد گلدهی و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک تایید و در سایر صفات تایید نشد. بررسی کفایت مدل افزایشی- غالبیت از طریق تجزیه Wr-Vr با به‌دست آوردن F از تقسیم MS(Wr-Vr)/MSe و سپس مقایسه با F جدول با درجه آزادی ۵ برای صورت و ۱۰ برای مخرج (به‌ترتیب در سطح ۵ و ۱ درصد برابر با ۳/۳ و ۵/۶)، بررسی شد. در کلیه صفات واریانس Wr-Vr معنی‌دار نشد، لذا بر اساس این آزمون، کفایت مدل افزایشی- غالبیت در تمامی صفات تایید شد. با در نظر گرفتن نتایج دو آزمون تنها صفات ارتفاع بوته، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، تعداد روز تا ۵۰ گلدهی، تعداد روز تا ۹۰ درصد گلدهی و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک به مراحل بعدی تجزیه دای‌آلل وارد شدند و سایر صفات حذف گردیدند. از این مرحله به بعد منظور از تمامی صفات صفاتی است که مورد تجزیه دای‌آلل قرار گرفتند.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ساده نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها در تمامی صفات تفاوت معنی‌داری وجود دارد، بنابراین در گام بعدی تجزیه دای‌آلل در کلیه صفات انجام شد (جدول ۳).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

جدول ۲- بررسی کفایت مدل افزایشی- غالبیت در کنجد

Table 2. Investigation of adequacy of additive - dominance model in sesame

t_{b1}	t_{b0}	واریانس(Wr-Vr) Vr (Wr-Vr)	واریانس خطا Error Variance	صفت Trait
2.11 ns	21.33**	65.16 ns	23.45	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر)(cm) Plant height
0.84 ns	1.31 ns	14.93 ns	14.78	ارتفاع تا اولین کپسول (سانتی‌متر) (cm) Height to first capsule
0.07 ns	0.05 ns	2.21 ns	1.78	عرض کپسول (سانتی‌متر) (cm) Capsule width
2.45 ns	6.98**	15.06 ns	5.32	طول کپسول (سانتی‌متر) (cm) Capsule length
1.85 ns	-0.006 ns	11.25 ns	5.68	کلروفیل a Chlorophyll a
2.22 ns	0.22 ns	9.30 ns	4.01	کلروفیل b Chlorophyll b
1.81 ns	0.34 ns	6.95 ns	3.09	کلروفیل کل Total Chlorophyll
0.56 ns	55.44**	7.69 ns	8.64	وزن کپسول (گرم) (gr) Capsule weight
1.23 ns	19.27**	25.80 ns	15.36	تعداد برگ Leaf number
3.80**	13.67**	11.26 ns	5.66	طول برگ (سانتی‌متر) (cm) Leaf length
1.52 ns	9.35**	24.10 ns	12.36	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches
1.38 ns	0.19 ns	13.75 ns	10.11	تعداد دانه در کپسول Seed per capsule
-0.98 ns	49.98**	36.34 ns	32.45	تعداد کپسول Number of capsules
-0.34 ns	34.34**	54.50 ns	80.15	عملکرد دانه (گرم) (gr) Grain yield
-1.59 ns	81.09**	150.68 ns	65.23	عملکرد بیولوژیک (گرم) (gr) Biological yield
-6.65**	73.15**	3.91 ns	2.33	شاخص برداشت Harvest index
-2.21 ns	26.76**	48.75 ns	16.87	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity
0.51 ns	2.66*	10.99 ns	10.88	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering
-0.39 ns	3.16**	7.78 ns	12.33	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering
2.56 ns	-0.09 ns	4.17 ns	1.40	وزن هزار دانه (گرم) (gr) 1000-seed weight
1.67 ns	0.39 ns	9.07 ns	4.36	درصد روغن (درصد) (%) Oil percent
6.67**	660.33**	15.53 ns	5.23	درصد پروتئین (درصد) (%) Protein percent

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مختلف کنجد در شرایط تنش خشکی

Table 3. Analysis of variance of different traits of sesame in drought stress condition

میانگین مربعات (MS)							
تعداد کپسول Number of capsules	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	تعداد برگ Leaf number	وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	طول کپسول (سانتی‌متر) Capsule length (cm)	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	درجه آزادی DF	منابع تغییر SOV
0.51ns	0.08ns	56.22ns	0.06ns	0.13ns	5.25ns	2	تکرار Replication
44.93**	5.91**	4155.07**	3.59**	33.22**	37.03**	27	ژنوتیپ Genotype
0.33	0.42	42.33	0.003	0.11	5.80	54	خطا Error
9.22	29.62	18.82	9.73	13.45	4.41	–	ضریب تغییرات CV

ادامه جدول ۳-

Continued table 3.

میانگین مربعات (MS)					درجه آزادی DF	منابع تغییر SOV
روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biologic yield (gr)	عملکرد دانه (گرم) Grain yield (gr)		
0.87 ns	0.67 ns	1.33 ns	364.75 ns	230.48**	2	تکرار Replication
8.86**	10.78**	46.51**	840435.13**	64847.55**	27	ژنوتیپ Genotype
0.39	0.27	0.51	306.53	0.044	54	خطا Error
3.01	2.85	2.82	21.17	32.25	–	ضریب تغییرات CV

ns، *، **: به ترتیب نشان‌دهنده عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

ns, *, ** indicate no significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

تجزیه واریانس صفات مختلف کنجد به روش هیمن

نتایج حاصل از تجزیه واریانس هیمن (جدول ۴) نشان داد که پارامتر a که اثرات افزایشی ژن‌ها را نشان می‌دهد در تمامی صفات معنی‌دار شد، بنابراین واریانس ژنتیکی افزایشی در تمامی صفات نقش داشت. پارامتر b که اثرات غالبیت ژن‌ها را نشان می‌دهد نیز در تمامی صفات به‌غیر از ارتفاع گیاه معنی‌دار شد. معنی‌دار بودن این دو پارامتر نشان می‌دهد که در وراثت کلیه صفات هم اثرات افزایشی و هم غالبیت نقش داشتند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

جدول ۴- تجزیه واریانس هیمن در ژنوتیپ‌های کنجد در شرایط تنش خشکی
Table 4. Analysis of variance using Hayman method in sesame genotypes in drought stress condition

تعداد کپسول Number of capsules	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	تعداد برگ Leaf number	وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	طول کپسول (سانتی‌متر) Capsule length (cm)	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	درجه آزادی DF	منبع تغییر SOV
0.51 ns	0.08 ns	56.2 ns	0.06 ns	0.13 ns	5.25 ns	2	تکرار Replication
309.28**	40.36**	27362.60**	25.013**	218.73**	253.80**	6	a
0.58*	0.87*	933.48**	0.012**	9.49**	1.02 ns	21	b
0.55 ns	1.31 ns	4418.00**	0.014*	38.64**	4.10 ns	1	b_1
0.30 ns	0.26 ns	854.71**	0.008*	6.04**	0.82 ns	6	b_2
0.70*	1.10**	718.34**	0.013**	8.89**	0.89 ns	14	b_3
0.33	0.01	45.08	0.003	0.13	4.42	96	خطا Error

ادامه جدول ۴ -

Continue Table 4.

روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (gr)	عملکرد دانه (گرم) Grain yield (gr)	درجه آزادی DF	منبع تغییر SOV
0.87ns	0.67ns	1.33ns	364.7ns	230.5**	2	تکرارReplication
45.78**	45.78**	271.58**	5879701.36**	453477.59**	6	a
13.98**	5.02**	20.74**	4911.93**	30.76**	21	b
22.22**	22.22**	41.80**	1834.45*	2.72 ns	1	b_1
0.80*	0.80*	19.31**	897.52*	24.28**	6	b_2
5.59**	5.59**	19.85**	6852.21**	35.54**	14	b_3
0.36	0.36	0.49	316.97	5.83	96	خطاError

ns، *، **: به‌ترتیب نشان‌دهنده عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد
ns, *, ** indicate no significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

پارامتر b_1 که مقایسه والدها در برابر تلاقی‌ها را مورد بررسی قرار می‌دهد در اکثر صفات به‌غیر از ارتفاع گیاه، تعداد شاخه فرعی و تعداد کپسول، عملکرد دانه معنی‌دار شد، بنابراین در اکثر صفات به‌غیر از صفات فوق‌الذکر هتروزیس وجود داشت. معنی‌دار بودن پارامتر b_1 نشان می‌دهد که غالبیت یک جهته است (Walters and Morton, 1978). پارامتر b_2 که هتروزیس خاص هر والد و توزیع نامتقارن ژن‌های غالب را در بین والدین نشان می‌دهد در تمامی صفات به غیر از ارتفاع گیاه، تعداد شاخه فرعی و تعداد کپسول معنی‌دار شد، بنابراین در تمامی صفات به غیر از صفات ذکر شده فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب نابرابر بود و برخی از والدین دارای ژن‌های غالب بیشتری نسبت به دیگر والدین بودند. پارامتر b_3 که بخشی از انحراف غالبیت خاص هر تلاقی را اندازه‌گیری می‌کند و غالبیت باقیمانده نام دارد در تمامی صفات به غیر از ارتفاع گیاه معنی‌دار شد. معنی‌دار بودن غالبیت باقیمانده (b_3) برای یک صفت وجود غالبیت خاص یا توانایی ترکیب‌پذیری را در برخی از تلاقی‌ها تأیید می‌کند. معنی‌دار بودن تمامی اجزا توسط الاجی و همکاران (Aladji Abatchoua et al., 2015) در مورد برخی از صفات در کنجد گزارش شده است که با نتایج ما مطابقت دارد. با توجه به آن‌که در اینجا تفاوتی بین تلاقی‌های متقابل وجود نداشت، لذا در تمامی صفات اثرات مادری (c) و غیر مادری (d) برابر با صفر به‌دست آمد.

پارامترهای ژنتیکی درجه اول

بررسی پارامترهای ژنتیکی درجه اول (جدول ۵) نشان داد که پارامتر D یا تنوع مربوط به اثرات افزایشی ژن‌ها در شرایط تنش در کلیه صفات معنی‌دار شد، بنابراین در اکثر صفات عمل افزایشی ژن‌ها مهم و موثر بود.

پارامتر H_1 یا تنوع مربوط به غالبیت ژن‌ها در کلیه صفات به‌غیر از ارتفاع گیاه، وزن کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول و عملکرد دانه معنی‌دار گردید، لذا در کلیه صفات به‌غیر از صفات فوق عمل غالبیت ژن‌ها نیز مهم و تاثیرگذار بود. H_2: یا پارامتر تنوع ناشی از اثرات غالبیت تنظیم شده برای توزیع ژن‌ها یا تنوع تصحیح شده مربوط به غالبیت ژن‌ها، درصورت فراوانی مساوی آلل‌های افزاینده و کاهنده مانند H_1 است و در اکثر صفات به غیر از ارتفاع گیاه، وزن کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعدادکپسول و عملکرد دانه معنی‌دار گردید، لذا توزیع نامتقارن ژن‌ها با اثرات مثبت و منفی در والدین در مورد اکثر صفات به غیر از صفات فوق‌الذکر وجود دارد. علاوه بر این، مقادیر H_2 برای تمام صفات (به غیر از ارتفاع گیاه و تعداد کپسول) مورد مطالعه کوچکتر از مقادیر H_1 بود که با فرض نظری هیمن (Hayman, 1954a; Hayman, 1954b) مطابقت دارد و می‌تواند دلیل دیگری برای نسبت نابرابر آلل‌های مثبت و منفی در همه مکان‌های ژنی برای هر یک از صفات مورد مطالعه در والدین باشد. نتایج مشابهی نیز توسط الاحمر و همکاران (EL-Ahmer et al., 1996)، رامش و همکاران (Ramesh et al., 1998)، باخیت و همکاران (Bakheit et al., 2000)، سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) گزارش شده است.

پارامتر F یا متوسط کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت در صفات ارتفاع گیاه، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک معنی‌دار شد و در مابقی صفات معنی‌دار نشد. مقدار F تعیین کننده تقارن ژنی است. در صفات فوق‌الذکر فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی نیست و در مابقی صفات فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب مساوی است. در صفات ارتفاع گیاه، طول کپسول، کلروفیل b، کلروفیل کل، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، عملکرد بیولوژیک، و روز تا ۹۰ درصد گلدهی علامت F منفی و در مابقی صفات علامت F مثبت گردید. در صفاتی که علامت

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

F مثبت است، نتیجه‌گیری می‌شود که آلل‌های غالب صرف‌نظر از مثبت یا منفی بودن در بین والدین فراوانی بیشتری دارند. در مطالعه سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) مقدار F برای طول کپسول و عملکرد دانه در بوته مثبت و بسیار معنی‌دار و برای سایر صفات ناچیز بود.

اثر غالبیت کلی مکان‌های ژنی هتروزیگوت یا h^2 یک اندازه از اثرات غالبیت است و به‌صورت جمع جبری کل مکان‌های ژنی در کلیه تلاقی‌ها در فاز هتروزیگوت می‌باشد. معنی‌دار بودن h^2 عدم یکسانی گروه‌های ژنی مثبت و منفی را در والدین نشان می‌دهند و بیانگر اثرات غالبیت است و به‌صورت جمع جبری کل مکان‌های ژنی در کلیه تلاقی‌ها در فاز هتروزیگوت می باشد. معنی‌دار بودن h^2 عدم یکسانی گروه‌های ژنی مثبت و منفی را در والدین نشان می‌دهد و بیان می‌کند که در همه تلاقی‌ها اثرات غالبیت عمدتاً به فاز هتروزیگوت قابل استناد است و غالبیت برای این صفات یک جهته است. اگر آلل‌های افزاینده در جمعیت بیشتر باشند و آلل‌های غالب باشد علامت h^2 مثبت و بر عکس آن چنانچه آلل‌های کاهنده در جمعیت بیشتر باشد و آلل‌های کاهنده غالب باشد علامت h^2 منفی می‌باشد. در صفات ارتفاع بوته، وزن کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته و عملکرد دانه h^2 معنی‌دار نگردید و لذا در صفات فوق‌الذکر گروه‌های ژنی مثبت و منفی در والدین مساوی است. در مابقی صفات h^2 معنی‌دار گردید و لذا گروه‌های ژنی مثبت و منفی در والدین یکسان نیست. در مطالعه سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) مقدار h^2 برای همه صفات به‌جز یک صفت بسیار معنی‌دار بود. پارامتر E در اکثر صفات معنی‌دار نشد که نشان‌دهنده حساسیت کمتر این صفات به تغییرات محیطی است. این نتایج با نتایج سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) که در آن فقط E برای اکثر صفات معنی‌دار نشد، همسو بود.

جدول ۵- پارامترهای ژنتیکی درجه اول صفات مختلف کنجد در شرایط تنش

Table 5. First-order genetic parameters of different sesame traits under stress condition

پارامترهای ژنتیکی Genetic parameter	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	طول کپسول (سانتی‌متر) Capsule length (cm)	وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	تعداد برگ Leaf number	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	تعداد کپسول Number of capsules
E	1.47±0.03**	0.04±0.28^{ns}	0.003±0.0003**	15.3±29^{ns}	0.14±0.02**	0.11±0.02**
D	23.69±0.09**	14.03±0.8**	2.40±0.00**	2055±83**	3.07±0.07**	30.91±0.07**
F	-0.92-±0.23**	-5.38±1.92**	0.04±0.00**	-353±200^{ns}	-0.77±0.18**	1.48±0.17**
H_1	0.00±0.23^{ns}	7.65±1.93**	0.002±0.002^{ns}	784±201**	0.26±0.18^{ns}	0.15±0.17^{ns}
H_2	0.00±0.20^{ns}	6.24±1.70**	0.002±0.002^{ns}	591±177**	0.30±0.15^{ns}	0.16±0.15^{ns}
h^2	0.00±0.13^{ns}	6.28±1.14**	0.0009±0.001^{ns}	713±119**	0.14±0.10^{ns}	0.03±0.10^{ns}
ML_1-ML_0	0.41−	1.26	-0.02	13.42	0.23	−0.15

ادامه جدول ۵ –

Continued Table 5.

پارامترهای ژنتیکی Genetic parameter	عملکرد دانه (گرم) Grain yield (gr)	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (gr)	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering
E	5.82±1.36**	106±147^{ns}	0.17±0.35^{ns}	0.09±0.13^{ns}	0.12±0.06*
D	43341.64±3.86**	555491±416**	22.90±0.99**	2.36±0.37**	4.42±0.17**
F	156.58±9.26**	-4311±998**	1.56±2.37^{ns}	-1.31±0.90^{ns}	0.20±0.41^{ns}
H_1	10.46±9.29^{ns}	3199±1001**	17.96±2.38**	7.37±0.91**	3.19±0.41**
H_2	8.84±8.19^{ns}	3061±882**	13.49±2.10**	6.65±0.80**	3.09±0.37**
h^2	0.00±5.50^{ns}	247±592^{ns}	6.74±1.41**	9.57±0.53**	3.57±0.25**
ML_1-ML_0	0.33	-8.65	1.31	-1.55	-0.95

ns، *، **: به‌ترتیب نشان‌دهنده عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

ns, *, ** indicate no significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

پارامترهای ژنتیکی درجه دوم

بررسی مقادیر پارامترهای درجه دوم (جدول ۶) نشان داد که مقدار پارامتر H_1-H_2 در کلیه صفات به غیر از تعداد کپسول و تعداد شاخه فرعی مثبت گردید و لذا در کلیه صفات به غیر از دو صفت فوق فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برابر نبود.

متوسط درجه غالبیت ($\sqrt{H_1/D}$) در اکثر صفات شامل ارتفاع، طول کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، وزن کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، روز تا رسیدن فیزیولوژیک و روز تا ۵۰ درصد گلدهی کمتر از یک بود، لذا در این صفات عمل ژن به‌صورت غالبیت ناقص بود و در صفت روز تا ۹۰ درصد گلدهی، مقدار پارامتر بیش از یک بود، لذا در این صفت عمل ژن به‌صورت فوق غلبه بود. در مطالعه سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) مقدار این پارامتر برای صفات روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول کپسول، وزن ۱۰۰۰ دانه و عملکرد دانه در بوته بیشتر از واحد و برای طول کپسول نزدیک به واحد بود.

مقدار پارامتر $H_2/4H_1$ که توزیع ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین را نشان می‌دهد در کلیه صفات به غیر از وزن کپسول از مقدار ۰/۲۵ انحراف داشت و تنها در وزن کپسول دقیقاً برابر با ۰/۲۵ گردید، لذا در کلیه صفات به غیر از وزن کپسول ژن‌های افزاینده (مثبت) و کاهنده (منفی) توزیع نامتقارنی در بین والدین داشتند و تنها در صفت وزن کپسول

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

ژن‌های افزاینده و کاهنده توزیع متقارنی در بین والدین داشتند. این نتایج با مطالعه سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) مطابقت دارد.

پارامتر $(\sqrt{(4DH1)}+F)/(\sqrt{(4DH1)}-F)$ که توزیع ژن‌های غالب و مغلوب در والدین را نشان می‌دهد در اکثر صفات شامل وزن کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، روز تا رسیدن فیزیولوژیک و روز تا ۵۰ درصد گلدهی متفاوت از واحد (یک) گردید، لذا در این صفات ژن‌های غالب و مغلوب به‌طور مساوی در بین والدین توزیع نشده‌اند و ژن‌های غالب بیشتر از مغلوب بودند. در صفات طول کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی و روز تا ۹۰ درصد گلدهی برابر با واحد (یک) در محدوده واریانس نمونه‌گیری گردید، لذا در این صفات ژن‌های غالب و مغلوب با نسبت مساوی در بین والدین توزیع شده‌اند. در صفت ارتفاع گیاه مقدار این پارامتر برابر با صفر گردید که مجدداً بر عدم وجود ژن‌های غالب و مغلوب تأکید می‌کند. لازم به ذکر است که هر چه مقدار این پارامتر از یک فراتر رود تعداد ژن‌های غالب بیشتر و تعداد ژن‌های مغلوب کمتری دخالت دارند، بنابراین در صفت تعداد کپسول بیشترین ژن غالب و کمترین ژن مغلوب و در صفت ارتفاع تا اولین کپسول کمترین ژن غالب و بیشترین ژن مغلوب در کنترل این صفات نقش داشتند.

تعداد گروه‌های ژنی دارای غالبیت یا h^2/H_2 که تعداد بلوک‌های ژنی غالب کنترل کننده صفت را نشان می‌دهد و در حقیقت متفاوت از تعداد فاکتورهای موثر (Mather and Jinks, 1982) می‌باشد در اکثر صفات برابر و یا کمتر از یک به‌دست آمد، لذا اکثر صفات یک بلوک ژنی غالب کنترل کننده صفت وجود داشت. در صفات طول کپسول، تعداد برگ، تعداد روز تا ۹۰ درصد و ۵۰ درصد گلدهی مقدار پارامتر بیش از یک به‌دست آمد و لذا این صفات با بیش از یک بلوک ژنی یعنی دو تا کنترل شدند. معنی‌دار بودن ضریب همبستگی بین مرتبه غالبیت والدینی برای هر آرایه و میانگین والد مشترک آرایه $\{r\overline{Y}_r, (W_r + V_r)\}$ نشان‌دهنده متوسط غالبیت در یک جهت و عدم معنی‌داری آن نشان‌دهنده غالبیت در دو جهت می‌باشد. ضریب همبستگی مثبت نشان‌دهنده آن است که ژن‌های افزایشی موجود در والدین غالب و ضریب همبستگی منفی نشان‌دهنده آن است که ژن‌های افزایشی موجود در والدین مغلوب هستند. با توجه به علامت مثبت این پارامتر در صفات ارتفاع بوته، کلروفیل b، تعداد کپسول، عملکرد بیولوژیک، روز تا ۹۰ درصد گلدهی و روز تا ۵۰ درصد گلدهی، در این صفات ژن‌های افزایشی موجود در والدین غالب بودند و با توجه به علامت منفی این پارامتر در صفات طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، عملکرد دانه و روز تا رسیدن فیزیولوژیک در این صفات ژن‌های افزایشی موجود در والدین مغلوب بودند. h_b^2 یا وراثت‌پذیری عمومی بین حداقل ۰/۸۹ برای ارتفاع گیاه تا حداکثر ۰/۹۹ برای طول کپسول، وزن کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک، متغیر بود. با توجه به این که این پارامتر سهم واریانس ژنتیکی از واریانس فنوتیپی کل را نشان می‌دهد، لذا مقادیر بالای این پارامتر در اکثر صفات نشان‌دهنده سهم بالای واریانس ژنتیکی است. h_n^2 یا وراثت‌پذیری خصوصی بین حداقل ۰/۲۲ برای کلروفیل کل تا حداکثر ۰/۹۹ برای عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک متغیر بود. مقدار بالای این پارامتر برای دو صفت عملکرد منطقی به‌نظر نمی‌رسد که علت این امر می‌تواند وجود خطا در اندازه‌گیری این دو صفت باشد و معنی‌دار بودن اثرات محیطی (E) موید این مطلب می‌باشد. با توجه به آن که مقدار بالای این پارامتر سهم بالای واریانس ژنتیکی افزایشی از واریانس فنوتیپی کل را نشان می‌دهد و از طرفی در اکثر صفات مقدار آن نسبتاً بالا بود، لذا امکان ایجاد نوترکیب‌های مناسب در نسل‌های در حال تفکیک در اکثر صفات وجود دارد. وراثت‌پذیری عمومی بالا نشان می‌دهد که این ویژگی توسط عوامل ژنتیکی اصلی کنترل می‌شود. مقدار وراثت‌پذیری خصوصی بالا به‌طور قابل‌ملاحظه‌ای نشان داد که این صفت عمدتاً توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شود. این مشاهدات با یافته‌های آلج و مصطفی (Alege and Mustapha, 2013)، تریپاتی و همکاران (Tripathi et al., 2014)، البراماوی و شبان (El-Bramawy and Shaban, 2007)، رامش و همکاران (Ramesh et al., 1998) و ویلسون و همکاران (Wilson et al., 2013) مطابقت دارد.

مقدار پارامتر سطح غالبیت از یک مکان به مکان ژنی دیگر $(((1/2)F)^2/D(H_1-H_2))$ در صفات ارتفاع بوته، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، عملکرد بیولوژیک و روز تا ۹۰ درصد گلدهی برابر با صفر بود. در صورتی این نسبت برابر با صفر خواهد بود که مقادیر d {ارزش ژنوتیپ غالب هموزیگوت (AA) بیان شده به‌صورت انحراف از نقطه میانی} و h {ارزش ژنوتیپ هتروزیگوت (Aa) بیان شده به‌صورت انحراف از نقطه میانی} در مکان‌های ژنی متفاوت مستقل از یکدیگر باشند. با توجه به این امر در صفات فوق‌الذکر مقادیر d و h مستقل از یکدیگر بودند و سطح غالبیت از یک مکان ژنی به مکان دیگر متغیر بود. در سایر صفات مقدار این پارامتر بیش از صفر گردید، لذا در این صفات مقادیر d و h مستقل از یکدیگر عمل ننمودند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی درجه دوم صفات مختلف کنجد در شرایط تنش
Table 6. Quadratic genetic parameters of different sesame traits under stress condition

پارامتر Parameter	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	طول کپسول (سانتی‌متر) Capsule length (cm)	وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	تعداد برگ Leaf number	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	تعداد کپسول Number of capsules
H_1-H_2	0.00	0.01	0.00	193	−0.04	−0.01
$\sqrt{(H_1/D)}$	0.00	0.73	0.03	0.61	0.29	0.07
$H_2/(4H_1)$	0.00	0.20	0.25	0.19	0.28	0.26
$\frac{\sqrt{4DH_1}+F}{\sqrt{4DH_1}-F}$	0.00	1	1.59	1	1	2.04
$r\bar{Y}_r, (W_r+V_r)$	0.66	−0.73	−0.06	−0.90	−0.63	0.54
h^2/H_2	0.00	1.01	0.37	1.21	0.49	0.21
h_b^2	0.89	0.99	0.99	0.98	0.91	0.99
h_n^2	0.88	0.83	0.99	0.87	0.87	0.98
$((2.1)F)^2/D(H_1-H_2)$	0.00	0.0930	0.00	0.00	0.00	−1.77

ادامه جدول ۶ -
Continued Table 6.

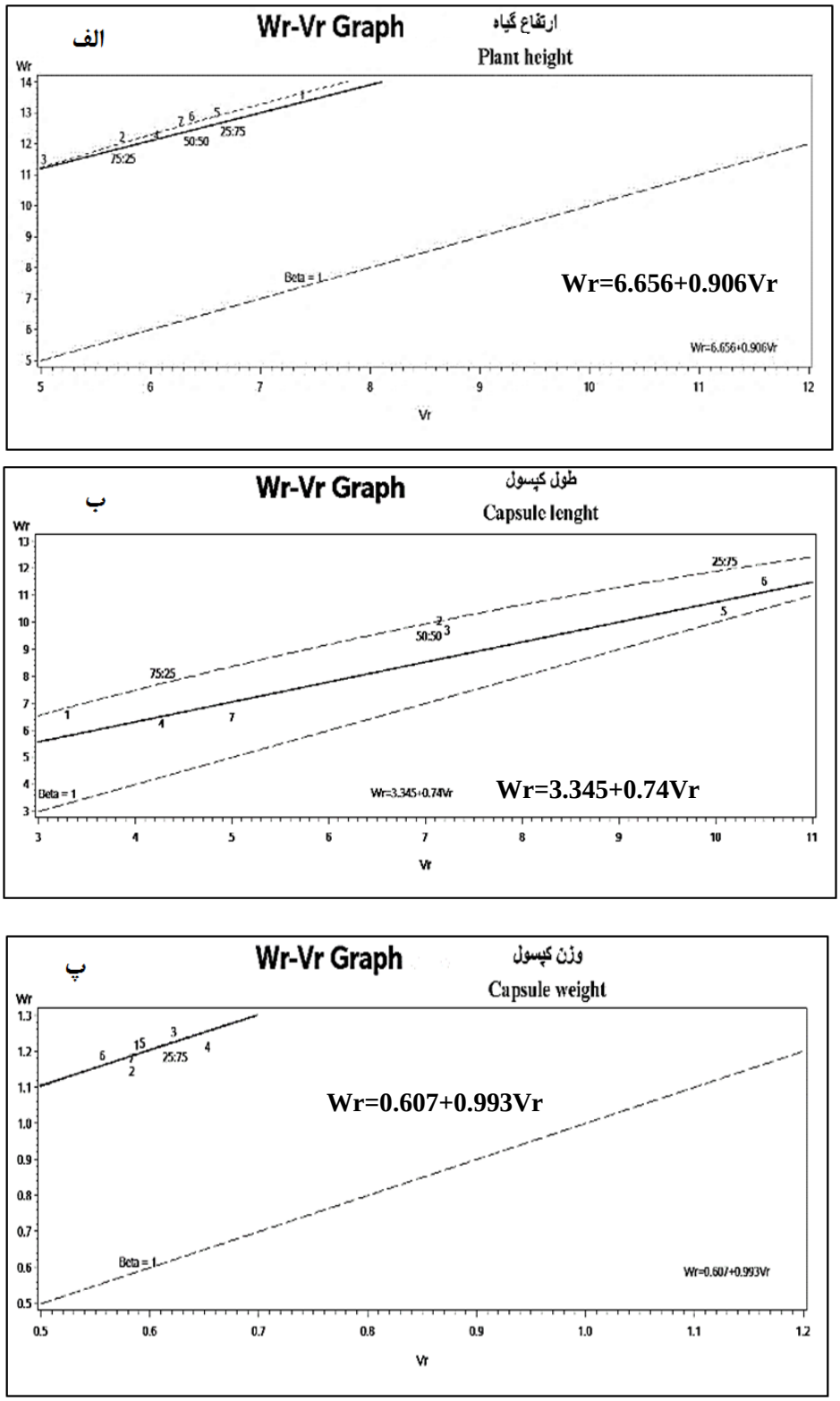
پارامتر Parameter	عملکرد دانه (گرم) Grain yield (gr)	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (gr)	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering
H_1-H_2	1.62	137.71	4.47	0.72	0.10
$\sqrt{(H_1/D)}$	0.01	0.53	0.88	1.77	0.84
$H_2/(4H_1)$	0.21	0.21	0.18	0.22	0.24
$(\sqrt{(4DH1)}+F)/(\sqrt{(4DH1)}-F)$	1.26	1.33	1.07	1	1.05
$r\bar{Y}_r, (W_r+V_r)$	−0.29	0.73	−0.52	0.57	0.23
h^2/H_2	0.00	0.88	0.49	1.43	1.15
h_b^2	0.99	0.99	0.98	0.97	0.95
h_n^2	0.99	0.99	0.78	0.47	0.70
$((2.1)F)^2/D(H_1-H_2)$	0.09	0.00	0.006	0.00	0.02

تجزیه گرافیکی هیمن

با توجه به گراف‌های به‌دست آمده (شکل ۱)، در صفات ارتفاع بوته (شکل ۱ الف)، طول کپسول (شکل ۱ ب)، وزن کپسول (شکل ۱ پ)، تعداد برگ (شکل ۱ ت)، تعداد شاخه فرعی (شکل ۱ ث)، تعداد کپسول در بوته (شکل ۱ ج)، عملکرد دانه (شکل ۱ چ)، عملکرد بیولوژیک (شکل ۱ ح) و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (شکل ۱ خ) خط رگرسیون محور Wr را بالای مبداء قطع نمود و لذا در این صفات عمل ژن به‌صورت غالبیت ناقص بود. در صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی (شکل ۱ د) و روز تا ۹۰ درصد گلدهی (شکل ۱ ذ) خط رگرسیون محور Wr را پایین مبداء قطع نمود، لذا عمل ژن به‌صورت فوق غالبیت بود. این نتایج تا حد زیادی نتایج عددی هیمن (Gami et al., 2020; Hayman, 1954a) را تأیید نمود و در برخی از صفات با نتایج عددی مطابقت نداشت که علت آن می‌تواند عدم معنی‌داری اجزای D و یا H_1 در این صفات باشد.

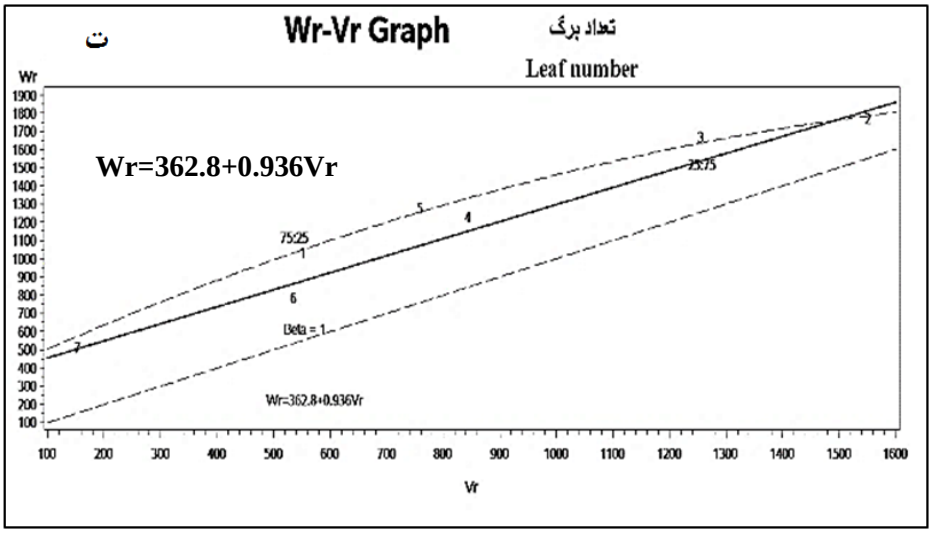
در کلیه نمودارها نقاط آرایش نزدیک مبداء نشان‌دهنده آن است که والد مشترک آن آرایش دارای اکثر آلل‌های غالب و بر عکس نقاط آرایش دور از مبداء نشان‌دهنده آن است که والد مشترک آن آرایش دارای اکثر آلل‌های مغلوب است و نقاط حد واسط دارای نسبت‌های متفاوتی از آلل‌های غالب و مغلوب است. بر این اساس در صفت ارتفاع بوته والد ۳ بیشترین آلل غالب و والد ۱ بیشترین آلل مغلوب، در صفت طول کپسول والد ۱ بیشترین آلل غالب و والد ۶ بیشترین آلل مغلوب، در صفت وزن کپسول والد ۶ بیشترین آلل غالب و والد ۴ بیشترین آلل مغلوب، در صفت تعداد برگ والد ۷ بیشترین آلل غالب و والد ۲ بیشترین آلل مغلوب، در صفت تعداد شاخه فرعی والد ۴ بیشترین آلل غالب و والد ۱ بیشترین آلل مغلوب، در صفت تعداد کپسول در بوته والد ۲ بیشترین آلل غالب و والد ۷ بیشترین آلل مغلوب، در صفت عملکرد دانه والد ۱ بیشترین آلل غالب و والد ۶ بیشترین آلل مغلوب، در صفت عملکرد بیولوژیک والد ۶ بیشترین آلل غالب و والد ۱ بیشترین آلل مغلوب، در صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک والد ۵ بیشترین آلل غالب و والد ۳ بیشترین آلل مغلوب، در صفت روز تا ۵۰ درصد گلدهی والد ۵ بیشترین آلل غالب و والد ۲ بیشترین آلل مغلوب و در صفت روز تا ۹۰ درصد گلدهی والد ۲ بیشترین آلل غالب و والد ۷ بیشترین آلل مغلوب را در خود جای دادند. در تمامی صفات والدهای دیگر حد واسطی از آلل‌های غالب و مغلوب را داشتند. به طور کل والدهای ۱ (اردستان)، ۲ (سیرجان)، ۶ (جیرفت)، ۷ (TS3) بیشترین آلل غالب و والدهای ۱ (اردستان)، ۲ (سیرجان)، ۵ (سبزوار)، ۶ (جیرفت) بیشترین آلل‌های مغلوب را داشتند.

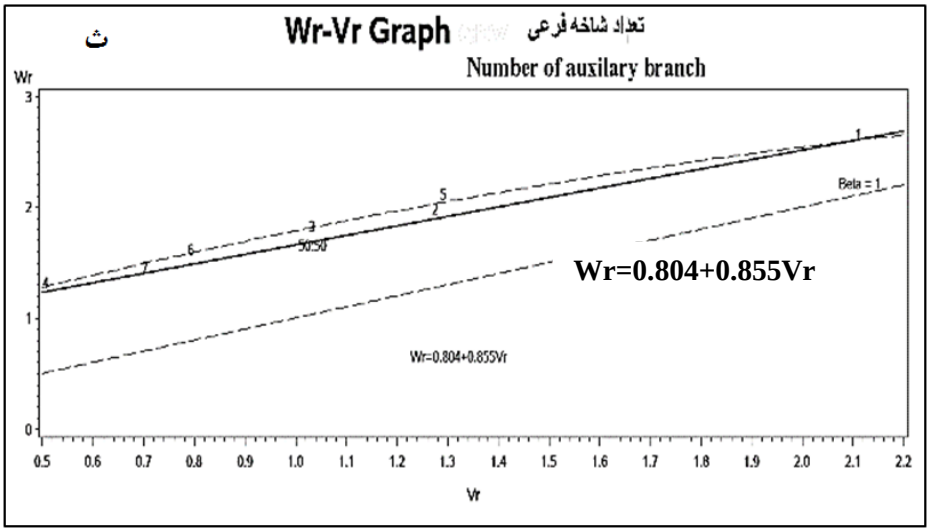
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

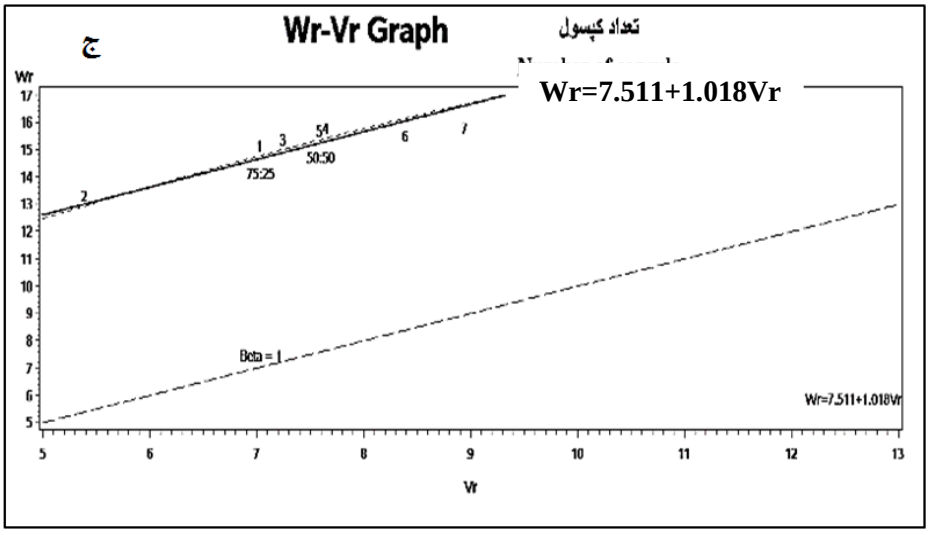


شکل ۱-گراف Wr-Vr صفات مختلف در کنجد
Figure 1. Wr-Vr graph of different traits in sesame
۱- اردستان ۲- سیرجان ۳- فارس ۴- اولتان ۵- سبزوار ۶- جیرفت ۷- TS-3
1. Ardestan 2. Sirjan 3. Fars 4. Oltan 5. Sabzevar 6. Jiroft 7. TS-3

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

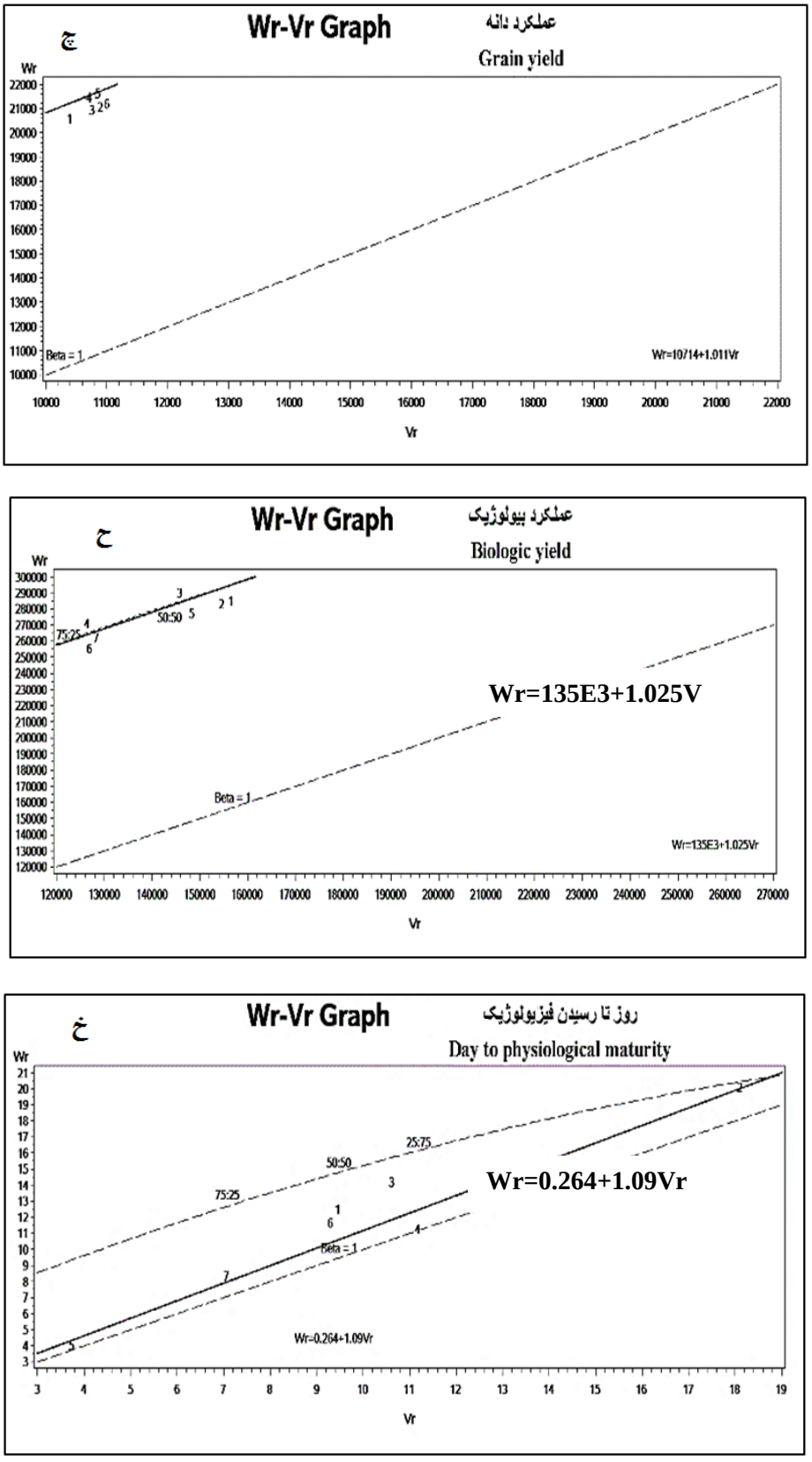






ادامه شکل ۱-
Continue of figure 1.

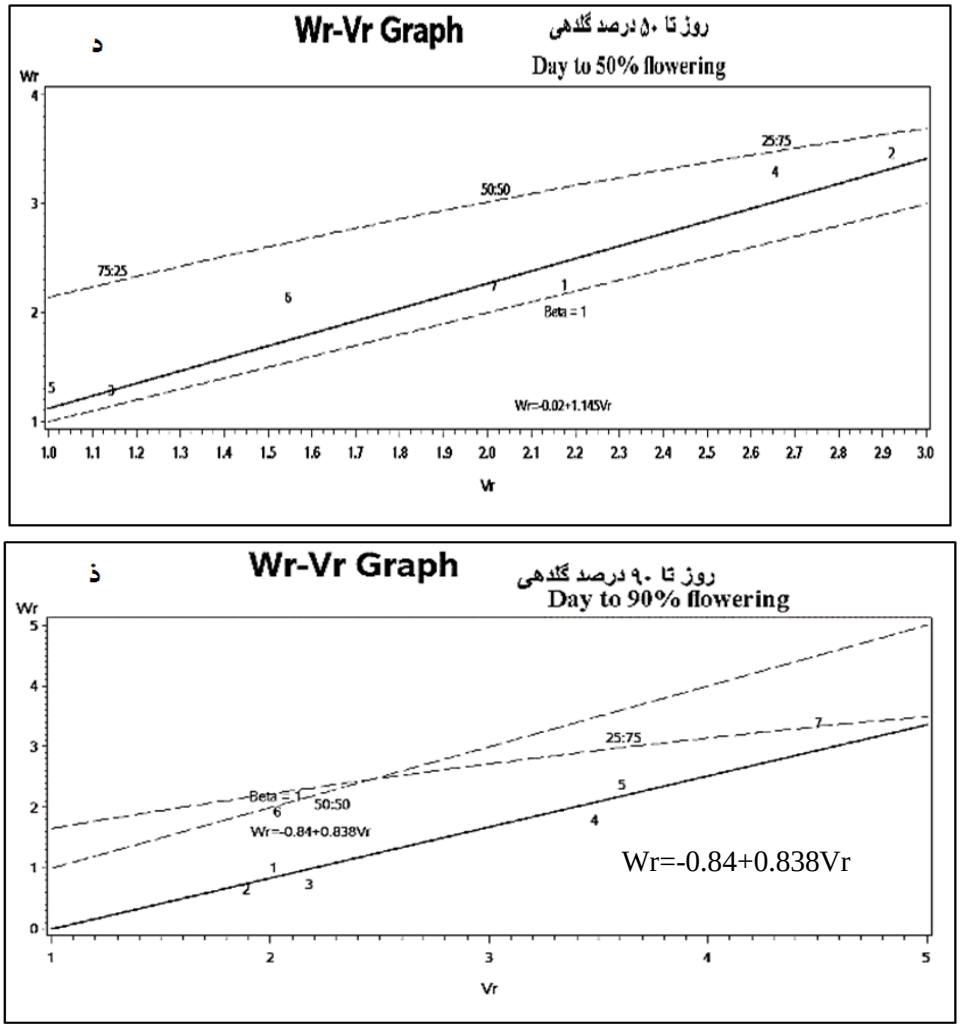
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]



ادامه شکل ۱-
Continue of figure 1.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]



ادامه شکل ۱-
Continue of figure 1.

نتیجه‌گیری

بررسی مقادیر D و H_1 و H_2 نشان داد که در اکثر صفات (۱۴ صفت) از جمله عملکرد دانه، تعداد کپسول در بوته و وزن کپسول مقادیر اجزای افزایشی بیشتر از غالبیت و در سایر صفات مقادیر اجزای غالبیت بیشتر از افزایشی بود، ضمن اینکه در برخی از صفات مقادیر افزایشی و یا غالبیت معنی‌دار نشد. اهمیت اثرات افزایشی در کنجد برای عملکرد دانه در بوته توسط ردی و همکاران (Reddy et al., 2015)، ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای روز تا گلدهی توسط لاوانیا و همکاران (Lavanya et al., 2006)، ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای روز تا بلوغ توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای ارتفاع بوته توسط ردی و همکاران (Reddy et al., 2015) و ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015)، برای تعداد شاخه در بوته توسط لاوانیا و همکاران (Lavanya et al., 2006) و ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015)، برای تعداد کپسول در بوته توسط لاوانیا و همکاران (Lavanya et al., 2006) و ردی و همکاران (Reddy et al., 2015)، برای ارتفاع تا اولین کپسول و تعداد کپسول توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و برای طول کپسول توسط ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016) گزارش شده است که با مطالعه کنونی مطابقت دارد.

اهمیت اثرات غیرافزایشی در کنجد برای عملکرد دانه در بوته توسط سواین و همکاران (Swain et al, 2001)، سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013)، ردی و همکاران (Reddy et al, 2015)، ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای روز تا گلدهی توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای روز تا بلوغ توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015)، ناپیت و آرجاریا (Napit and Arjaria, 2016)، برای ارتفاع بوته توسط ردی و همکاران (Reddy et al., 2015) و ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015)، برای تعداد شاخه در بوته

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

توسط لاوانیا و همکاران (Lavanya et al., 2006) و ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015)، برای تعداد کپسول در بوته توسط لاوانیا و همکاران (Lavanya et al., 2006) و ردی و همکاران (Reddy et al., 2015)، برای ارتفاع تا اولین کپسول توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) و برای تعداد کپسول در بغل برگ توسط ویکاریا و همکاران (Vekaria et al., 2015) گزارش شده است که با مطالعه کنونی مطابقت ندارد. نتایج مشابهی در مورد مولفه‌های تنوع و نسبت‌های حاصل از تجزیه هیمن برای یک یا چند صفت با مطالعه کنونی در کنجد توسط الاحمر و همکاران (EL-Ahmer et al., 1996)، باخیت و همکاران (Bakheit et al., 2000)، سراوانان و همکاران (Saravanan et al., 2000b)، هب‌الله (HobAllah, 2000)، هب‌الله و همکاران (HobAllah et al., 2000)، عبدالگواد و همکاران (Abdel-Gawad et al., 2002)، الشاخس (El-Shakhess., 2003) و البراماوی و شبان (El-Bramawy and Shaban., 2007) گزارش شده است.

به‌طور کلی با توجه به آنکه در کنترل ژنتیکی صفت عملکرد و اجزای آن اجزای افزایشی بیشتر از غالبیت نقش دارد می‌توان به بهبود عملکرد در کنجد با استفاده از تولید هیبرید امیدوار بود و کارهای اصلاحی در این زمینه نتیجه‌بخش خواهد بود. وراثت‌پذیری بالا نشان‌دهنده امیدبخش بودن مواد ژنتیکی مورد مطالعه در مطالعات آتی را دارد. بنابراین می‌توان از بین این مواد ژنوتیپ‌های برتر را برای شرایط آب و هوایی بیرجند انتخاب نمود.

منابع

Abdel-Gawad, N.M., Ashmawy, F., & El-taweel, A.M.S.A. (2002). A statistical genetic analysis for main sesame characters. *Egyptian Journal of Plant Breeding*, 6(2), 87-100.

Abd El-Kader, M.T.M., Fahmy, R.M., El-Shaer, H.F.A., & Abd El-Rahman, M.A. (2017). Genetic analysis of six parental sesame genotypes for yield and its attributes in F_1 crosses. *Journal of Basic and Environmental Sciences*, 2(1), 190-209.

Aladji Abatchoua, M.M.I., Noubissié, T.J.B., Njintang, Y.N., Nguimbou, R.M., & Bell, J.M. (2015). Diallel analysis of seed oil content in sesame (*Sesamum indicum* L.*). Journal of Global Biosciences*, 4(3), 1735-1746.

Alege, G.O., & Mustapha, O.T. (2013). Assessment of genetic diversity in Nigerian sesame using proximate analysis. *Global Journal of Bioscience and Biotechnology*, 2(1), 57-62.

Arnon, D.I. (1975). *Physiological principles of dryland crop production in Physiological aspects of dryland farming*. U. S. Gupta (Eds), Oxford Press. 414 p.

Askari, A. (2014). *Effect of drought stress on yield and yield components of sesame*. MSc Thesis. Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran.

Bakheit, B.R., El- Shimy, A.A., Sedeck, F.S., & Ismail, A.A. (2000). Triple test cross analysis in four sesame crosses (*Sesamum indicum* L.). Yield – Yield components and wilt infection. *Acta Agronomica Hungarica*, 48:363-371.

Bakheit, B.R., & Mahdy, E.E. (1987). Gene action in the inheritance of earliness and some morphological traits in sesame. *Assiut journal of agricultural science*, 18(1), 175-188.

EL-Ahmer, B.A, Sheref, S.A., Shabana, R., & EL-Shakhess, S.A.M. (1996). Gene action and heritability estimates in some sesame (*Sesamum Indicum* L.) crosses. *Egyptian Journal of Agricultural Research*, 74(2), 371-381.

El-Bramawy, M.A.S., & Shaban, W.I. (2007). Nature of gene action for yield, yield components and major diseases resistance in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Research Journal of Agriculture and Biological Sciences*, 3: 821-826.

El-Shakhess, S.A.M. (2003). Heterosis and inbreeding depression in sesame. *Egyptian Journal of Plant Breeding*, 7(1), 487- 506.

FA0. (2022). Food and agricultural commodities production. Available at http://www.fao.org/faostat/en/#home**.** FAO, Rome, Italy. *QC (accessed on 26 March 2023)*.

Fazeli Kakhki, F., Nezami, A., Parsa, M., & Kafi, M. (2014). Evaluation of yield and yield components of 43 Sesame (*Sesamun indicum* L.) lines and ecotypes under irrigated with saline water. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 12(3), 378 – 386 (In Persian).

Gami, R.A., Chauhan, B.B., & Patel, R.N. (2020). Hayman's diallel analysis for yield and attributing traits in sesame (Sesamum indicum L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 11(2), 359-366.

Hayman, B.I. (1954a). The analysis of diallel tables. *Biometrics*, 10:235-244.

Hayman, B.I. (1954b). The theory and analysis of diallel croses .*Genetics*, 39, 789-809.

HobAllah, A.A. (2000). Estimates of heterosis, combining ability and type of gene action for yield and its sesame (*Sesamum indicum*, L). *Journal of Agricultural Science, Mansoura University*, 25(11), 6627-6642.

HobAllah, A.A., Kandil, A.A., & Dalia, M.N. K. (2000). *Dialliel analysis for studying hetreosis, combining ability and nature of geneaction in sesame* (*Sesamum indicum L.*). Assiut University. The second Plant Breeding Conference, October 2, 1- 24.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]

Kjeldahl, J. (1883). Neue Methode zur Bestimmung des Sticks offs in organischen Körpern. New method for the determination of nitrogen in organic substances. *Fresenius' Journal of Analytical Chemistry*, 22(1), 366-383.

Kumar, R., Patel, J.A., Solanki, R.S., & Rahevar, M.P. (2021). Diallel analysis using hayman method to study genetic parameters of yield components in sesame (Sesamum indicum L.). *The Pharma Innovation Journal*, 10(12), 920-925.

Lavanya, M.S., Kumar, S.T., Krishnan, J.G., Kumar, N.S., Eswaran, R., & Anandan, A. (2006). Genetic analysis for seed yield and its component characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Research on Crops*, 7(2), 471-473.

Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J., & Burgueño, J. (2018). SASHAYDIALL: A SAS program for Hayman's diallel analysis. Crop Science, 58, 1605-1615.

Mather, K., & Jinks, J.L. (1982). *Biometrical genetics: The study of continuous variation*. Printed in Great Britain at the university press, Cambridge.

Mokhtarifar, K., Abdolshahi, R., & Yazdizadeh, M. (2016). Evaluation genetic of early vigor of bread wheat (Triticum aestivum L.) using diallel crosses. Journal of Crop Breeding, 8(19), 37-44.

Napit, S., & Arjaria, A. (2016). Nature of gene action for yield and yield components in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Remarking an Analisation*, 1(4), 27-29.

Ram, R., Catlin, D., Romero, J., & Cowley, C. (1990). Sesame: New approaches for crop improvement. In: Janick, J., Simon, J.E. (Eds.). *Advances in new crops*, Proceeding, Timber press, Portland, 225-228.

Ramesh, S., Sherif, R.A., Rao, A.M., & Gangappa, E. (1998). Simplified triple test cross analysis in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Crop Research Hisar*, 15(2-3), 212-217.

Rathod, S., Ghodke, M., Mehetre, S., & Kalpande, H. (2021). Diallel analysis for yield and contributing traits in Sesame (Sesamum indicum L.). *The Pharma Innovation Journal*, 10(8), 34-38.

Reddy, V.A., Parimala, K., & Rao, P.V.R. (2015). Exploitation of hybrid vigour in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Electronic Journal Plant Breeding*, 6(1), 125-129.

Sapara, G.K., Patel, J.B., & Parmar, R.S. (2019). Genetic analysis for quantitative traits in sesame (*sesamum indicum* L.). Plant Archives, 19(1), 1804-1814.

Saravanan, T., Kumar, S.T., & Gansan, J. (2000b). Genetic of earliness characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Sesame and Safflower Newsletter*, 15, 14-18.

Sarwar, G., & Hussain, J. (2010). Selection criteria in M3 and M4 population of sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal Agricultural Research*, 48(1), 39–51.

Sedeck, F.S., & Wafaa, W.M.S. (2013). Estimates of gene action and interrelationships among yield characters in diallel crosses of Sesame (*Sesamum Indicum, L.*). *Assiut journal of agricultural science*, 44 (3), 15-31.

Soughi, H., & Khodarahmi, M. (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.

Soxhlet, F. V. (1879). Die gewichtsanalytische bestimmung des milchfettes. *Polytechnisches Journal*, *232*(5), 461-465.

Suganthi, S. (2018). Estimation of genetic parameters in sesame (*Sesamum indicum* L.) through diallel analysis. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 2665-2667.

Swain, D., Mahapatra, J.R., & Kar, U.C. (2001). Nature of gene action for and yield components in sesame (*Sesamum. indicum* L.). *Sesame and Safflower Newsletter*, 16: 36-38.

Tripathi, A., Bisen, R., Ahirwal, R.P., Paroha, S., Sahu, R., & Ranganatha, A.R.G. (2014). Study on genetic divergence in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm based on morphological and quality traits. *The Biosean*, 8(4), 1387- 1391.

Tripathi, J., & Hasan, Z.U. (2004). Gene action for yield and its components in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Biosciences Biotechnology Research Asia*, 2(2), 159-160.

Vekaria, D.M., Dobariya, K.L., Rajani, C.J., & Patel, M.B. (2015). Nature and magnitude of gene action and genetic components of variation for yield and yield contributing characters in F_2 generation of sesame (*Sesamum indicum* L.). *The Biosean*, 10(2), 857-861.

Walters, D.E., & Morton, J.R. (1978). On the analysis of variance of a half diallel table. *Biometrics*, 34, 91-94.

Wilson, J.N., Baring, M.R., Burow, M.D., Rooney, W.L., & Simpson, C.E. (2013). Diallel analysis of oil production components in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *International Journal of Agronomy*, ID975701, 5.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61186/jcb.15.48.62]