دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

مطالعه قابلیت توارث‌پذیری صفات مورفولوژیک در برخی ژنوتیپ‌های جو (*Hordeum vulgare*) با تجزیه تلاقی‌های دای‌آلل به روش هیمن

سکینه پسرکلو[۱]، حسن سلطانلو[۲]، سیده ساناز رمضان‌پور[۳] و مهدی کلاته[۴]

۱ و ۳- دانشجوی دکتری و دانشیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان
۲- دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، (نویسنده مسوول: soltanlooh@gau.ac.ir)
۴- استادیار مؤسسه تحقیقات کشاورزی گرگان (بخش غلات)
تاریخ دریافت: ۹۴/۷/۸ تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۲/۱۲

چکیده

جو یکی از چهار غله مهم جهان بعد از گندم، ذرت و برنج می‌باشد، در سال زراعی ۹۰- ۱۳۸۹ حدود۲/۱۶میلیون هکتار به کشت جو اختصاص داده شده است. به منظور بررسی توارث‌پذیری و نحوه عمل ژن در برخی صفات مرتبط با عملکرد جو از طرح دای‌آلل یک طرفه ۷×۷ استفاده گردید. بدین منظور ٦ ژنوتیپ جو به همراه رقم صحرا (رقم بومی منطقه) مورد استفاده قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (ایستگاه تحقیقات عراقی محله) طی سال‌های ۹۰-۸۹ و ۹۱-۹۰ انجام شد. صفات مورد مطالعه تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تعداد سنبلچه، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک بودند. نتایج نشان داد میانگین مربعات والدین و تلاقی‌ها برای تمام صفات معنی‌دار بود. لذا تجزیه ژنتیکی برای صفات صورت گرفت. در اکثر صفات مورد ارزیابی واریانس غیر افزایشی بیشتر از افزایشی تخمین زده‌شد، همچنین محاسبه میانگین درجه غالبیت نیز برای تمامی صفات بجز طول سنبله عمل فوق‌غالبیت ژن‌ها را نشان داد که نتایج تجزیه گرافیکی آن را تأیید نمود. وراثت‌پذیری عمومی برای اکثر صفات چندان بالا نیست، بنابراین گزینش فنوتیپی روش مناسبی نیست و نتایج حاصل از آن در نسل‌های بعد قابل تثبیت نخواهد بود. پس انجام تلاقی در جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود. ژنوتیپ ۱٦٦/۳۵۲ منطقه معتدله بالاترین میانگین را برای صفات تعداد دانه و وزن دانه در سنبله و تلاقی ۱٦٦/۳۵۲×۲۸۳/۳۵۲ بالاترین میانگین در صفات مرتبط با عملکرد دانه را بخود اختصاص داده‌اند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه ژنتیکی، تلاقی دای‌آلل،جو، توارث‌پذیری

مقدمه

مشاهدات باستان‌شناسی نشان می‌دهد، جو زراعی *Hordeum vulgare* (2n=2x=14) یکی از قدیمی‌ترین محصولات مورد استفاده بشر می‌باشد (۲۹)، در بسیاری از مناطق جهان و ازجمله ایران، بیشترین سطح زیر کشت را پس از گندم بخود اختصاص داده است (۷). جو نسبت به گندم دامنه سازگاری وسیع‌تری دارد، این گیاه در مناطقی کشت می‌شود، که غلات دیگر به دلیل بارندگی کم، شوری خاک و یا ارتفاع زیاد، سرما و گرمای هوا به‌خوبی رشد نمی‌کنند (۱۵). بررسی تنوع ژنتیکی گامی مهم در بهره‌برداری از مواد گیاهی در برنامه‌های به نژادی است، گوگردچی و همکاران (۱۴) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره توانستند ژنوتیپ‌های جو را براساس منشاء جغرافیایی از یکدیگر تفکیک نمود، شناسایی نشانگرهای مثبت می‌تواند در برنامه‌های مکان یابی ژن‌های کنترل کننده صفات فنولوژیک و عملکرد مرتبط با فرار از خشکی مورد استفاده قرار گیرد و شناسایی ژنوتیپ‌های جو فرارکننده از خشکی را تسهیل کرده و موجب صرفه جویی در وقت، هزینه و نیروی انسانی گردد.

تعیین ترکیب‌پذیری و اجزاء واریانس ژنتیکی از مهم‌ترین کارهای هر برنامه به‌نژادی برای دورگ‌گیری می‌باشد (۱۳) و به به‌نژادگران کمک می‌نماید تا نحوه عمل ژن یا ژن‌های دخیل در تظاهر صفات کمی مهم را تعیین و والدین با ترکیب‌پذیری عمومی و هیبریدهایی با ترکیب‌پذیری خصوصی بالا را شناسایی نمایند (۱۱).

روهمن و همکاران (۳۱) با تلاقی دای‌آلل نشان دادند اثرات افزایشی و غیرافزایشی در همه صفات توارث‌پذیر مورد مطالعه جو مهم می‌باشند. توزیع آلل‌های غالب نشان داد حداقل سه گروه ژن غالب در کنترل عملکرد نقش دارند. بالاترین توارث‌پذیری خصوصی ۸۹ درصد برای صفت وزن هزاردانه مشاهده شد. نخجوان و همکاران (۲۵) صفت ارتفاع بوته بر اساس مدل شش پارامتری برازش داده و نتیجه گرفتندکه اثر متقابل سه‌گانه و لینکاژ و یا هر دو در توارث این صفت نقش دارند. در مدل برازش‌داده شده علامت مخالف h و I نشان‌دهنده‌ی اپیستازی از نوع دوگانه بود، همچنین معنی‌دار شدن J نشان داد این نوع اپیستازی بوسیله گزینش تحت شرایط خودگشنی قابل تثبیت نمی‌باشد. در شرایط آبیاری معمولی برای

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]
[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

صفات طول سنبله، شاخص برداشت، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک اثرات اپیستازی مشاهده نشد ولی در شرایط تنش برای کلیه صفات اثرات اپیستازی مشاهده گردید.

در مطالعه سینگ و همکاران (۳۳) مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی برای صفات وزن هزاردانه، محتوای پروتئینی و ترپیتوفان با تلاقی دای‌آلل ۱۲×۱۲ گیاه جو برآورد گردید. هر دو اثر ژنی افزایشی و غیرافزایشی در هر دو نسل F_1 و F_2 مهم بود، برای صفات مورد مطالعه اثر فوق غالبیت نیز مشاهده شد. برآورد وراثت پذیری بالاهمراه با متوسط پیشرفت ژنتیکی برای محتوای پروتئینی و محتوای ترپیتوفان مشاهده شد در حالیکه برای وزن هزار دانه مقدار متوسطی بدست آمد.

اسحاقی وآخوندوا (۱۲) در تجزیه ژنتیکی جو لخت برای ژن بتا-گلوکان و ذخیره پروتئینی با تلاقی دای‌آلل نشان دادند اثرات افزایشی ژن‌ها برای محتوای پروتئینی و بتا-گلوکان مهم است. آنالیزها نشان داد اثرات فوق غالبیت نسبت به والد برتر برای محتوای پروتئینی در تلاقی ICBF93-369×ICNBF-582 وجود دارد. همچنین صفت ارتفاع بوته، شاخص برداشت، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و روز تا سنبله‌دهی دارای غالبیت نسبی بوده لذا گزینش در نسل‌های اولیه مؤثر می‌باشد. بدونی دلفارد و همکاران (۶) به منظور تعیین پایداری و بررسی واکنش ارقام جو زراعی به شرایط اقلیمی مختلف از نظر عملکرد دانه در پنج منطقه مورد بررسی قرار دادند، نتایج مطالعات آنها نشان داد ارقام استرین، گرگان، کویر و نصرت از عملکرد و پایداری بالاتری برخوردار بودند، درحالیکه ارقام ریحان و زرجو عملکرد و پایداری کمتری نشان دادند.

این بررسی در جهت تعیین روش به‌نژادی مناسب برای صفات مهم جو و تعیین پارامترهای ژنتیکی اصلاحی با استفاده از تجزیه تلاقی‌های دای‌آلل انجام گرفت. همچنین برآورد توارث‌پذیری عمومی و خصوصی که به دست آوردن چنین اطلاعاتی می‌تواند مقدمه انتخاب روش اصلاحی مناسب باشد.

مواد و روش‌ها

شش ژنوتیپ جو به همراه رقم بومی منطقه (صحرا) (جدول ۱) در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (عراقی محله) کشت وتلاقی دای‌آلل انجام شد. نتاج F_1 به همراه والدین در سال ۱۳۹۰ در قالب طرح بلوک کامل تصادفی، هر کرت به طول چهار متر (یک ردیف چهارمتری) و فاصله بوته‌ها ۲۵ سانتی‌متر و در سه تکرار کشت شدند.

به منظور برآورد قابلیت توارث، صفات ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، وزن سنبله (گرم)، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله (گرم) و وزن هزار دانه (گرم)، با استفاده از میانگین ۱۰ نمونه تصادفی در هر کرت اندازه‌گیری شدند. سپس داده‌های بدست‌آمده مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. در صورت وجود تنوع کافی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات از تجزیه و تحلیل دای‌آلل بر اساس مدل جینکز و هیمن (۱۷) استفاده شد. در صورت صادق بودن فرضیات مدل خط رگرسیون رسم شده، پارامترها و شاخص‌های آماری برآورد شد و عمل ژن برای صفات مورد نظر مشخص گردید. در این تحقیق نرم افزارهای SPSS16، SAS 9.1 و D_2 مورد استفاده قرار گرفتند. تعداد گروه‌های ژنی از فرمول ذیل برآورد گردید، که درآن h اختلاف بین میانگین نتاج و میانگین والدین است.

$$K = \frac{h^2}{\frac{1}{4H1}} \qquad (۱)$$

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مورد استفاده جو در تلاقی دای‌آلل

Table 1. The genotypes used in the diallel crossing

شماره	ژنوتیپ	شجره
۱	95/110 ICARDA	Moroc9-75//Wl2291/Cl01387/3/H.spont.41-1
۲	104/110 ICARDA	Soufara-02/3/RM1508/Por//Wl2269/4/Hml-02/ArabiAbiad//ER/Apm
۳	283/352 مناطق معتدله	PETUNIA 1
۴	166/352 مناطق معتدله	ICNB-105960/Torkman
۵	67/110 ICARDA	Mtn-01
۶	صحرا	
۷	216/352 مناطق معتدله	Zabol

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس (جدول ۲) نشان می‌دهد که تفاوت معنی‌داری بین والدین و تلاقی‌های مورد بررسی برای کلیه صفات در سطح احتمال (P<۰/۰۱) و برای صفات تعداد سنبلچه و ارتفاع در سطح احتمال (P<۰/۰۵) وجود دارد و لذا تجزیه ژنتیکی به روش تلاقی‌های دای‌آلل بلامانع می‌باشد. برای صحت مدل افزایشی- غالبیت از دو آزمون ماتر و جینکز (۲۴) استفاده شد. در آزمون مقدماتی ماتر و جینکز، انحراف ضریب رگرسیون از یک برای صفات طول پدانکل، رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه معنی‌دار گردید، معنی‌داری ضریب رگرسیون از یک بیانگر صادق نبودن یکی از فرضیات جینکز و هیمن (۱۷) مبنی بر اینکه هر مکان ژنی دارای دو آلل است، ژن‌ها بطور مستقل در والدین توزیع شده‌اند و عدم وجود اثرات متقابل غیرآللی می‌باشد، که در این موارد پس از ترسیم خط رگرسیون، والدی که بیشترین انحراف را از خط رگرسیون دارد حذف و تجزیه انجام می‌شود، وجود اثرات اپیستازی سبب پیشرفت کند صفات می‌گردد، بخصوص در صورت وجود اپیستازی تکمیلی، واریانس ناشی از اپیستازی خیلی بیشتر از واریانس ناشی از اثرات افزایشی و غالبیت می‌باشد (۲۲). با در نظر گرفتن نقش اپیستازی و پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی صفات، گزینش غیرمستقیم می‌تواند روش مؤثری باشد. در مطالعه حاضر در صفات ذکر شده فوق والد ۱۶۶/۳۵۲ در صفت ارتفاع، والد ۶۷/۱۱۰ در صفت تعداد سنبلچه و والد ۲۸۳/۳۵۲ برای صفات ارتفاع، طول پدانکل و طول سنبله حذف شده وداده‌ها مجددا تجزیه شد. بر اساس آزمون دوم ماتر و جینکز، معنی‌داری wr+vr (جدول ۳) دال بر وجود اثرات غالبیت در مورد صفات مورد مطالعه بوده که در مورد صفات وزن دانه در سنبله و تعداد دانه در سنبله معنی‌دار گردید، و مقادیر wr-vr دلیل وجود اثرات متقابل غیرآللی می‌باشد که فقط در صفت تعداد دانه در سنبله معنی‌دار گردید. بنابراین بر اساس این دو آزمون در صفات تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل، رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه مدل افزایشی- غالبیت کفایت نمی‌کند. بنابراین اگر یکی از فرضیات انجام شود، مدل افزایش- غالبیت مطرح شده تا حدی مناسب است. رحیمی و همکاران (۳۰)، نخجوان و همکاران (۲۶) و روهمن و همکاران (۳۱) نشان دادند که در صفات مورفولوژیک گندم اثرات اپیستازی بطور معنی‌داری در کنترل صفات نقش دارد و مدل افزایشی- غالبیت برای برازش صفات کفایت نمی‌کند.

برآورد واریانس مؤلفه‌های ژنتیکی (جدول ۳) نشان داد هر دو مؤلفه اثرات افزایشی (D) و اثرات غالبیت (H) معنی‌دار شدند، بنابراین همه صفات مورد بررسی تحت کنترل اثرات غالبیت و افزایشی ژن‌ها هستند. در همه صفات ارزش‌های نامساوی H_1 و H_2 نشان‌دهنده‌ی حضور نابرابر فراوانی آلل‌های مثبت و منفی است. که بوسیله نسبت $H_2/4H_1$ نیز اثبات شد و نشان‌دهنده‌ی حضور نامساوی فراوانی آلل‌های مثبت و منفی بود (جدول ۴). زمانی‌که ژن‌ها بطور مساوی بین والدین توزیع شده باشند، این ارزش برابر با ۰/۲۵ است (۳۲). برای همه صفات مؤلفه F (میانگین کوواریانس افزایشی و غالبیت کلیه‌ی ردیف‌ها) مثبت و معنی‌دار بود که نشان‌دهنده فراوانی بیشتر آلل‌های غالب است که نسبت ژن‌های غالب به مغلوب (K_D/K_R) بیشتر از یک در کلیه صفات این مسئله را مجددا تأیید می‌کند. معنی‌دار بودن آماره مجموع انحرافات غالبیت روی تمام مکان‌های ژنی (h^2) در صفات تعداد سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، رسیدگی فیزیولوژیک، طول پدانکل، طول سنبله و ارتفاع بوته نشان‌دهنده جهت‌دار بودن غالبیت می‌باشد که در اثر مکان‌های ژنی هتروزیگوس که در بیان این صفات دخالت دارند، ایجاد می‌شود. برای صفات وزن هزار دانه، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله آماره h^2 غیر معنی‌دار بود که نشان‌دهنده عدم حضور اثرات غالبیت حاصل از مکان‌های ژنی هتروزیگوت است.

میانگین درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ برای همه صفات بجز طول سنبله بیشتر از یک و نشان‌دهنده عمل فوق غالبیت اثرات ژنی می‌باشد.

جدول ۲- تجزیه واریانس و میانگین مربعات صفات مورفولوژیک

Table 2. Analysis of variance and mean square of morphological traits

منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن هزار دانه (گرم)	وزن دانه در سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله (گرم)	تعداد سنبلچه
بلوک	۲	۱۷۷/۶۱*	۰/۴۹**	۸۲/۴۲*	۰/۷۴*	۱۵۹/۳۳**
ژنوتیپ	۲۷	۱۲۵/۳۲**	۰/۲۷**	۱۳۶/۹۹**	۰/۶**	۱۸/۹۹*
خطا	۵۴	۲۳/۴۴	۰/۰۵۷	۱۶/۷۳	۰/۱۷	۷/۱۶
ضریب تغییرات		۸/۹	۱۹/۵۸	۱۷/۹۲	۲۱/۵۲	۱۵/۲۱
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع (سانتی‌متر)	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	طول سنبله (سانتی‌متر)	طول پدانکل (سانتی‌متر)	
بلوک	۲	۱/۵۵**	۰/۰۶۵*	۲۰/۷۷**	۲۴/۶۹*	
ژنوتیپ	۲۷	۰/۳۲*	۰/۰۴۴**	۳/۰۱**	۱۴/۹۵**	
خطا	۵۴	۰/۱۷	۰/۰۱۵	۰/۷	۴/۸۶	
ضریب تغییرات		۵/۷۳	۱/۱	۱۰/۹۴	۱۰/۷۳	

*و**: به ترتیب اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد و یک درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

جدول ۳- تجزیه واریانس $W_r - V_r$ و $W_r + V_r$ برای صفات مورفولوژیک

Table 3. Analysis of $W_r - V_r$ and $W_r + V_r$ for morphological traits

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد سنبلچه	وزن هزار دانه (گرم)	وزن سنبله (گرم)	وزن دانه در سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله
بلوک	۲	۷/۰۹^{ns}	۸۱۱/۳۴^{ns}	۰/۰۱۲^{ns}	۰/۰۰۷۹^{ns}	۴۹۲/۷۷^{ns}
$W_r - V_r$	۶	۱۲/۵۱^{ns}	۹۷۲/۷۸^{ns}	۰/۰۲۲^{ns}	۰/۰۱^{ns}	۱۴۰۷/۹۹*
بلوک	۲	۱۱/۱۵^{ns}	۱۲۳۹/۵۵^{ns}	۰/۳۱۱^{ns}	۰/۰۲^{ns}	۲۰۱۷/۸۱^{ns}
$W_r + V_r$	۶	۸۷/۷۴^{ns}	۱۹۸۳/۸۳^{ns}	۰/۴۸۵^{ns}	۰/۰۸۹**	۲۱۰۸۰/۸۶**
منابع تغییرات	درجه آزادی	رسیدگی فیزیولوژیک	طول پدانکل (سانتی‌متر)	طول سنبله (سانتی‌متر)	ارتفاع (سانتی‌متر)	
بلوک	۲	۰/۰۰۰۶^{ns}	۹۲/۸۹**	۶/۸۴**	۰/۰۱۶^{ns}	
wr-vr	۶	۰/۰۰۰۳^{ns}	۱۵/۷۳^{ns}	۱/۲۸۲^{ns}	۰/۰۰۸^{ns}	
بلوک	۲	۰/۰۰۰۹^{ns}	۰/۰۰۹^{ns}	۱/۲۸۴^{ns}	۰/۰۰۲^{ns}	
wr+vr	۶	۰/۰۰۰۱۴^{ns}	۲۲/۶۲۴^{ns}	۲/۵۶۱*	۰/۰۲۶^{ns}	

ns، * و **: به ترتیب عدم وجود اختلاف معنی‌دار، اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد و یک درصد

تقاطع منفی خط رگرسیون Wr/Vr (شکل‌های ۱۰-۱) برای همه صفات بجز طول سنبله نیز عمل فوق غالبیت ژن‌ها را تایید نمود. با توجه به نتایج حاصل از گراف و میانگین درجه غالبیت در صفت طول سنبله عمل ژن در این صفت بصورت غالبیت ناقص بوده و نقش اثرات افزایشی ژن‌ها بیشتر می‌باشد، با در نظر گرفتن این نتایج، روش‌هایی که در طی نسل‌های تفرق، در آنها گزینش انجام می‌شود (نظیر شجره‌ای) برای به‌نژادی این صفت مناسب است اگر چه از روش بالک تک بذری نیز می‌توان استفاده کرد. تعداد گروه‌های ژنی مختلف والدین (h^2/H_2) برای همه صفات بجز صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک کمتر از واحد بود، بنابراین همه صفات مورد بررسی، تحت کنترل یک گروه ژنی قرار دارند. چودری و همکاران (۹) و نخجوان و همکاران (۲۵) نیز گزارش نمودند که عمل ژن در کنترل صفات تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و وزن دانه در سنبله بصورت فوق غالبیت می‌باشد، همچنین مدل پیشنهادی افزایشی- غالبیت بر این صفات کفایت نمی‌کند و اثرات غالبیت به همراه اثرات متقابل افزایشی×افزایشی در کنترل توارث صفات دخیل هستند. در مطالعه مان و شارما (۲۳) نیزعمل ژن در صفت طول سنبله به صورت فوق غالبیت گزارش شده است. در صفت وزن هزار دانه اثرات غیر افزایشی ژن‌ها بارزتر بوده (۳۶،۲۲) و عمل ژن در کنترل این صفت نیز بصورت فوق غالبیت می‌باشد (۳۱،۳۶). باقی‌زاده و همکاران (۴) و نخجوان و همکاران (۲۵) بیان کردند در صفت ارتفاع بوته علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت اثرات متقابل افزایشی× افزایشی و غالبیت×غالبیت نیز در کنترل توارث آن نقش دارند و بعلت مخالف بودن علامت این دو اثر متقابل، احتمال وجود اپیستازی از نوع دوگانه وجود دارد، پراکش و همکاران (۲۸) و کولاریا و شارما (۲۲) و باقی‌زاده و همکاران (۴) عمل ژن در صفت ارتفاع بوته را فوق غالبیت عنوان کردند.در کنترل صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک نیز بیش از یک گروه ژنی دخیل می‌باشد و عمل ژن بصورت فوق غالبیت گزارش شده است (۲۵).

قابلیت توارث‌پذیری عمومی و خصوصی برای همه صفات در جدول (۴) ثبت شده است. محدوده وراثت‌پذیری خصوصی صفات مورد مطالعه بین ۲۳/۳ و ۴۵/۹ درصد بود که به ترتیب برای صفات طول پدانکل و وزن سنبله برآورد شد. قابلیت توارث‌پذیری عمومی برآورد نسبت بزرگی از واریانس افزایشی درون واریانس ژنتیکی است، بنابراین، جزء بزرگتر واریانس قابل توارث، افزایشی است. اختلاف زیاد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی در صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله تأییدکننده نقش بالای واریانس غیرافزایشی (غالبیت و اپیستازی) در کنترل ژنتیکی این صفات است. با توجه به پایین بودن واریانس افزایشی، گزینش در طی نسل‌های تفکیک با مشکلاتی همراه خواهدبود. از اینرو در اصلاح این صفات روش‌هایی مثل بالک تک بذری پیشنهاد می‌شود. هانسون (۱۶) نیز اعلام کرد تأخیر در گزینش تا رسیدن لاین‌ها به خلوص در همه مکان‌های ژنی باعث تثبیت اثرات ژنتیکی می‌شود و نیاز به داشتن اندازه جمعیت بزرگتر را برطرف می‌نماید. در مطالعه رحیمی و همکاران (۳۰) وراثت‌پذیری خصوصی پایینی برای صفات وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله در جو برآورد گردید، مقایسه واریانس‌های افزایشی و غالبیت حاکی از آن بود این صفت بیشتر تحت تأثیر اثر غیرافزایشی ژن‌ها قرار دارد، در حالیکه برای صفت تعداد پنجه در سنبله سهم اثرات افزایشی ژن‌ها بارزتر بود.

تعداد دانه در سنبله یکی از اجزای عملکرد است که وراثت‌پذیری بالایی دارد و بهره ژنتیکی ناشی از گزینش این صفت بالا است (۱۷). نخجوان و همکاران (۲۵) وراثت‌پذیری خصوصی صفت طول سنبله را در دو تلاقی و دو شرایط نرمال و تنش خشکی پایان فصل بین ۷۰-۲۹ درصد برآورد کردند. پال و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

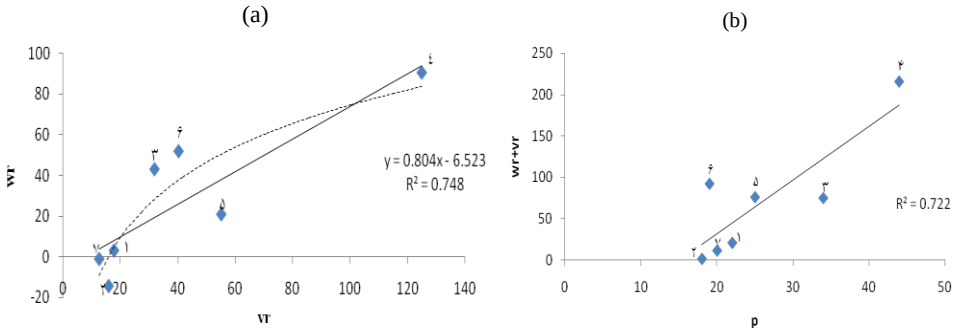
کومار (۲۷) صفت ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد سنبلچه عمل ژن بصورت فوق غالبیت بوده و میزان وراثت‌پذیری خصوصی صفات به ترتیب ۱۶، ۳۵ و ۹۰ درصد برآورد نمودند. التابا و الفرایحت (۱) در مطالعه ۸۶ لاین امیدبخش جو محدوده قابلیت توارث‌پذیری عمومی را بین ۹۹/۷-۶۸ درصد برآورد کردند و عنوان نمودند عملکرد دانه همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بالایی با تعداد دانه در سنبله نشان داد، همچنین تعداد پنجه بارور و تعداد دانه در سنبله از فاکتورهای مؤثر در انتخاب لاین‌های جو با عملکرد بالا خواهند بود. نتایج مطالعات بیات و همکاران (۵) نشان داد، صفات تعداد روز تا رسیدگی دانه، امتیاز زراعی، قدرت رشد اولیه، تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل و تعداد روز تا ظهور سنبله بیشترین نقشش را در توجیه تغییرات عملکرد ایفا می‌نمایند. در مطالعه ولی محمد و همکاران (۳۷) در صفات ارتفاع بوته، تعداد پنجه، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه و عملکرد بوته ضریب تنوع فنوتیپی بیشتر از ضریب تنوع ژنوتیپی بود، وراثت‌پذیری صفات عملکرد بوته و تعداد دانه در سنبله به ترتیب ۹۹/۱۱ و ۹۸/۹۶ درصد برآورد شد، با توجه به وراثت‌پذیری عمومی بالا و ارزش بالای پیشرفت ژنتیکی دلیلی است بر اینکه این صفات تحت کنترل اثرات افزایشی بوده و در این صفات اصلاح گزینشی می‌تواند برای بهبود ژنتیکی جو سودمند باشد.، سینگ (۳۴) نیز نتایج مشابهی برای صفت وزن هزار دانه در جو ارائه داد.

درجه غالبیت را از طریق خط رگرسیون wr روی vr نیز می‌توان بررسی کرد. اگر عرض از مبداء صفر باشد (خط رگرسیون در مبداء مختصات محور wr را قطع کند) نشان‌دهنده غالبیت کامل، اگر مثبت باشد (خط رگرسیون بالاتر از مبداء مختصات محور wr را قطع نماید) غالبیت نسبی و اگر منفی باشد (خط رگرسیون پایین‌تر از مبداء مختصات محور wr را قطع کند) فوق غالبیت است (۲۵). شکل‌های (۱۰-۱ الف) بجز در صفت طول سنبله نتایج جدول (۴) را تأیید می‌نمایند معمولا برای مطالعه همبستگی بین ژن‌های غالب و فنوتیپ والدین، مقادیر Wr+Vr در مقابل ارزش‌های والدینی رسم می‌شوند (اشکال ۹- ۱ب). با توجه به نمودار Wr+Vrدر برابر فنوتیپ والدین، همبستگی مثبت بین مقادیر والدینی و Wr+Vr به این معناست که والدینی که دارای ژن‌های افزایشی بیشتری هستند، دارای بیشترین مقادیر Wr+Vr بوده و لذا آلل‌های مغلوب بیشتری دارند. در صفات وزن هزار دانه، تعداد سنبلچه، طول سنبله و رسیدگی فیزیولوژیک آلل‌های افزایش‌دهنده صفت بصورت غالب عمل می‌کنند، البته در مورد صفت روز تا رسیدگی فیزیووژیک منظور از آلل افزاینده صفت آللی‌ست که سبب رسیدگی زودتر می‌گردد. در صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، ارتفاع، وزن دانه در سنبله و طول پدانکل آلل افزایش‌دهنده صفت بصورت مغلوب عمل می‌کند، تجمع آلل‌های مغلوب در ژنوتیپ‌هایی که در این صفات بالاترین مقادیر را دارند سبب پایداری بیشتر این صفات می‌گردد. همچنین همبستگی مثبت بین ژنوتیپ‌هایی که کمترین ارتفاع و کمترین طول پدانکل را دارند نیز مشاهده شده است.

برای همه صفات، اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها معنی‌دار گردید. با توجه به مقادیر میانگین درجه غالبیت و عرض از مبدأ خط رگرسیون (گراف Wr/Vr) در صفات تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تعداد سنبلچه، ارتفاع و رسیدگی فیزیولوژیک می‌توان به این نتیجه رسید که عمل ژن‌های کنترل کننده این صفات به‌صورت فوق غالبیت می‌باشد. همچنین در اکثر صفات مورد ارزیابی واریانس غیرافزایشی بیشتر از افزایشی تخمین زده شد. وراثت‌پذیری عمومی برای اکثر صفات چندان بالا نیست و تأثیر محیط بر روی این صفات بالاست، که معنی‌داری اثرات محیطی این مسئله را تأیید می‌کند، بنابراین گزینش فنوتیپی روش مناسبی نیست و نتایج حاصل از آن در نسل‌های بعد قابل تثبیت نخواهد بود. بنابراین با توجه به مهم بودن اثر ژن‌های غالب انجام هیبریداسیون در جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود.با توجه به این‌که برخی صفات حد بالا و برخی دیگر حد پایین آن صفت مطلوب می‌باشد، بنابراین به‌نژادگر قادر است با توجه به اهداف اصلاحی هر یک از والدین را انتخاب کند. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ ۱۶۶/۳۵۲ منطقه معتدله در صفات تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن سنبله و طول پدانکل بالاترین میانگین را به خود اختصاص داده است، همچنین برای افزایش صفت تعداد سنبلچه ژنوتیپ ۹۵/۱۱۰ ایکاردا بیشترین میانگین را به خود اختصاص داده است و یکی از صفات مؤثر در عملکرد دانه می‌باشد، بنابراین برای افزایش این صفات می‌توان از این والدین در برنامه‌های به‌نژادی هیبریداسیون بهره جست، همچنین، از تلاقی‌های ۹۵/۱۱۰×۲۱۶/۳۵۲، ۶۷/۱۱۰×۲۸۳/۳۵۲ و ۱۶۶/۳۵۲×۲۸۳/۳۵۲ می‌توان جهت آزادسازی رقم در برنامه‌های به‌نژادی برای افزایش صفات مرتبط با عملکرد استفاده نمود.

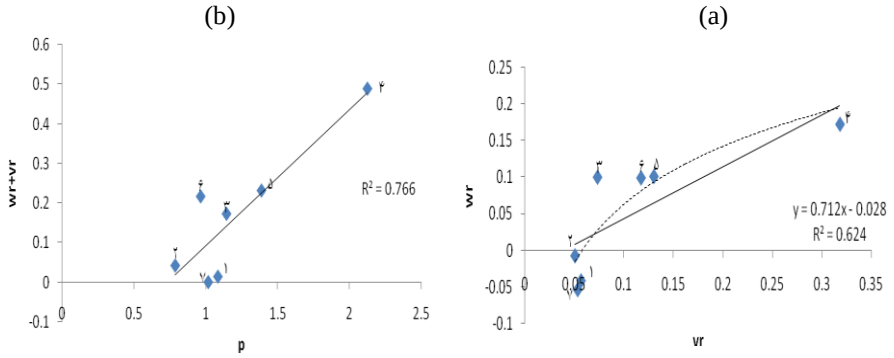
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]



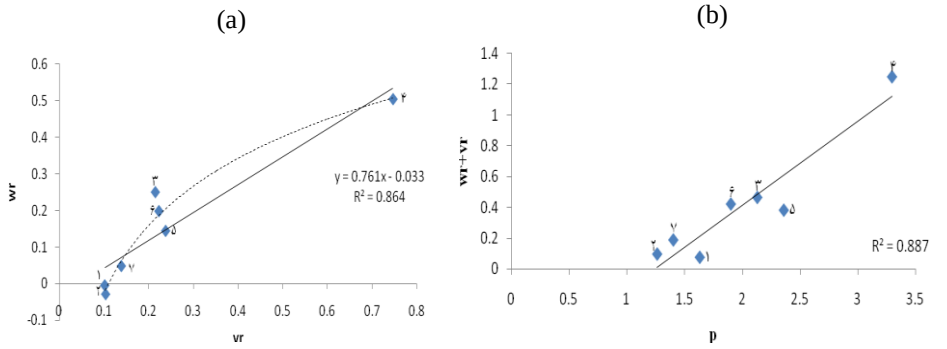
شکل ۱- خط رگرسیون Wr/Vr (a) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (b) صفت تعداد دانه در سنبله شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۱۶۶/۳۵۲)، ۵ (۶۷/۱۱۰)، ۶ (صحرا)، ۷ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 1. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) seed number per spike parent number: 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)



شکل ۲- خط رگرسیون Wr/Vr (a) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (b) صفت وزن دانه در سنبله، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۱۶۶/۳۵۲)، ۵ (۶۷/۱۱۰)، ۶ (صحرا)، ۷ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 2. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) grain weight per spike: 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)



شکل ۳- خط رگرسیون Wr/Vr (a) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (b) صفت وزن سنبله (گرم)، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۱۶۶/۳۵۲)، ۵ (۶۷/۱۱۰)، ۶ (صحرا)، ۷ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 3. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) spike weight (gr): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

جدول ۴- نتایج تجزیه ژنتیکی به روش هیمن و جینکز برای صفات

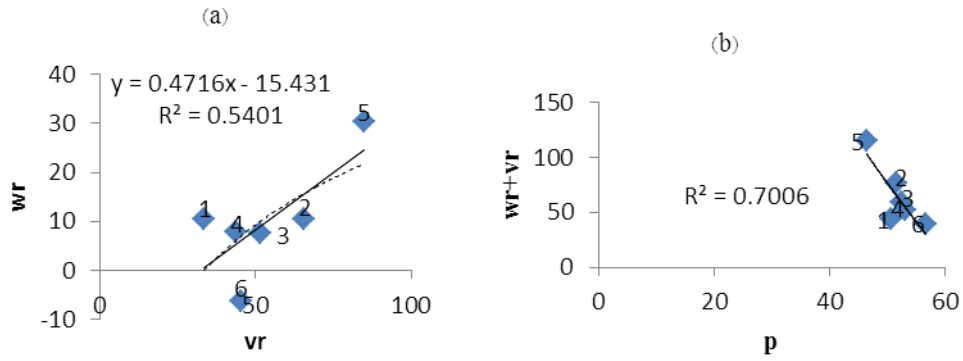
Table 4. Genetic analysis results by Heyman and Jinks method for traits

پارامتر	تعداد سنبلچه	وزن هزار دانه (گرم)	وزن سنبله (گرم)	وزن دانه در سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	رسیدگی فیزیولوزیک	طول پدانکل (سانتی‌متر)	طول سنبله (سانتی‌متر)	ارتفاع (سانتی‌متر)
$D\pm S.E_{(D)}$	۱۲/۸*±۱/۵۱	۲۹/۲۴*±۱۱/۵	۰/۶۱۵*±۰/۰۸۶	۰/۲۵*±۰/۰۳۹	۱۰۱/۳۶*±۱۲/۲۲	۰/۰۲۹*±۰/۰۰۵	۱۱/۹۱*±۱/۸۳	۳/۰۴۴*±۰/۳۸۵	۰/۲۳۴*±۰/۰۳۹
$F\pm S.E_{(F)}$	۱۳/۴*±۳/۶۲	۲۹/۲۷^{ns}±۲۷/۵۹	۰/۵۹۵*±۰/۲۰۷	۰/۲۸*±۰/۰۹۴	۱۰۱/۲*±۲۹/۳۳	۰/۰۲۴۷^{ns}±۰/۰۱۳	۱۳/۱۲*±۴/۳۹	۰/۹۲۳^{ns}±۰/۹۲۵	۰/۲۳۵*±۰/۰۹۳
$H_1\pm S.E_{(H1)}$	۴۱/۹۶*±۳/۶۴	۲۲۶/۲۸*±۲۷/۶۹	۰/۹۹۱*±۰/۲۰۸	۰/۴۹*±۰/۰۹۴	۱۹۰/۵۲*±۲۹/۴۳	۰/۰۷۶*±۰/۰۱۳	۳۰/۰۷۹*±۴/۴۰۷	۲/۴۱۲*±۰/۹۲۹	۰/۸۱۱*±۰/۰۹۳
$H_2\pm S.E_{(H2)}$	۳۲/۷۵*±۳/۲	۱۷۷/۵۶*±۲۴/۴	۰/۷۶۲*±۰/۱۸۳	۰/۳۸*±۰/۰۸۳	۱۴۷/۱۲*±۲۵/۹۳	۰/۰۶۴*±۰/۰۱۱	۲۳/۶۹*±۳/۸۳۳	۱/۸۰۲*±۰/۸۱۸	۰/۶۳۶*±۰/۰۸۲
$h^{2}\pm S.E_{(h2)}$	۷/۶۴*±۲/۱۵	۲۴/۳۸^{ns}±۱۶/۳۸	۰/۱۵۶^{ns}±۰/۱۲۳	۰/۰۲^{ns}±۰/۰۵۶	۳۴/۵۹*±۱۷/۴۲	۰/۰۹*±۰/۰۰۷۷	۱۰/۰۱۶*±۲/۶۰۸	۱/۲۲۱*±۰/۵۴۹	۰/۲۰۲*±۰/۰۵۵
$E\pm S.E_{E)}$	۴/۱۷*±۰/۵۵۶	۸/۰۱*±۴/۰۶۷	۰/۶۴۸*±۰/۱۶	۰/۰۷۶*±۰/۰۱۳	۶/۵۴^{ns}±۵/۷	۰/۰۰۴۱*±۰/۰۰۱۹	۱/۸۶*±۰/۴۸۵	۰/۴۷۶*±۰/۱۲۸	۰/۰۷۷*±۰/۰۱۳
$H_1/D\surd$	۱/۸۱	۲/۷۸	۱/۲۶۹	۱/۴	۱/۳۷	۱/۶۲۲	۱/۵۸۸	۰/۸۹	۱/۸۶
$H_2/4H_1$	۰/۱۹۵	۰/۱۹۶	۰/۱۹۲	۰/۱۹۶	۰/۱۹	۰/۲۰۹	۰/۱۹۶	۰/۱۸۶	۰/۱۹۶
KDR/KrR	۱/۸۱	۱/۴۳	۲/۲۳۲	۲/۳۸۸	۲/۱۴	۱/۷۰۳	۲/۰۶	۱/۴۸۱	۱/۷۳۹
h^{2}/H_2	۰/۲	۰/۱	۰/۲	۰/۱	۰/۲	۱/۴	۰/۴	۰/۶۷	۰/۳
$H^{2}_{N.S}$	٪۲۷/۸	٪۳۵	٪۴۵/۹	٪۲۶	٪۳۷/۶	٪۳۵	٪۲۳/۳	٪۳۲	٪۳۳/۹
$H^{2}_{B.S}$	۰/٪۴۹/۸	٪۸۶	٪۶۹/۳	٪۶۸	٪۸۶/۶	٪۶۳	۰/٪۶۷/۷	٪۶۲	٪۴۸/۷

*: معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد

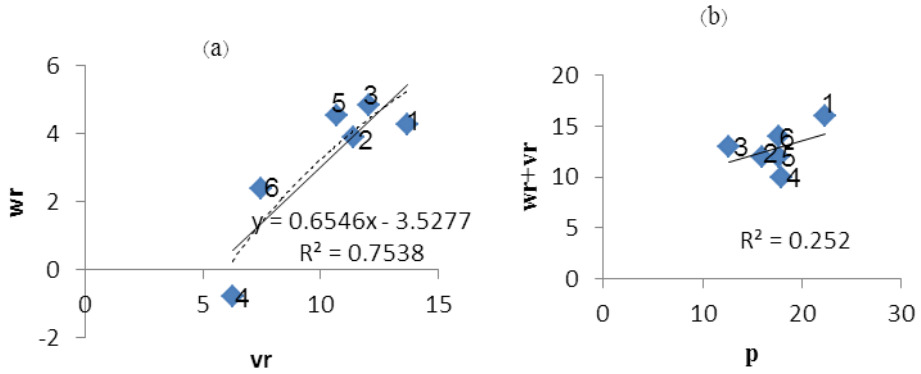
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]



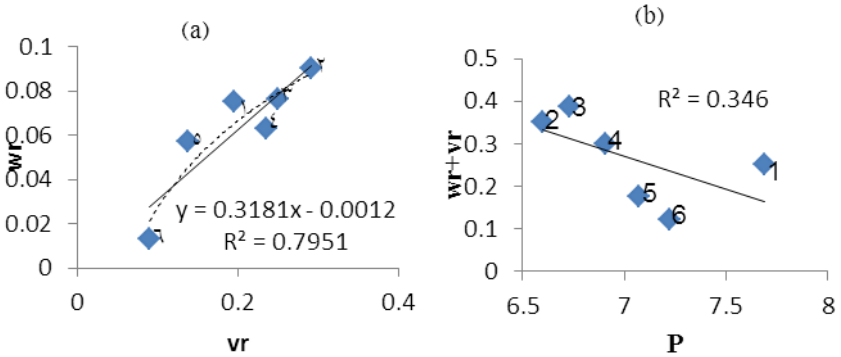
شکل ۴- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت وزن هزار دانه (گرم)، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰ ایکاردا)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 4. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) one thousands grain weight (gr): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)



شکل ۵- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله،شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۱۶۶/۳۵۲)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 5. Refression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) spikelets number per spike: 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)

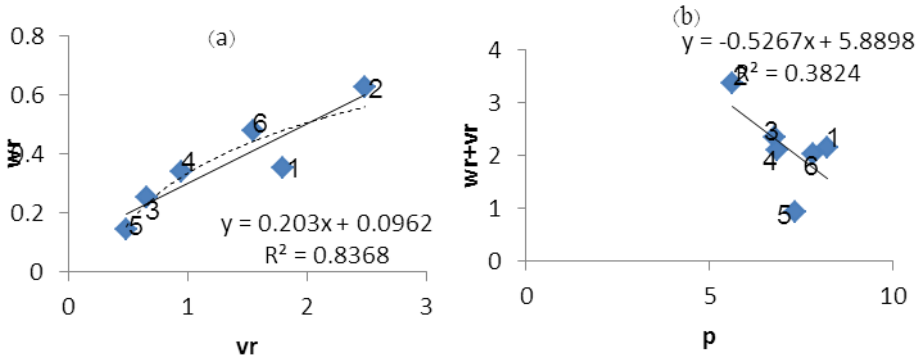


شکل ۶- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت ارتفاع، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 6. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) plant height (cm): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)

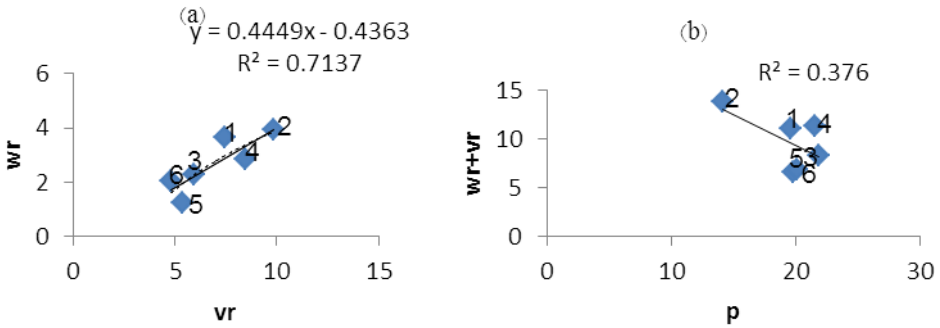
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]



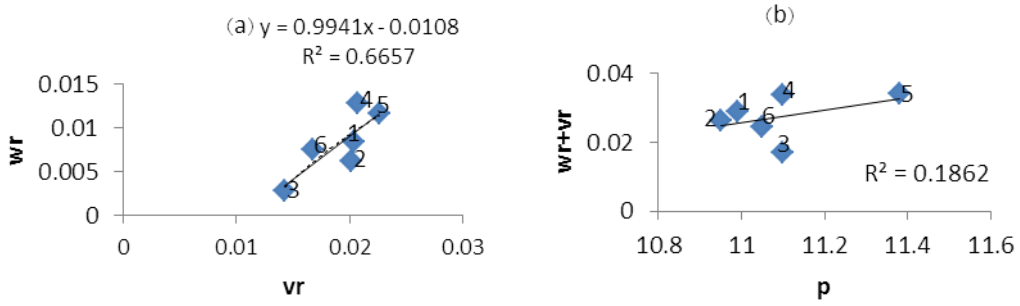
شکل ۷- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت طول سنبله، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 7. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) spike length (cm): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352



شکل ۸- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت طول پدانکل، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 8. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) peduncle length (cm): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)



شکل ۹- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (صحرا)، ۶ (۲۱۶/۳۵۲)

Figure 9. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) days to maturity: 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

منابع

1. AL-Tabbal, J.A. and A.H. AL-Fraihat. 2012. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. Journal of Agricultural Science, 4: 193-210.
2. Azhar, F.M. and T. Mcneilly. 1988. The genetic basis of variation for salt tolerance in *Sorghum bicolor* L. Moench seedlings. Plant Breeding, 10: 114-121.
3. Baghizadeh, A., E. Talei, M.R. Naghavi and H. Zeinali Khanghah. 2005. Assesmet Inheritance ability quantitativeof treats in barley (*Hordeum vulgare*) by analysis mean generation. Journal Agriculture Scientific Iran, 35: 851-851 (In Persian).
4. Baghizadeh, A., E. Talei, M.R. Naghavi and H. Zeinali Khanghah. 2005. Genetic analysis of grain yield related treats in barley (*Hordeum vulgare* L.), Afzal/Cwb cross. Journal Plant & Seed, 20: 235-243 (In Persian).
5. Bayat, F. and B.Vaezi. 2017. Evaluation of grain ield components in some barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. Journal of Crop Breeding, 20: 220-227 (In Persian).
6. Badooei Delfard, R., K.H. Mostafavi and A. Mohammadi. 2017. Genotype-invironment interaction and yield stability of winter barley varieties (*Hordeum vulgare* L.), Journal of Crop Breeding, 20: 99-106 (In Persian).
7. Centre for Information and Communication Technology Ministry of Agricultural. 2013. The first volume of agricultural crops in the agricultural Statistics letters 2010-2012. Ministry of Agricultural Department of Planning and Economic Program, Center for Information and Communication Technology.
8. Drought tolerance in breed wheat using generation mean analysis. Journal of Plant Production, 19: 43-65 (In Persian).
9. Chowdhry, M.A., A. Ambreen and I. Khalig. 2002. Genetic control of some polygenic traits in vulgare Species. Plant Science, 1: 235-237.
10. Dehghani, H., M. Torabi, M. Moghadam and M.R. Ghanadha. 2006. Cross-plot analysis of bi plot-type allele of yellow rust of wheat. Journal Plant & Seed, 21: 123-138 (In Persian).
11. Eraja, L., T.P.S. Chuhan, V. Thiagaraja, V. Lakshman and C.K. Kamble. 1997. Line×tester analysis of combining ability in new genotypes of biviltine silkworm. Ind. Journal Agriculture Science, 67: 287-290.
12. Eshghi, R. and E. Akhundova. 2010. Inheritance Pattern of β-glucan and Protein Countents in Hulless Barley. International Journal of Agriculture & Biology, 12: 68-72 (In Persian).
13. Fehr, W.R. 1993. Principles of cultivar development. Vol. 1. MacMillan Publish. Co. New York, USA. 342 pp.
14. Gougerdchi, V., S. Dezhsetan, M. Izadi Dogonchi, M.A. Aebrahimi, A. Asghari and B. Sadeghzadeh. 2017. Journal of Crop Breeding, 20: 60-69 (In Persian).
15. Hajmansoor, S.H., M.R. Bepanah, A.R. Nabipoor, A. Mohamadi, M. Pirseyedi and H.R. Nikkhah. 2010. Genetic diversity in barley genotypes: seed storage proteins (hordeins) and agronomic traits. Plant breeding & Seed, 4: 1-25 (In Persian).
16. Hanson, C.H. 1959. Heritability RRC Wshington DC. 125-129.
17. Heidari, B. 2010. Genetic variation and genetic ain from selection in bread wheat. Electronic Journal of crop production, 3: 239-246 (In Persian).
18. Jinks, J.L. and B.I. Hyman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genetic Crop News land, 27: 48-54.
19. Johnson, L.P.V. and R. Askel. 1964. The inheritance of malting quality and agronomic characters in diallel crosses of Barely. Canadian Journal Genetic Cytology, 6: 178-200.
20. Kashif, M. and A. Salam Khan. 2008. Combining ability studies for some yield contributing traits of bread wheat under normal and late sowing conditions. Pakistan Journal Agricalture Science, 45: 44-49.
21. Kearsey, M.T. and H.S. Pooni. 1998. Genetical Analysis of Quantitative Traits. Chapman and Hall.
22. Kularia, R.K. and A.K. Sharma. 2005. Generation mean analysis for yield and its component traits in barley (*Hordeum Vulgare* L.). Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 65: 129-130.
23. Mann, M.S. and S.N. Sharma. 1995. Genetics of yield, harvest index and related components in durum wheat. Crop Improvement, 22: 38-44.
24. Mather, K.K. and J.L. Jinks. 1982. Introduction to biometrical Genetics. Chapman and Hall Ltd London 3rd, pp: 81-84
25. Nakhjavan, Sh., F. Darvish, B. Sorkhi and M. Zahravi. 2009. Assesmet Inheritance ability quantitative of treats in barley (*Hordeum vulgare*) under irrigation and drought season using mean generation analysis. The New fond Agricultural, 3: 204-223 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

26. Nakhjavan, S., M. Behamta, F. Darvish, B. Sorkhi and M. Zahravi. 2010. Study on gene action for some quantitative traits in barley under normal irrigation and terminal drought conditions on cross between EC84-12×1-BC-80455. The 11th Iranian Congress of Crop Sciences (In Persian).
27. Pal, D. and S. Kumar. 2009. Genetic analysis of forage yield and other traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Barley Genetics Newsletter, 39: 13-19.
28. Prakash, V., R.V. Singh and D.D. Saini. 2005. Gene action for grain yield and its related traits in barley (*Hordeum Vulgare* L.). Crop Improvement, 2005, 32: 40-43.
29. Pourkheirandish, M. and T. Komatsuda. 2007. The importance of barley genetics and domestication in a global perspectives Annals of Botany, 100: 999-1008.
30. Rahimi, M., F. Erahim pour and R. Eshgi. 2013. Determine heritability and mapping controlling genes agronomic traits on barley. Crop Biotechnology, 2: 35-48 (In Persian).
31. Rohman, M.M., R. Sultana, R. Podder, A.T.M. Tanjimul Islam, M. Kamrul Islam and M.S. Islam. 2006. Nature of gene action in barley (*Hordeum vulgare* L.). Asian Journal of Plant Sciences, 5: 170-173.
32. Singh, R.K. and B.D. Chaudhry. 1985. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani, Pub. Ludhiana, New Delhi, Revised Ed., 102-118.
33. Singh, S.K., H.C. Singh and H.L. Singh. 2006. Inheritance of quality traits in barley (*Hordeun vulgare* L.). International Journal of Plant Sciences, 1: 304-305.
34. Sing, N. 2012. Study of heritability and genetic advance in barley (*Hordeum vulgare* L.) on affected soil. International Journal of Food, Agriculture and Veterinary Sciences, 2: 35-39.
35. Tahmasebi, S., M. Khodam Bashi, E.M. Rezai. 2008. Estimates of genetic parameters for grain yield and its related traits using optimum conditions and drought stress in diallel crosses. Science and Technolog of Agriculture and Natural Resources, 11: 229-240 (In Persian).
36. UR-Rehman, A., I. KHallq, M. Aslam Khan, R. Imran and K. Hushnood. 2002. Combining ability studies for polygenic characters in Aestivum species, International Journal Agriculture Biology, 4: 171-174.
37. Wali Muhammad, R., A. Qayyum, SH. Liaqat, A. Hamza, M. Muhammad Yousaf, B. Ahmad, J. Shah, M. Hussain, A. Naveed Ahsan, S. Hussain Qurashi and E. Noor. 2012. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in arid condirions. Journal of Food, Agriculture & Environment, 10: 626-629.
38. Wilson, N.D., D.E. Weible and R.W. Mcnew. 1978. Diallel analysis of grain yield, percent protein and protein yield in Sorghum. Crop Science, 18: 491-495.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]

Study of the Inheritability of Morphological Traits in some Barley Genotypes (*Hordeum vulgare*) by Analysis Diallel Crosses

Sakineh Pesaraklu[1], Hassan Soltanloo[2], Sanaz Ramezanpour[3] and Mehdi Kalateh Arabi[4]

1 and 3- PhD student and Associate Professor, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources
2- Associate Professor, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, (Corresponding author: soltanlooh@gau.ac.ir)
3- Associate Professor, of Agriculture Research Station, Gorgan Agriculture Research Station, Gorgan
Received: September 30, 2015 Accepted: March 2, 2016

Abstract

Barleys one of the important four major crops in the world after wheat, corn and rice. About 2.16 million hectare of arable land was cultivated by barely in 2011-2012. In order to investigate heritability and gene action was used barely half-diallel of 7 × 7 in some barley-related yield traits. For this purpose were used in 6 barley genotypes with Sahra variety (the native desert). Tests carried out in a randomized complete block design with three replications at the Agricultural Research Station of gorgan (Iraqi Research Station neighborhood) 2011-2012 and 2012-2013 years. The traits were of grains per spike, grain weight per spike, spike weight, grain weight, 1000 grain weight, spikelet number, plant height, spike length, peduncle length and days to maturity. The results showed significant mean square of parents and crosses for all traits. Therefore, performed genetic analysis for traits In most of the traits was estimated to be non-additive variance greater than additive, also, calculation of average degree of dominance indicated for all traits except spike length overdominance genes effect, graphical analysis that confirmed it. Broad sense heritability not so high for traits, So phenotypic selection is not an appropriate method and the results will not be consolidated in next generations. So, hybridization will be more effective method of selection for traits in order to achieve the objectives of the reform. 166/352 genotypes for temperate regions has the highest average seed number and weight of grains per spike and the highest average seed number and weight of grains per spike and 166/352×283/352 crosses have become the highest average grain yield related traits.

Keywords: Barley, Diallel cross, Genetic analysis, Inheritance

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.41]