



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

سکینه پسرکلو<sup>۱</sup>, حسن سلطانلو<sup>۲</sup>, سیده ساناز رمضان‌پور<sup>۳</sup> و مهدی کلاته<sup>۴</sup>

۱-۳- دانشجوی دکتری و دانشیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

۲- دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، (نویسنده مسؤول: soltanlooh@gau.ac.ir)

۳- 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 ۹۰-۹۱ حدود ۱۶/۲ میلیون 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 ۶ ژنوتیپ جو به همراه رقم صحراء (رقم بومی منطقه) مورد استفاده قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوك کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (ایستگاه تحقیقات عراقی محله) طی سال‌های ۹۰-۹۱ و ۸۹-۹۰ انجام شد. صفات مورد مطالعه تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تعداد سنبله، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک بودند. نتایج نشان داد میانگین مرباعات والدین و تلاقی‌ها برای تمام صفات معنی دار بود. لذا تجزیه ژنتیکی برای صفات صورت گرفت. در اکثر صفات مورد ارزیابی واریانس غیر افزایشی بیشتر از افزایشی تخمين زده شد، ممچنین محاسبه میانگین درجه غالیت نیز برای تمامی صفات بجز طول سنبله عمل فوق غالیت 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 موردنظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود. ژنوتیپ ۱۶۶/۳۵۲ منطقه معتقد بالاترین میانگین را برای صفات تعداد دانه و وزن دانه در سنبله و تلاقی ۱۶۶/۳۵۲ بالاترین میانگین در صفات مرتبط با عملکرد دانه را بخود اختصاص داده‌اند.

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

### مقدمه

تعیین ترکیب‌پذیری و اجزاء واریانس ژنتیکی از مهم‌ترین کارهای هر برنامه نژادی برای دورگ‌گیری می‌باشد (۱۳) و به بهنژادگران کمک می‌نماید تا نحوه عمل ژن یا ژن‌های دخیل در ظاهر 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 می‌باشدند. 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 گرفتند که اثر متقابل سه‌گانه و لینکاز و یا هر دو در توارث این صفت نقش دارند. در مدل برازش داده شده علامت مخالف h و I نشان‌دهنده‌ی اپیستازی از نوع دوگانه بود، همچنین معنی دار شدن I نشان داد این نوع اپیستازی بوسیله گزینش تحت شرایط خودگشتنی قابل تثبیت نمی‌باشد. در شرایط آبیاری معمولی برای

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 از جمله 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 به خوبی رشد نمی‌کنند (۱۵). بررسی توع 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 چغرافیایی 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 فرار کننده از خشکی را تسهیل کرده و موجب صرفه جویی در وقت، هزینه و نیروی انسانی گردد.

از تجزیه تلاقی‌های دای‌آل انجام گرفت. همچنین برآورد توارث‌پذیری عمومی و خصوصی که به دست اوردن 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 (عرائی محله) کشت و تلاقی دای‌آل انجام شد. نتاج  $F_1$  به همراه والدین در سال ۱۳۹۰ در قالب طرح بلوك 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 سنبله 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 بدست آمده مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. در صورت وجود تنوع کافی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات از تجزیه و تحلیل دای‌آل بر اساس مدل جینکر و هیمن (۱۷) استفاده شد. در صورت صادق بودن فرضیات مدل خط رگرسیون رسم شده، پارامترها و شخص‌های آماری برآورد شد و عمل زن برای صفات مورد نظر مشخص گردید. در این تحقیق نرم افزارهای ژنی از فرمول ذیل برآورد گردید، که در آن  $h^2$  اختلاف بین میانگین نتاج و میانگین والدین است.

$$K = \frac{h^2}{\frac{1}{4H_1}} \quad (1)$$

Table 1. The genotypes used in the diallel crossing

شجره	ژنوتیپ	شماره
Moroc9-75//WI12291/Cl01387/3/H.spont.41-1	95/110 ICARDA	۱
Soufara-02/3/RM1508/Por//WI12269/4/Hml-02/ArabiAbiad//ER/Apm	104/110 ICARDA	۲
PETUNIA 1	283/352 ممناطق معتدله	۳
ICNB-105960/Torkman	166/352 ممناطق معتدله	۴
Mtn-01	67/110 ICARDA	۵
Zabol	صحرا	۶
	216/352 ممناطق معتدله	۷

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مورد استفاده جو در تلاقی دای‌آل

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

در مطالعه سینگ و همکاران (۳۳) مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی برای صفات وزن هزاردانه، محتوای پروتئینی و تریپتوفان با تلاقی دای‌آل  $12 \times 12$  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 پیشرفته ژنتیکی برای محتوای پروتئینی و محتوای تریپتوفان مشاهده شد در حالیکه برای وزن هزار دانه مقدار متوسطی بدست آمد.

اسحاقی و آخوندوا (۱۲) در تجزیه ژنتیکی جو لخت برای زن بتا-گلوکان و ذخیره پروتئینی با تلاقی دای‌آل 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. بدینه 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 بهترادی مناسب برای صفات مهم جو و تعیین پارامترهای ژنتیکی اصلاحی با استفاده

## 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 ( $P < 0.01$ ) و برای صفات تعداد سنبلچه و ارتفاع در سطح احتمال ( $P < 0.05$ ) وجود دارد و لذا تجزیه ژنتیکی به روش تلاقی‌های دای‌آل بلامانع می‌باشد. برای صحت مدل افزایشی - غالیت از دو آزمون ماتر و جینکر (۲۴) استفاده شد. در آزمون مقدماتی ماتر و جینکر، انحراف ضربی رگرسیون از یک برای صفات طول پدانکل، رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه معنی‌دار گردید، معنی‌داری ضربی رگرسیون از یک بیانگر صادق نبودن یکی از فرضیات جینکر و هیمن (۱۷) مبنی بر اینکه هر مکان ژنی دارای دو آل است، ژن‌ها بطور مستقل در والدین توزیع شده‌اند و عدم وجود اثرات متقابل غیرآلی 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 غالیت 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  $166/352$  در صفت ارتفاع، والد  $67/110$  در صفت تعداد سنبلچه و والد  $283/352$  برای صفات ارتفاع، طول پدانکل و طول سنبله حذف شده وداده‌ها مجدد تجزیه شد. بر اساس آزمون دوم ماتر و جینکر، معنی‌داری  $wr+vr$  (جدول ۳) دال بر وجود اثرات غالیت در مورد صفات مطالعه بوده که در مورد صفات وزن دانه در سنبله و تعداد دانه در سنبله معنی‌دار گردد، و مقادیر  $wr-vr$  دلیل وجود اثرات متقابل غیرآلی 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 - غالیت کفایت نمی‌کند. بنابراین اگر یکی از فرضیات انجام شود، مدل افزایش - غالیت مطرح شده تا حدی مناسب است. رجیمی و همکاران (۳۰)، نخجوان و همکاران (۲۶) و روهمن و همکاران (۳۱) نشان دادند که در صفات مورفو‌لولوژیک گندم اثرات اپیستازی بطور معنی‌داری در کنترل صفات نقش دارد و مدل افزایشی - غالیت برای برازش صفات کفایت نمی‌کند.

برآورده واریانس مؤلفه‌های ژنتیکی (جدول ۳) نشان داد هر دو مؤلفه اثرات افزایشی (D) و اثرات غالیت (H) معنی‌دار شدند، بنابراین همه صفات مورد بررسی تحت کنترل اثرات غالیت و افزایشی ژن‌ها هستند. در همه صفات ارزش‌های نامساوی  $H_1$  و  $H_2$  نشان‌دهنده حضور نابرابر فراوانی آلل‌های مثبت و منفی است. که بوسیله نسبت  $H_2/4H_1$  نیز اثبات شد و نشان‌دهنده حضور نامساوی فراوانی آلل‌های مثبت و منفی بود (جدول ۴). زمانی که ژن‌ها بطور مساوی بین والدین توزیع شده باشند، این ارزش برابر با  $1/2$  است (۳۲). برای همه صفات مؤلفه F (میانگین کوواریانس افزایشی و غالیت کلیه ریدیفها) 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 مجدد تأیید می‌کند. معنی‌دار بودن آماره مجموع انحرافات غالیت 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 غالیت 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 غالیت حاصل از مکان‌های ژنی هتروزیگوت است.

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

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***
ژنتیک	۲۷	۱۲۵/۳۳***	۰/۲۷**	۱۳۶/۹۹**	۰/۱۶**	۱۸/۹۹*
خطا	۵۴	۲۳۳/۴۴	۰/۰۵۷	۱۶/۷۳	۰/۱۷	۷/۱۶
ضریب تغییرات	۸/۹	۱۹/۵۸	۰/۹۵۸	۱۷/۹۲	۲۱/۵۲	۱۵/۲۱
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع (سانتی‌متر)	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	طول سنبله (سانتی‌متر)	طول پدانکل (سانتی‌متر)	تعداد سنبلچه
بلوک	۲	۱/۵۵*	۰/۰۶۵*	۲۰/۷۷**	۰/۲۰	۲۴/۶۹*
ژنتیک	۲۷	۰/۲۲*	۰/۰۴۴**	۳/۰۱**	۱۴/۹۵**	۴/۸۶
خطا	۵۴	۰/۱۷	۰/۰۱۵	۰/۰۷	۱۰/۷۳	۱۰/۷۳
ضریب تغییرات	۵/۷۳	۱/۱	۰/۱۰	۱۰/۹۴		

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

جدول ۳- تجزیه واریانس  $W_r - V_r$  و  $W_r + V_r$  برای صفات مورفولوژیکTable 3. Analysis of  $W_r - V_r$  and  $W_r + V_r$  for morphological traits

متابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد سنبله	وزن هزار دانه (گرم)	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله
بلوک	۲	۷/۰۹ <sup>ns</sup>	۸۱۱/۳۴ <sup>ns</sup>	۰/۰۱۷ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۷۹ <sup>ns</sup>
$W_r - V_r$	۶	۱۲/۵۱ <sup>ns</sup>	۹۷۲/۷۸ <sup>ns</sup>	۰/۰۲۴ <sup>ns</sup>	۰/۰۱ <sup>ns</sup>
بلوک	۲	۱۱/۱۵ <sup>ns</sup>	۱۲۳۹/۵۵ <sup>ns</sup>	۰/۰۳۱ <sup>ns</sup>	۰/۰۲ <sup>ns</sup>
$W_r + V_r$	۶	۸۷/۷۴ <sup>ns</sup>	۱۹۸۳/۸۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۴۸۵ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۸۹ <sup>**</sup>
متابع تغییرات	درجه آزادی	رسیدگی فیزیولوژیک	طول پدانکل (سانسی متر)	طول سنبله (سانسی متر)	ارتفاع (سانسی متر)
بلوک	۲	۰/۰۰۰۶ <sup>ns</sup>	۹۲/۸۹ <sup>**</sup>	۶/۸۴ <sup>**</sup>	۰/۰۱۶ <sup>ns</sup>
WR-VR	۶	۰/۰۰۰۳ <sup>ns</sup>	۱۵/۷۲ <sup>ns</sup>	۱/۲۸۲ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۰۸ <sup>ns</sup>
بلوک	۲	۰/۰۰۰۹ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۹ <sup>ns</sup>	۱/۲۸۴ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۳ <sup>ns</sup>
WR+VR	۶	۰/۰۰۰۱۴ <sup>ns</sup>	۲۲/۶۲۴ <sup>ns</sup>	۲/۵۶ <sup>*</sup>	۰/۰۲۶ <sup>ns</sup>

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

بیش از یک گروه ژنی دخیل می‌باشد و عمل ژن بصورت فوق غالیت گزارش شده است (۲۵).

قابلیت توارث‌پذیری عمومی و خصوصی برای همه صفات در جدول (۴) ثبت شده است. محدوده و راثت‌پذیری 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 و راثت‌پذیری عمومی و خصوصی در صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله تأیید کننده نقش بالای واریانس غیرافزایشی (غالیت و اپیستازی) در کنترل ژنتیکی این صفات است. با توجه به پایین بودن واریانس افزایشی، گزینش در طی نسل‌های تفکیک با مشکلاتی همراه خواهد بود. 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 تشییع اثرات ژنتیکی می‌شود و نیاز به داشتن اندازه جمعیت بزرگتر را برطرف می‌نماید. در مطالعه رحیمی و همکاران (۳۰) و راثت‌پذیری خصوصی پایینی برای صفات وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله در جو برآورد گردید، مقایسه واریانس‌های افزایشی و غالیت 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 و راثت‌پذیری بالایی دارد و بهره ژنتیکی ناشی از گزینش این صفت بالا است (۱۷). نخجوان و همکاران (۲۵) و راثت‌پذیری خصوصی صفت طول سنبله را در دو تلاقی و دو شرایط نرمال و تنش خشکی پایان فصل بین ۲۹-۷۰ درصد برآورد کردند. پال و

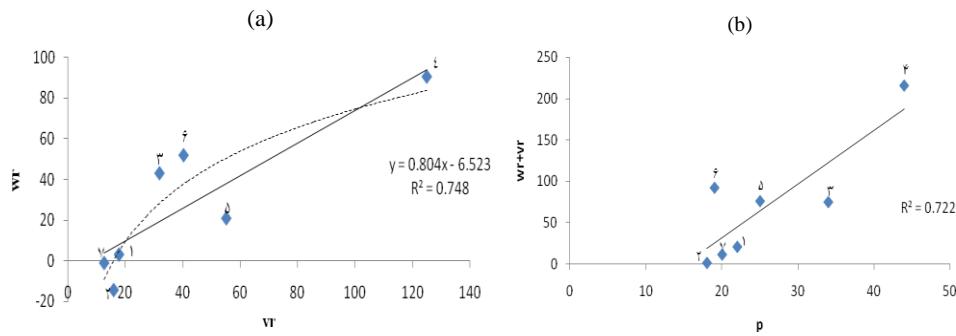
تقاطع منفی خط رگرسیون WR/Vr (شکل‌های ۱-۱۰) برای همه صفات بجز طول سنبله نیز عمل فوق غالیت ژن‌ها را تأیید نمود. با توجه به نتایج حاصل از گراف و میانگین درجه غالیت در صفت طول سنبله عمل ژن در این صفت بصورت غالیت ناقص بوده و نقش اثرات افزایشی ژن‌ها بیشتر می‌باشد، با در نظر گرفتن این نتایج، روش‌هایی که در 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 غالیت می‌باشد، همچنین مدل پیشنهادی افزایشی- غالیت بر این صفات کفایت نمی‌کند و اثرات غالیت به همراه اثرات متقابل افزایشی-افزایشی در کنترل توارث صفات دخیل هستند. در مطالعه مان و شارما (۲۳) نیز عمل ژن در صفت طول سنبله به صورت فوق غالیت 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 غالیت می‌باشد (۳۱، ۳۶). باقی‌زاده و همکاران (۴) و نخجوان و همکاران (۲۵) بیان کردند در صفت ارتفاع بوته علاوه بر اثرات افزایشی و غالیت اثرات متقابل افزایشی-افزایشی و غالیت- غالیت 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 کولاپاریا و شارما (۲۲) و باقی‌زاده و همکاران (۴) عمل ژن در صفت ارتفاع بوته را فوق غالیت عنوان کردند. در کنترل صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک نیز

بصورت غالب عمل می‌کنند، البته در مورد صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک 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 ژنتیپ‌هایی که در این صفات بالاترین مقادیر را دارند سبب پایداری بیشتر این صفات می‌گردد. همچنین همبستگی مثبت بین ژنتیپ‌هایی که کمترین ارتفاع و کمترین طول پدانکل را دارند نیز مشاهده شده است.

برای همه صفات، اثرات افزایشی و غالباً مثبت ژن‌ها معنی دار گردید. با توجه به مقادیر میانگین درجه غالیت 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 به صورت فوق غالیت می‌باشد. همچنین در اکثر صفات مورد ارزیابی واریانس غیرافزایشی بیشتر از افزایش تخمين زده شد. وراثت‌پذیری عمومی برای اکثر صفات چندان بالا نیست و تأثیر محیط بر روی این صفات بالاست، که معنی داری اثرات محیطی این مسئله را تأیید می‌کند، بنابراین گرینش فوتیپی روش مناسبی نیست و نتایج حاصل از آن در نسل‌های بعد قابل تثبیت نخواهد بود. بنابراین با توجه به مهم بودن اثر ژن‌های غالب انحراف هیبریداسیون در جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود با توجه به این که برخی صفات حد بالا و برخی دیگر حد پایین آن صفت مطلوب می‌باشد، بنابراین بهترادگر قادر است با توجه به اهداف اصلاحی هر یک از والدین را انتخاب کند. در بین ژنتیپ‌های مورد بررسی ژنتیپ 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 ژنتیپ 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 بهترادی هیبریداسیون بهره جست، همچنین، از تلاقی‌های  $216/352 \times 95/110$ ،  $216/352 \times 95/110$ ،  $67/110 \times 283/352$  و  $283/352 \times 166/352$  می‌توان جهت آزادسازی رقم در برنامه‌های بهترادی برای افزایش صفات مرتبط با عملکرد استفاده نمود.

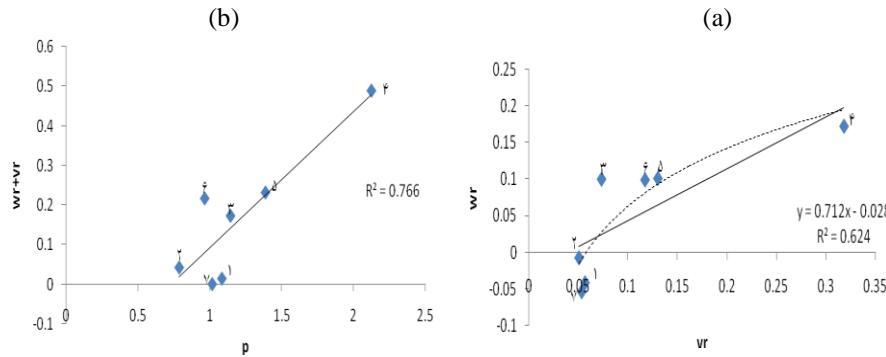
کومار (۲۷) صفت ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد سنبلچه عمل ژن بصورت فوق غاییت بوده و میزان وراثت‌پذیری خصوصی صفات به ترتیب ۱۶، ۳۵ و ۹۰ درصد برآورد نمودند. التبا و الفراحت (۱) در مطالعه ۸۶ لاین امیدبخش جو محدوده قابلیت توارث‌پذیری عمومی را بین ۷/۶۸-۹۹ درصد برآورد کردند و عنوان نمودند عملکرد دانه همبستگی فوتیپی و ژنتیپی بالای 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 نقش 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، سنبلچه و عملکرد بوته ضریب تنوع فوتیپی بیشتر از ضریب تنوع ژنتیپی 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 گرینشی می‌تواند برای بهبود ژنتیکی جو سودمند باشد، سینگ (۳۴) نیز نتایج مشابهی برای صفت وزن هزار دانه در جو ارائه داد.

درجه غالیت را از طریق خط رگرسیون Wr روز نیز می‌توان بررسی کرد. اگر عرض از مبداء صفر باشد (خط رگرسیون در مبداء مختصات محور Wr را قطع کند) نشان‌دهنده غالیت کامل، اگر مشت باشد (خط رگرسیون بالاتر از مبداء مختصات محور Wr را قطع نماید) غالیت نسبی و اگر منفی باشد (خط رگرسیون پایین‌تر از مبداء مختصات محور Wr را قطع کند) فوق غالیت است (۲۵). شکل‌های (۱-۱۰) (الف) بجز در صفت طول سنبله نتایج جدول (۴) را تأیید می‌نمایند معمولاً برای مطالعه همبستگی بین ژن‌های غالب و فوتیپ والدین، مقادیر Wr+Vr در مقابل ارزش‌های والدینی رسم می‌شوند (اشکال ۹-۱). با توجه به نمودار Wr+Vr در برابر فوتیپ والدین، همبستگی مشت 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



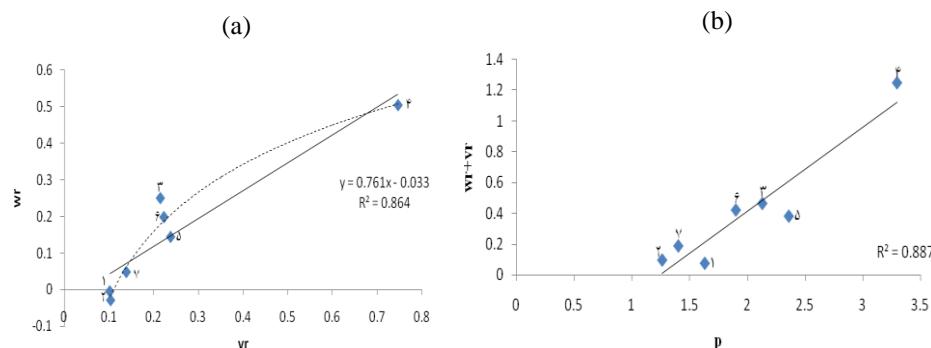
شکل ۱ - خط رگرسیون (a) و خط رگرسیون (b) صفت تعداد دانه در سنبله شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۲۱۶/۳۵۲)، ۳ (۲۸۳/۳۵۲)، ۴ (۱۶۶/۳۵۲)، ۵ (۶۷/۱۱۰)، ۶ (صحراء)، ۷ (۱۰۴/۱۱۰)

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

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

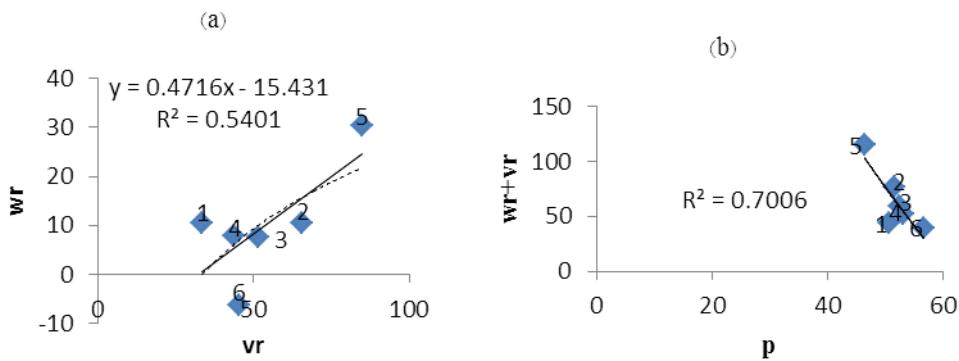
Figure 3. Regression line Wr/Vr(a) and regression line Wr+Vr/p (b) spike weight (gr): 1 (15/110), 2 (104/110), 3 (283/352), 4 (166/352), 5 (67/110), 6 (sahra), 7 (216/352)

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

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

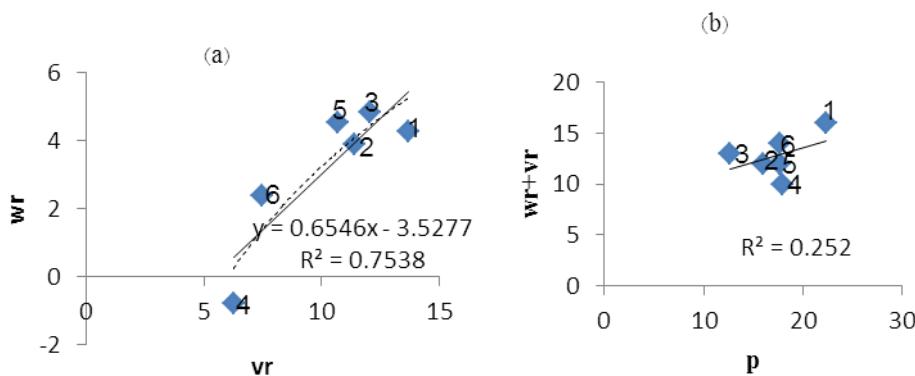
پارامتر	تعداد سنبلچه	وزن هزار دانه (گرم)	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله (گرم)	رسیدگی فیزیولوژیک (سانتی متر)	طول پدانکل (سانتی متر)	طول سنبله (سانتی متر)	ارتفاع (سانتی متر)
D±S.E <sub>(D)</sub>	۱۲/۸ <sup>*</sup> ±۱/۵۱	۲۹/۲۴ <sup>*</sup> ±۱۱/۵	۱۰/۱/۳۶ <sup>*</sup> ±۱۲/۲۲	۰/۲۵ <sup>*</sup> ±۰/۰۳۹	۱۱/۹۱ <sup>*</sup> ±۱/۸۳	۰/۰۲۹ <sup>*</sup> ±۰/۰۰۵	۳/۰۴۴ <sup>*</sup> ±۰/۳۸۵	۰/۲۳۴ <sup>*</sup> ±۰/۰۳۹
F± S.E <sub>(F)</sub>	۱۳/۴ <sup>*</sup> ±۳/۶۲	۲۹/۲۷ <sup>ns</sup> ±۲۷/۵۹	۰/۲۸ <sup>*</sup> ±۰/۰۹۴	۰/۵۹۵ <sup>*</sup> ±۰/۲۰۷	۱۳/۱۲ <sup>*</sup> ±۴/۳۹	۰/۰۲۴۷ <sup>ns</sup> ±۰/۰۱۳	۰/۲۳۵ <sup>*</sup> ±۰/۰۹۳	۰/۲۳۳ <sup>ns</sup> ±۰/۹۲۵
H <sub>1</sub> ± S.E <sub>(H1)</sub>	۴۱/۹۶ <sup>*</sup> ±۳/۶۴	۲۲۶/۲۸ <sup>*</sup> ±۲۷/۶۹	۰/۴۹ <sup>*</sup> ±۰/۰۹۴	۰/۹۹۱ <sup>*</sup> ±۰/۲۰۸	۳۰/۰۷۹ <sup>*</sup> ±۴/۴۰۷	۰/۰۷۶ <sup>*</sup> ±۰/۰۱۳	۲/۴۱۲ <sup>*</sup> ±۰/۹۲۹	۰/۸۱۱ <sup>*</sup> ±۰/۰۹۳
H <sub>2</sub> ±S.E <sub>(H2)</sub>	۳۲/۷۵ <sup>*</sup> ±۳/۲	۱۷۷/۵۶ <sup>*</sup> ±۲۴/۴	۰/۳۸ <sup>*</sup> ±۰/۰۸۳	۰/۷۶۳ <sup>*</sup> ±۰/۱۸۳	۲۳/۶۹ <sup>*</sup> ±۳/۸۳۳	۰/۰۶۴ <sup>*</sup> ±۰/۰۱۱	۱/۸۰۲ <sup>*</sup> ±۰/۸۱۸	۰/۶۳۶ <sup>*</sup> ±۰/۰۸۲
h <sup>2</sup> ±S.E <sub>(h2)</sub>	۷/۶۴ <sup>*</sup> ±۲/۱۵	۲۴/۳۸ <sup>ns</sup> ±۱۶/۳۸	۰/۰۲ <sup>ns</sup> ±۰/۰۵۶	۰/۱۵۶ <sup>ns</sup> ±۰/۱۲۳	۱۰/۰۱۶ <sup>*</sup> ±۲/۶۰۸	۰/۰۹ <sup>*</sup> ±۰/۰۷۷	۱/۲۲۱ <sup>*</sup> ±۰/۰۵۹	۰/۲۰۲ <sup>*</sup> ±۰/۰۵۵
E± S.E <sub>(E)</sub>	۴/۱۷ <sup>*</sup> ±۰/۵۵۶	۸/۰۱ <sup>*</sup> ±۴/۰۶۷	۰/۰۷۵ <sup>*</sup> ±۰/۱۳	۰/۶۴۸ <sup>*</sup> ±۰/۱۶	۰/۰۴۷ <sup>*</sup> ±۰/۰۱۹	۰/۰۰۴۱ <sup>*</sup> ±۰/۰۰۱۹	۱/۸۷ <sup>*</sup> ±۰/۱۳	۰/۰۷۷ <sup>*</sup> ±۰/۰۱۳
H <sub>1</sub> /D	۱/۸۱	۲/۷۸	۱/۴	۱/۲۶۹	۱/۵۸۸	۱/۶۲۲	۰/۸۶	۰/۱۸۶
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	۰/۱۹۵	۰/۱۹۶	۰/۱۹۶	۰/۱۹۲	۰/۱۸۶	۰/۲۰۹	۰/۱۹۶	۰/۱۹۶
KDR/KrR	۱/۸۱	۱/۴۳	۲/۲۳۲	۲/۴۳۸	۲/۰۶	۱/۷۰۳	۱/۴۸۱	۱/۷۳۹
h <sup>2</sup> /H <sub>2</sub>	۰/۲	۰/۱	۰/۱	۰/۲	۰/۴	۱/۴	۰/۶۷	۰/۳
H <sub>N.S</sub>	٪۲۷/۸	٪۳۵	٪۴۵/۹	٪۲۶	٪۳۵	٪۳۷/۶	٪۳۵	٪۳۳/۹
H <sub>B.S</sub>	۰/٪۴۹/۸	٪۸۶	٪۶۹/۳	٪۶۸	٪۶۳	٪۶۷/۷	٪۶۲	٪۴۸/۷

\*: معنی دار در سطح احتمال پنج درصد



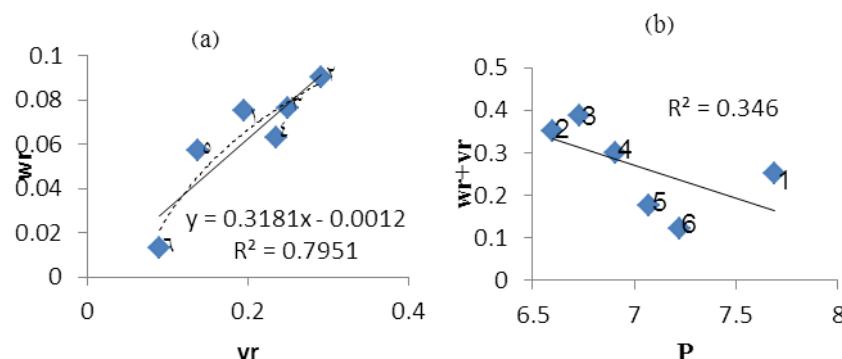
شکل ۴- خط رگرسیون  $Wr/Vr$  (الف) و خط رگرسیون  $Wr+Vr/p$  (ب) صفت وزن هزار دانه (گرم)، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۱۶/۳۵۲)، ۴ (۲۸۳/۳۵۲)، ۵ (۱۶۶/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (سahra)

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)



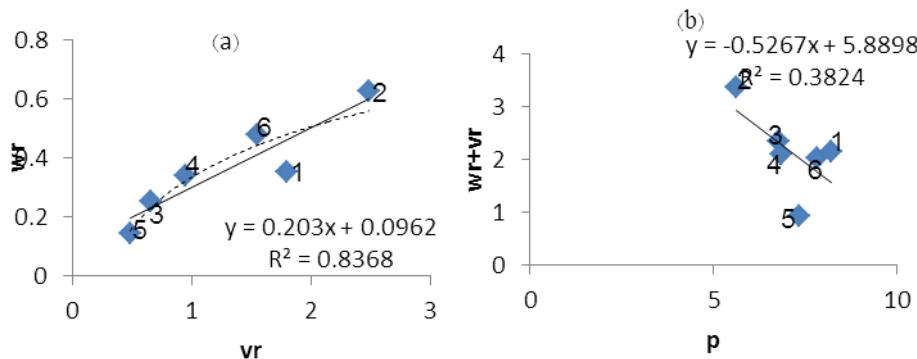
شکل ۵- خط رگرسیون  $Wr/Vr$  (الف) و خط رگرسیون  $Wr+Vr/p$  (ب) صفت تعداد سنبله‌چه در سنبله، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۱۶/۳۵۲)، ۴ (۲۸۳/۳۵۲)، ۵ (۱۶۶/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (سahra)

Figure 5. Refgression 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)



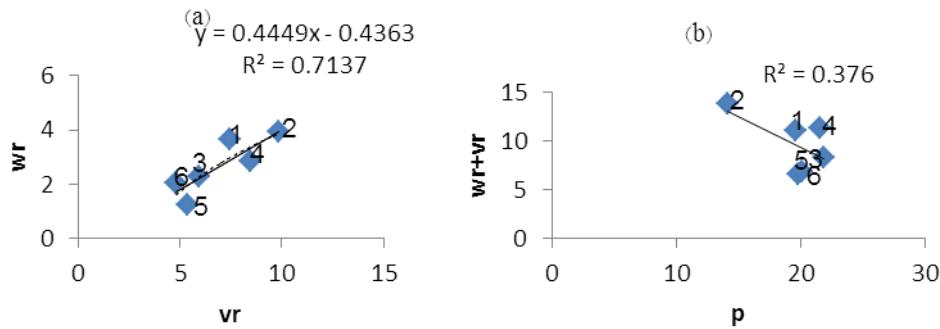
شکل ۶- خط رگرسیون  $Wr/Vr$  (الف) و خط رگرسیون  $Wr+Vr/p$  (ب) صفت ارتفاع، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۱۰۴/۱۱۰)، ۳ (۲۱۶/۳۵۲)، ۴ (۲۸۳/۳۵۲)، ۵ (۱۶۶/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (سahra)

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)



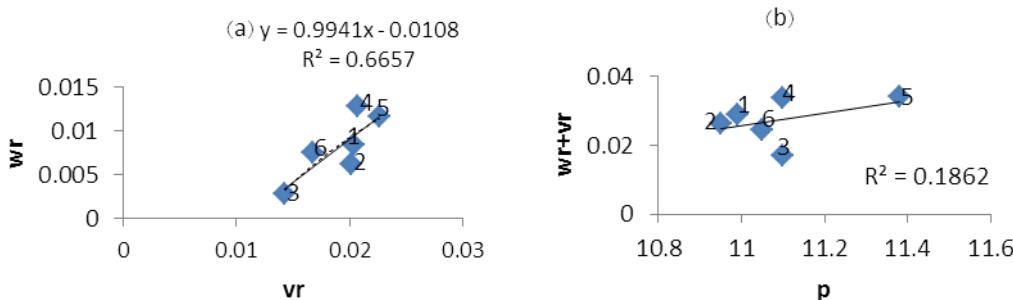
شکل ۷- خط رگرسیون Wr/Vr (الف) و خط رگرسیون Wr+Vr/p (ب) صفت طول سنبله، شماره‌های والدین به ترتیب: ۱ (۹۵/۱۱۰)، ۲ (۲۱۶/۳۵۲)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (۲۸۳/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (۲۱۶/۳۵۲)

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 (۲۱۶/۳۵۲)، ۳ (۱۶۶/۳۵۲)، ۴ (۶۷/۱۱۰)، ۵ (۲۸۳/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (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 (۲۸۳/۳۵۲)، ۶ (صحراء)، ۷ (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)

## 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. Badooeei Delfard, R., K.H. Mostafavi and A. Mohammadi. 2017. Genotype-environment 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 bivittine silkworm. *Ind. Journal Agriculture Science*, 67: 287-290.
12. Eshghi, R. and E. Akhundova. 2010. Inheritance Pattern of -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 Agriculture 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 3<sup>rd</sup>, pp: 81-84
25. Nakhjavani, 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).

- ۵۱
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 11<sup>th</sup> 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. Ebrahim pour and R. Eshghi. 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 (*Hordeum 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.

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

**Sakineh Pesaraklu<sup>1</sup>, Hassan Soltanloo<sup>2</sup>, Sanaz Ramezanpour<sup>3</sup> and Mehdi Kalateh Arabi<sup>4</sup>**

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:  
soltanloo@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  $7 \times 7$  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