

تجزیه ژنتیکی صفات مختلف ذرت با استفاده از تجزیه تلاقی‌های دی‌آل Genetic analysis of different traits in maize using diallel cross analysis

رجب چوکان^۱، حمید ابطحی^۲ و اسلام مجیدی هروان^۳

چکیده

چوکان، ر.، ح. ابطحی، ا. مجیدی هروان. ۱۳۸۵. تجزیه ژنتیکی صفات مختلف ذرت با استفاده از تجزیه تلاقی‌های دی‌آل. مجله علوم زراعی ایران. ۸ (۴): ۳۵۶-۳۴۳.

به منظور تعیین ماهیت عمل ژن در توارث صفات مختلف ذرت، ۵۶ ژنوتیپ (۲۸ دورگ و ۲۸ تلاقی معکوس) حاصل از تلاقی‌های دی‌آل هشت لاین خالص از نظر صفات کمی مهم در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج مورد بررسی قرار گرفتند. تجزیه دی‌آل براساس روش همین نشان داد که اثر ژن در رابطه با صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در ردیف بلال، عمق دانه، طول بلال، ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، به صورت فوق غالبیت می‌باشد. در کنترل صفات تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد برگ و روزهای تا ظهور گل تاجی غالبیت نسبی ژن‌ها حاکم بود، در حالیکه اثر ژن برای صفاتی چون وزن سیصد دانه و قطر بلال به صورت غالبیت کامل بود. استفاده از نمودار گرافیکی نشان داد که در تسریع شروع مراحل رشد زایشی و همچنین افزایش عملکرد دانه، تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف بلال، عمق دانه، طول بلال، قطر بلال، تعداد برگ، ارتفاع بوته و ارتفاع بلال ژن‌های غالب و برای افزایش وزن سیصد دانه ژن‌های مغلوب نقش مؤثری دارند.

واژه‌های کلیدی: ذرت، تلاقی دی‌آل، اثر ژن، وراثت‌پذیری، غالبیت، فوق غالبیت.

مقدمه

لازمه موفقیت و پیشرفت یک برنامه به‌نژادی، شناخت دقیق و آگاهی کامل از نحوه توارث صفات مختلف قبل از طراحی یک برنامه به‌نژادی جهت اصلاح و تولید ارقام جدید و مطلوب از نظر صفات موردنظر، تدوین بهترین روش‌های اصلاحی و در نهایت انتخاب مناسبترین والد از لحاظ پتانسیل بالای عملکرد و سایر

صفات مطلوب در برنامه‌های تولید هیبرید می‌باشد. تکنیک دی‌آل ابزار مفیدی جهت حصول به اطلاعاتی درباره نوع عمل ژن در تبیین صفات و پیش‌بینی دستاوردهای ژنتیکی می‌باشد. به بیان دیگر تجزیه دی‌آل ضمن بهره‌گیری از اصول ریاضی همچون واریانس و کوواریانس، از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی این اطلاعات مفید را برای به‌نژادگر نبات

تاریخ دریافت: ۱۳۸۵/۶/۱۳

۲- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، واحد علوم و تحقیقات تهران، دانشگاه آزاد اسلامی

۱- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (مکاتبه کننده)

۳- استاد، مؤسسه تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی

فراهم می‌کند تا با دید روشنتری مناسب‌ترین اینبرد لاین‌ها را جهت بهبود صفات موردنظر انتخاب کند (Griffing, 1956).

گزارش‌های متفاوتی برای کنترل ژنتیکی صفات مختلف در ذرت ارائه شده است. براتی و همکاران (۱۳۸۱) نشان دادند که صفات عملکرد، ارتفاع بوته، طول بلال، قطر بلال، تعداد دانه در ردیف، عمق دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بلال توسط ژن‌های با اثر فوق غالبیت کنترل می‌شوند ولی ژن‌های کنترل‌کننده تعداد ردیف دانه دارای اثر غالبیت نسبی می‌باشند. مفیدیان و همکاران (۱۳۸۳) دریافتند که اثر غالبیت ژن‌ها نقش مهم و معنی‌داری را در کنترل عملکرد دانه دارا می‌باشند. در حالیکه اثرات افزایشی ژن‌ها با وجود معنی‌دار بودن، سهم کوچکی از تغییرات را در بر می‌گیرد. میزان وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای عملکرد و اکثر صفات مرتبط با آن کم بود. رامنه و همکاران (۱۳۷۹) بیان نمودند که برای صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، تعداد برگ، تعداد روز تا ظهور گل تاجی نقش توأم اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل صفات مزبور با اهمیت یکسان می‌باشد. با این وجود برآورد درجه غالبیت بزرگتر از یک برای صفات فوق‌الذکر حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات می‌باشد.

چوکان (۱۳۷۸) نشان داد که هر دو نوع اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه، ارتفاع بوته، تعداد ردیف‌های دانه، عمق دانه مهم هستند، در حالیکه صفات تعداد روز تا ظهور گل تاجی، ارتفاع بلال، تعداد دانه در ردیف و وزن هزار دانه فقط تحت کنترل اثرات افزایشی ژن‌ها هستند. خاوری (۱۳۷۹) بیان کرد که اثر افزایشی و غیرافزایشی به طور توأم در کنترل صفات ارتفاع بوته و بلال، عمق دانه، تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف دانه در بلال نقش دارد. طالعی و کوچکسرائی (۱۳۷۸) اثر افزایشی ژن‌ها را به عنوان منبع اصلی و مهم تغییرپذیری برای روزهای تا ظهور گل

تاجی، تشخیص دادند. هی و همکاران (He et al., 2003) اظهار کردند که صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، ردیف‌های دانه در بلال و تعداد دانه‌ها در ردیف به میزان زیادی تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها هستند. کومار و همکاران (Kumar et al., 1998) به اهمیت اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، طول بلال، تعداد دانه در هر ردیف و عملکرد دانه و همچنین نقش بیشتر اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل تعداد ردیف دانه در هر بلال اشاره کردند. تورگات و همکاران (Turgat et al., 1995) نشان دادند که هر دو اثر افزایشی و غالبیت ژن‌ها نقش مهم و معنی‌داری را در کنترل صفات عملکرد دانه، طول بلال و تعداد ردیف‌های دانه در بلال دارا هستند. اما جزء غالبیت واریانس ژنتیکی دارای اهمیت بیشتری در کنترل این صفات می‌باشد کومار و گوپتا (Kumar and Gupta, 2003) در تجزیه ژنتیکی صفات تعداد روز تا ظهور گل تاجی، ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، طول بلال و بالاخره عملکرد دانه در اینبرد لاین‌های ذرت دریافتند که اجزاء غالبیت و افزایشی نقش مهم و معنی‌داری در کنترل کلیه صفات به جز عملکرد دانه دارا می‌باشند. صفاتی از قبیل تعداد روز تا ظهور گل تاجی دارای بیشترین برآوردهای توارث‌پذیری بودند و صفاتی چون ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، طول بلال و وزن صد دانه توارث‌پذیری متوسطی را نشان دادند. برآوردهای پائین تا متوسط قابلیت توارث عملکرد دانه قبلاً توسط سینگ و همکاران (Singh et al., 1998) و کالا و همکاران (Kalla et al., 2001) نیز گزارش شده بود. وو و همکاران (Wu et al., 2003) با مطالعه لاین‌های اینبرد ذرت نتیجه گرفتند که صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، تعداد ردیف دانه در بلال، طول بلال، تعداد دانه در هر ردیف بلال و ارتفاع بلال عمده‌تاً تحت کنترل ژن‌های با اثر افزایشی می‌باشند. در حالیکه ونیوگوپال و همکاران (Venugopal et al., 2002) نقش اثر ژنی غیرافزایشی را در کنترل صفات عملکرد دانه، تعداد روز تا ظهور

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از هشت لاین خالص ذرت که تا حد ممکن از نظر صفات مورد مطالعه متفاوت و متنوع بودند به شرح زیر استفاده گردید:

- (۱) K1264/1، (۲) K47/2-2-1-21-2، (۳) K74/1، (۴) K3304/1-2، (۵) K19/1، (۶) K19، (۷) K3304/1-2 و (۸) K47/2-2-1-3-3-1-1

در بهار سال ۱۳۸۳ کلیه لاین‌های فوق در شرایط نرمال مزرعه جهت تولید بذر F_1 کشت و در زمان گلدهی بین لاین‌های والدینی بر اساس طرح دی‌آل کامل تمامی تلاقی‌های ممکنه ایجاد گردید تا ۵۶ ترکیب شامل ۲۸ تلاقی مستقیم و ۲۸ تلاقی معکوس تولید گردد. در سال ۱۳۸۴، ۵۶ هیبرید حاصل همراه با هشت والد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه تحقیقاتی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در کرج از نظر صفات مختلف مورد بررسی قرار گرفتند.

در زمان تهیه زمین در بهار قبل از عملیات شخم و تسطیح به منظور تأمین عناصر غذایی مزرعه کودهای فسفات آمونیوم و اوره به ترتیب به میزان ۳۰۰ و ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار به طور یکنواخت در مزرعه پخش کردند و همچنین برای تأمین نیتروژن مورد نیاز در مرحله ۵ تا ۷ برگی شدن گیاه نیز کود اوره (۴۶ درصد نیتروژن) به صورت سرک بر مبناء ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار در کنار ردیف‌های کاشت به طور یکنواخت پخش گردید و همزمان با آن عملیات آبیاری صورت گرفت. اولین آبیاری بلافاصله پس از کاشت انجام شد. فواصل سایر آبیاری‌ها بر حسب نیاز گیاه، شرایط رطوبتی خاک و همچنین دمای محیط تنظیم شد و اغلب حدود ۶ تا ۸ روز بود. وجین علف‌های هرز در مراحل اولیه رشد به صورت دستی انجام شد. به طوریکه با رشد سریع و سایه‌اندازی بوته‌های ذرت، مجال رشد مجدد و غلبه بر محصول برای علف‌های هرز دیگر فراهم نشد.

گل‌تاجی، تعداد دانه در ردیف و تعداد ردیف دانه در بلال مهم ارزیابی نمودند. سینگ و همکاران (Singh et al., 2002) به اهمیت هر دو نوع اثر ژنی افزایشی و غالبیت در کنترل ارتفاع گیاه اشاره نمودند. در حالیکه پول و دنبات (Paul and Debnath, 1999) به نقش بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها نسبت به اثر غیرافزایشی در کنترل صفات ارتفاع بوته و ارتفاع بلال اشاره نمودند. رود و میجر (Road and Magjor, 1981) اعلام نمودند که افزایش تعداد برگ تحت کنترل ژن‌هایی با اثر غالبیت کامل می‌باشد و افزایش ارتفاع بوته توسط ژن‌هایی با اثر فوق غالبیت کنترل می‌شود. نوار و همکاران (Nawar et al., 1979) دریافتند که صفات عملکرد دانه، قطر بلال، تعداد دانه در هر ردیف و طول بلال تحت کنترل ژن‌هایی با اثر فوق غالبیت و اپیستازی می‌باشند، در حالیکه ژن‌های کنترل‌کننده تعداد ردیف دانه در هر بلال دارای اثرات غالبیت ناقص و افزایشی می‌باشند. حداکثر قابلیت توارث خصوصی برای تعداد ردیف دانه در بلال و حداکثر قابلیت توارث عمومی برای تعداد دانه در هر ردیف بود. در بررسی دیگر، همین محققین دریافتند که ژن‌های کنترل‌کننده ارتفاع بلال و ارتفاع بوته دارای اثر ژنتیکی افزایشی می‌باشند. بیشترین برآورد توارث‌پذیری عمومی برای ارتفاع بلال تخمین زده شد (Nawar et al., 1979). دیلون و همکاران (Dhillon et al., 1976) به اهمیت اثر ژنی فوق غالبیت و حضور اپیستازی مکمل در توارث عملکرد دانه اشاره نمودند. در عین حال اثر افزایشی ژن‌ها نیز در کنترل زمان گلدهی نقش به سزایی داشتند. پیووارسی (Piovarci, 1975) نشان داد که صفات عملکرد دانه، طول بلال و تعداد دانه در هر ردیف بلال عمدتاً توسط ژن‌هایی با اثر غالبیت کنترل می‌شوند.

مطالعه حاضر به منظور بررسی نوع عمل ژن‌های کنترل‌کننده صفات مورد بررسی و نحوه توزیع آن‌ها در هشت لاین خالص ذرت اجرا گردید.

نتایج و بحث

الف) تجزیه واریانس اولیه و آزمون معتبر بودن فرضیات نتایج حاصل از تجزیه واریانس طرح بلوک کامل تصادفی، حاکی از این بود که بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌دار وجود داشت (جدول ۱). قبل از تجزیه ژنتیکی به روش دی‌آلل، جهت آزمون اعتبار فرضیات اولیه روش هیمن، از دو روش یکنواختی واریانس و کوواریانس ردیف‌ها (W_r-V_r) و ضریب رگرسیون (b) استفاده گردید. در این آزمون‌ها عدم وجود اختلاف معنی‌دار در آزمون t^2 و وجود شیب خط رگرسیون واحد و فاقد تفاوت معنی‌دار به ترتیب با صفر و یک، نشان‌دهنده صادق بودن فرضیات هیمن مبنی بر عدم وجود اثر متقابل غیرآللی (اپیستازی)، حضور دو آلل در هر مکان ژنی و توزیع مستقل ژن‌ها در والدین خواهد بود. نتایج آزمون‌های مذکور نشان داد که، برای اغلب صفات به علت وجود اثرات متقابل ژنی فرضیات تجزیه هیمن صادق نبود. بنابراین برای حل مسئله ابتدا تبدیل داده‌ها انجام شد که نتیجه مثبتی نداشت. در نتیجه بر اساس پیشنهاد جینکز (Jinks, 1954) برخی از والد‌ها از آزمایش حذف و محاسبات آماری بر روی بقیه ژنوتیپ‌ها انجام گرفت. ضمن اینکه از نمودار حاصل از تجزیه گرافیکی هیمن نیز جهت حذف والدی که نسبت به خط رگرسیونی پراکنده‌گی زیادی داشت بهره گرفته شد. در نتیجه پس از حذف والد و انجام مجدد دو آزمون فوق، فرضیات روش هیمن نیز مصداق پیدا کرد. بنابراین امکان نتیجه‌گیری و تفسیر معتبر ژنتیکی از طریق این مدل برای صفات مورد مطالعه میسر گردید. نتایج آزمون مقدماتی W_r روی V_r برای صفات مورد بررسی در جدول شماره ۲ نشان داده شده است.

ب) تجزیه دای آلل به روش هیمن

برآورد اجزاء ژنتیکی (جدول ۳)، صرفاً اثر غالبیت ژن‌ها را در کنترل عملکرد دانه معنی‌دار نشان داد که دلالت بر نقش و تأثیر عمده عمل غیرافزایشی ژن در کنترل این صفت دارد. نتایج مشابهی در این مورد توسط

صفات مهم زراعی از جمله تاریخ گلدهی که در هر کرت ثبت گردید و بر حسب تعداد روزهای از تاریخ ۵۰٪ سبز شدن تا تاریخ ۵۰٪ ظهور گل‌تاجی در هر کرت محاسبه و مورد بررسی قرار گرفتند. تعداد برگ، ارتفاع بوته و بلال بر حسب سانتیمتر نیز روی ۵ بوته تصادفی در هر کرت اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها تعیین و ثبت گردید. به منظور تعیین اجزای عملکرد، بلال‌های اصلی همین پنج بوته تصادفی برداشت گردید و صفاتی از قبیل: وزن سیصد دانه، تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف بلال، قطر بلال، طول بلال بر روی این پنج بلال تصادفی اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها محاسبه و یادداشت گردید. برای محاسبه عمق دانه بر حسب سانتیمتر نیز از تقسیم اختلاف قطر بلال و قطر چوب بلال بر عدد دو استفاده گردید. عملکرد دانه در هر کرت بر حسب ۱۴٪ رطوبت دانه محاسبه و بر حسب تن در هکتار مورد تجزیه واریانس قرار گرفت. ضمن اینکه برای وزن سیصد دانه، از هر تیمار در هر تکرار تعداد ۳۰۰ عدد بذر شمارش و بر مبنای ۱۴٪ رطوبت و بر حسب گرم توزین و مورد مطالعه بررسی قرار گرفت.

از روش هیمن (Hayman, 1954a and b) برای تجزیه واریانس دای آلل و برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات استفاده گردید. در این روش ابتدا به منظور بررسی صادق بودن یا نبودن فرضیات مدل، تجزیه و تحلیل گرافیکی و آزمون مقدماتی انجام و در صورت صادق بودن فرضیات مدل، پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات برآورد می‌شود. پس از اطمینان از تحقق شرایط تعیین شده برای تجزیه دی‌آلل، از روش تحلیل گرافیکی هیمن نیز بهره گرفته شد.

برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای Diallel98، Diallel و Mstat انجام شد. برای رسم نمودارها از نرم‌افزار Excel استفاده شد.

جدول ۱- تجزیه واریانس اولیه برای صفات مختلف در تلاقی‌های دای آلل ۸×۸ ذرت

Table 1. Preliminary analysis of variance in 8×8 daillel maize crosses in F₁

منابع تغییر S.O.V.	درجه آزادی df.	میانگین مربعات Mean Squares											
		عملکرد دانه (تن/هکتار) Grain/yied (t/h)	روزهای تا ظهور گل تاجی Days to Tasseling	وزن ۳۰۰ دانه 300 Kernel weight	تعداد ردیف دانه در بلال No. of row/ Ear	تعداد دانه در ردیف Kernel No./ row	عمق دانه Kernel depth	طول بلال Length of ear	ارتفاع بوته Plant height	ارتفاع بلال Ear height	قطر بلال Ear diameter	تعداد برگ No. of Leaves	
Replication	تکرار	2	167.649**	69.02**	1292.74**	9.24 ^{ns}	300.13**	0.451**	34.48**	6837.43**	1739.98**	2.46**	17.92**
Genotype	ژنوتیپ	63	21.94**	17.74**	256.65**	15.60**	122.56**	0.029**	16.34**	1341.21**	790.73**	0.386**	1.19**
Error	خطا	126	4.756	2.994	66.905	3.229	15.212	0.013	2.891	203.672	80.673	0.091	0.286

** and *: Significant at 1% and 5% by the test, respectively.

** و *: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪

ns: Non-significant.

ns: غیر معنی دار

جدول ۲- نتایج آزمون اعتبار فرضیات بعمل آمده توسط هیمن

Table 2. Results of validity test for Hayman Hypotheses

صفات	ضریب رگرسیون	t ² آزمون	b=0 آزمون	b=1 آزمون	والدین حذف شده	
Traits	Regression coefficient	Test for t ²	Test for b=0	Test for b=1	Deleted parent(s)	
Grain yield (t/h)	عملکرد دانه (تن/هکتار)	B= 0.663 ± 0.143	1.743	4.627	2.356	6-8-1
300 Kernel weight	وزن سیصد دانه	B=0.718 ± 0.229	0.31	3.134	1.232	
Number of row/ Ear	تعداد ردیف دانه در بلال	B= 0.912 ± 0.207	0.214	4.402	0.426	
Kernel No./ Row	تعداد دانه در ردیف	B= 0.613 ± 0.233	0.755	2.632	1.659	4
Kernel depth	عمق دانه	B= 0.650 ± 0.147	1.595	4.424	2.378	4
Length of ear	طول بلال	B= 0.776 ± 0.221	0.352	3.518	1.017	4
Ear diameter	قطر بلال	B= 0.856 ± 0.149	0.451	5.750	0.968	
Ear height	ارتفاع بلال	B= 0.623 ± 0.240	0.672	2.595	1.568	4
Plant height	ارتفاع بوته	B= 0.788 ± 0.153	0.93	5.152	1.383	4-7
Number of leaves	تعداد برگ	B= 0.60 ± 0.235	0.658	2.556	1.703	
Days to tasseling	تعداد روز تا ظهور گل تاجی	B= 0.54 ± 0.188	1.279	2.943	2.372	

جدول ۳- پارامترها و نسبت‌های ژنتیکی برآورد شده از تلاقی‌های دای آلل ذرت

Table 3. Some genetic parameters and ratios estimated from the 8×8 diallel crosses in maize

صفات / پارامتر Traits/ Parameters	عملکرد دانه (تن/هکتار) Grain/yard (t/h)	وزن ۳۰۰ دانه 300 kernel weight	روز تا ظهور گل تاجی Days to tasseling	تعداد ردیف دانه در بلال No. of row/ Ear	تعداد دانه در ردیف Kernels No./row	عمق دانه Kernel depth	طول بلال Length of ear	ارتفاع بلال Ear height	ارتفاع بوته Plant height	قطر بلال Ear diameter	تعداد برگ No. of Leaves
D	2.97 ^{ns}	159.93*	6.77*	13.05*	53.06*	0.0024 ^{ns}	4.89*	229.68*	52.62 ^{ns}	0.17*	0.63*
S.E (D)	1.62	14.03	0.7	1.04	8.67	0.0012	1.03	45.86	45.47	0.02	0.07
F	0.61 ^{ns}	139.53*	-2.11 ^{ns}	9.26*	75.42*	-0.0032 ^{ns}	3.44 ^{ns}	19.65 ^{ns}	35.94 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.35*
S.E (F)	4.04	33.15	1.66	2.46	20.81	0.003	2.47	110.01	111.09	0.04	0.17
H ₁	23.04*	167.26*	4.16*	9.13*	127.14*	0.0032 ^{ns}	13.78*	503.9*	1759.98*	0.18*	0.36*
S.E. (H ₁)	4.36	32.25	1.62	2.4	20.88	0.003	2.48	110.4	115.43	0.04	0.17
H ₂	21.88*	68.27*	3.66*	6.48*	91.47*	0.0056*	11.51*	475.63*	1631.11*	0.16*	0.13 ^{ns}
S.E. (H ₂)	3.96	28.06	1.41	2.08	18.4	0.0026*	2.18	97.28	103.12	0.03	0.15
h ²	33.73*	2.25 ^{ns}	1.04 ^{ns}	5.7*	167.16*	0.305*	25.86*	1520.53*	4649.12*	0.27*	0.11 ^{ns}
S.E (h ²)	2.67	18.82	0.94	1.4	12.36	0.0018	1.47	65.34	69.41	0.02	0.09
E	1.41*	21.95*	0.91*	0.73*	5.42 ^{ns}	0.005*	0.85*	26.36 ^{ns}	63.93*	0.03*	0.16*
S.E. (E)	0.66	4.68	0.23	0.35	3.07	0.0004	0.36	16.21	17.19	0.005	0.02
H ₁ -H ₂	1.160	98.990	0.500	2.650	35.670	-0.002	2.270	28.270	128.870	0.020	0.230
[H ₁ /D] ^{1/2}	2.79	1.02	0.78	0.84	1.55	1.15	1.68	1.48	5.78	1.03	0.76
H ₂ /4H ₁	0.237	0.102	0.220	0.177	0.180	0.438	0.209	0.236	0.232	0.222	0.090
KD/KR	1.077	2.488	0.668	2.473	2.698	0.268	1.530	1.059	1.194	1.333	2.162
h ² /H ₂	1.542	0.033	0.284	0.880	1.827	5.446	2.247	3.197	2.850	1.688	0.846
R (W _r +V _D , Y _r)	-0.894	0.648	-0.045	-0.812	-0.872	-0.849	-0.825	-0.849	-0.889	-0.849	-0.412

** and *: Significant at 1% and 5% by the test, respectively.

** و *: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪

ns: Non-significant.

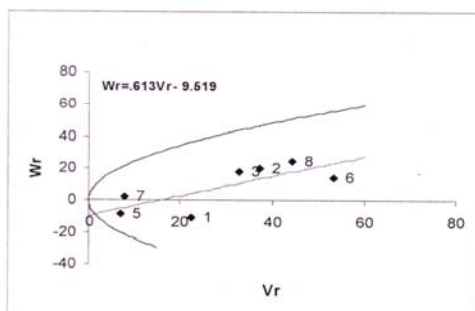
ns: غیر معنی دار

پیووارسی (Piovarci, 1975) و وینوگوپال و همکاران (Venugopal *et al.*, 2002) گزارش شده است. در حالیکه خامیس (Khamis, 1984)، کازمین و همکاران (Cosmin *et al.*, 1991) و لانکوئیست و گاردنر (Lonnquist and Gardner, 1961) نقش اثرات افزایشی ژن‌ها را در کنترل این صفت مهم دانستند. مقدار محاسبه شده H_1-H_2 حاکی از نابرابر بودن نسبت ژن‌های مثبت و منفی در کلیه مکان‌های ژنی والدین بود. همچنین برآورد کمتر از ۰/۲۵ برای نسبت $H_2/4H_1$ ، اثبات دیگری بر این نتیجه‌گیری بود. برآورد کمتر جزء افزایشی (D) نسبت به جزء غالبیت (H_1) دلالت بر وجود فوق‌غالبیت در نحوه عمل ژن‌ها داشت. ضمن اینکه نسبت محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ نیز اثبات دیگری بر این مدعا است. نسبت آلل‌های غالب به مغلوب در والدین بیشتر بود ضمن اینکه علامت مثبت مقدار F نیز موید همین نتیجه‌گیری می‌باشد. برآورد منفی ضریب همبستگی میانگین والد مشترک هر ردیف با (W_r+V_r) حاکی از این بود که آلل‌های غالب در جهت افزایش صفت عمل کردند و علامت جبری پارامتر h^2 نیز مبین اثر افزایشی آلل‌های غالب بود. مفیدیان و همکاران (۱۳۸۳) توارث‌پذیری پائینی را برای این صفت گزارش نمودند.

نتایج تجزیه گرافیکی و رسم منحنی W_r/V_r نشان‌دهنده اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت بود (شکل ۱). این نتیجه مطابق نتایج به دست آمده توسط براتی و همکاران (۱۳۸۱)، پیووارسی (Piovarci, 1975)، دیلون و همکاران (Dhillon *et al.*, 1976) و نوار و همکاران (Nawar *et al.*, 1979) می‌باشد. پراکندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که والد‌های شماره ۷ و ۵ حداکثر ژن‌های غالب را برای این صفت دارا می‌باشند.

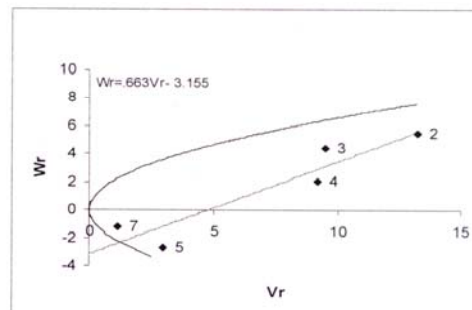
برآورد معنی‌دار اجزاء ژنتیکی (D , H_1 , H_2) برای صفت وزن سیصد دانه حاکی از نقش هر دو نوع اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد

(جدول ۳). مقدار مثبت (H_1-H_2) نشان می‌دهد که فراوانی ژن‌های مثبت و منفی در تمام مکان‌های ژنی والدین یکسان نمی‌باشد. همچنین انحراف نسبت $H_2/4H_1$ از ۰/۲۵ نیز موید این نتیجه می‌باشد. برآورد درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ نشان داد که صفت فوق‌الذکر تحت تأثیر غالبیت کامل ژن‌ها قرار دارد. مقدار محاسبه شده (KD/KR) بیانگر این بود که برای صفت مزبور در والد‌های مورد بررسی، فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از فراوانی آلل‌های مغلوب می‌باشد. معنی‌دار نبودن پارامتر h^2 حاکی از عدم جهت دار بودن غالبیت می‌باشد. محل تلاقی خط رگرسیون با محور W_r نیز وجود غالبیت ژن‌ها را در کنترل صفت مذکور نشان می‌دهد (شکل ۲). همچنین پراکندگی ژنتیکی والدین در اطراف خط رگرسیون مبین این است که لاین‌های شماره ۶ و ۵ حداکثر ژن‌های مغلوب را برای این صفت دارا می‌باشند. بررسی پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در کنترل صفت تعداد ردیف دانه در بلال (جدول ۳)، تأثیر توام اثرات ژنی افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورد کمتر جزء غالبیت H_1 نسبت به جزء افزایشی (D) دلالت بر وجود اثر غالبیت نسبی در نحوه عمل ژن دارد که نتیجه به دست آمده با توجه به مقدار محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌گردد. مقدار نابرابر پارامترهای برآورد شده H_1 و H_2 بیانگر عدم توزیع متقارن ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشد، همچنین مقدار محاسبه شده کمتر از ۰/۲۵ برای نسبت $H_2/4H_1$ موید این نتیجه می‌باشد. معنی‌دار شدن واریانس h^2 و برآورد کمتر آن نسبت به اجزاء ژنتیک H_1 و H_2 نشان‌دهنده جهت‌دار بودن غالبیت برای صفت مذکور می‌باشد. علامت منفی مقدار ضریب همبستگی (r) بیانگر افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد ضمن اینکه علامت مثبت پارامتر h^2 نیز مبین این نتیجه می‌باشد. مقدار KD/KR نیز نشان‌دهنده فراوانی بیشتر ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین می‌باشد، که توسط هی و همکاران (He *et al.*, 2003) و نوور و همکاران



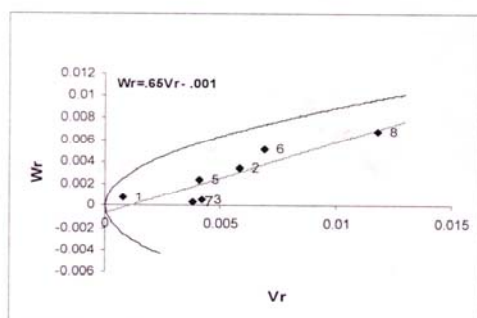
شکل ۴- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای تعداد دانه در ردیف

Fig. 4. Wr/Vr for kernels per ear row



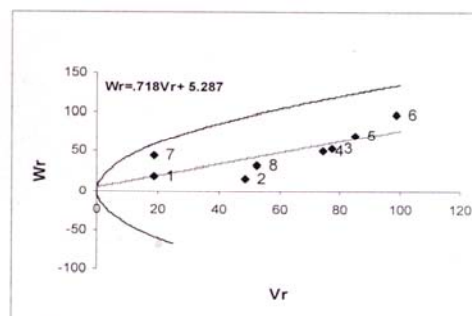
شکل ۱- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای عملکرد دانه

Fig. 1. Wr/Vr for grain yield



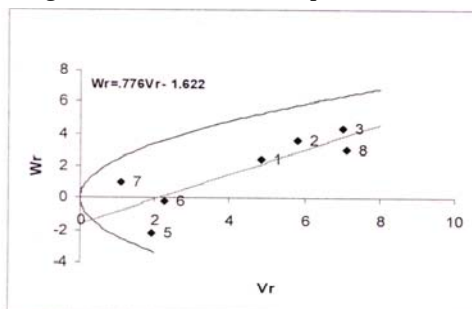
شکل ۵- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای عمق دانه

Fig. 5. Wr/Vr for kernel depth



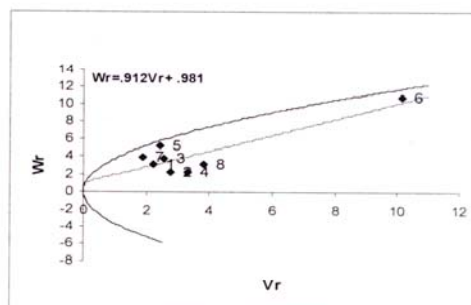
شکل ۲- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای وزن سیصد دانه

Fig. 2. Wr/Vr for 300 grains weight



شکل ۶- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای طول بال

Fig. 6. Wr/Vr for ear length



شکل ۳- سهمی محدود کننده Wr^2 و خط رگرسیون Wr/Vr با پراکنش والدین در اطراف آن برای تعداد ردیف دانه

Fig. 3. Wr/Vr for rows per ear

آمده از تحقیقات نوار و همکاران (Nawar et al., 1979) و پیووارسی (Piovarci, 1975) می‌باشد. پراکندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین‌های شماره ۵ و ۷ حداکثر ژن‌های غالب را برای این صفت دارا می‌باشند.

وجود اثر افزایشی و غالبیت ژن‌ها در کنترل صفت طول بلال (جدول ۳) نیز مشهود است. ضمن اینکه برآورد کمتر مقدار D از دو جزء دیگر (H_1 و H_2) حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفت مزبور می‌باشد. مقدار مثبت (H_1-H_2) و همچنین مقدار محاسبه شده برای نسبت $H_2/4H_1$ ، جملگی مبین توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشند. برآورد بیشتر جزء غالبیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالبیت ژن‌ها می‌باشد. که این نتیجه با توجه به نسبت محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌گردد. فراوانی ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین بیشتر بود به طوریکه نشانه جبری پارامتر F نیز موید این نتیجه می‌باشد. مقدار ضریب همبستگی بین ردیف والدینی غالبیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد. همچنین علامت مثبت پارامتر h^2 نیز موید همین نتیجه می‌باشد. محل تماس خط رگرسیون با محدوده مثبت محور W_r بیان‌کننده اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۶). این نتیجه توسط براتسی و همکاران (۱۳۸۱) و نوار و همکاران (Nawar et al., 1979) نیز گزارش شده است. پراکندگی والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین‌های شماره ۷ و ۵ حاوی حداکثر ژن‌های غالب برای این صفت می‌باشند.

در کنترل ژنتیکی صفت قطر بلال (جدول ۳) نیز اجزاء افزایشی D و غالبیت (H_1-H_2) واریانس ژنتیکی معنی‌دار گردیدند که حاکی از نقش و اهمیت هر دو نوع اثر مذکور در کنترل ژنتیکی قطر بلال می‌باشد. برآورد درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ نشان داد که صفت

(Nawar et al., 1979a) نیز گزارش شده است. ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_r حاکی از وجود رابطه غالبیت نسبی ژن‌ها جهت کنترل تعداد ردیف دانه بود (شکل ۳). در این رابطه قبلاً نتایج مشابهی توسط براتسی و همکاران (۱۳۸۱) و نوار و همکاران (Nawar et al., 1979a) به دست آمده بود. ضمن اینکه توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون مبین این است که لاین شماره ۷ حداکثر ژن‌های غالب را برای این صفت دارا می‌باشد.

در بررسی اجزاء ژنتیکی در کنترل صفت تعداد دانه در ردیف (جدول ۳) حضور هر دو اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت مشهود شد. ضمن اینکه برآورد کمتر مقدار D از دو جزء دیگر (H_1 و H_2) حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفت مزبور می‌باشد. نتایج این بررسی با نتایج به دست آمده توسط وینوگوپال و همکاران (Venugopal et al., 2002) و نوار و همکاران (Nawar et al., 1979) موافقت دارد. مقدار مثبت (H_1-H_2) و همچنین مقدار محاسبه شده برای نسبت $H_2/4H_1$ ، جملگی مبین توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشند. برآورد بیشتر جزء غالبیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالبیت ژن‌ها در نحوه عمل ژن‌ها می‌باشد که این نتیجه با توجه به نسبت محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌شود. فراوانی ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین بیشتر بود به طوریکه علامت جبری پارامتر F نیز موید این نتیجه می‌باشد. مقدار ضریب همبستگی بین ردیف والدینی غالبیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد. همچنین علامت مثبت پارامتر h^2 نیز موید همین نتیجه می‌باشد. موقعیت خط رگرسیون روی محور مختصات و محل برخورد آن با محدوده مثبت محور W_r ، بیان‌کننده اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۴). این نتیجه مطابق نتایج به دست

فوق‌الذکر تحت تأثیر غالبیت کامل ژن‌ها قرار دارد. محیط نیز نقش معنی‌داری را در تبیین صفت مزبور نشان نمود. مقدار محاسبه شده (KD/KR) بیانگر این بود که برای صفت مزبور در والد‌های مورد، بررسی فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از فراوانی آلل‌های مغلوب می‌باشد. ضمن اینکه علامت مثبت مقدار F نیز موید همین نتیجه‌گیری می‌باشد. انحراف نسبت $H_2/4H_1$ از $0/25$ نیز نشان داد که فراوانی ژن‌های مثبت و منفی در تمام مکان‌های ژنی والدین یکسان نمی‌باشد. برآورد منفی ضریب همبستگی میانگین والد مشترک هر ردیف با (W_r+V_r) حاکی از این بود که آلل‌های غالب در جهت افزایش عمل کردند و علامت جبری پارامتر h^2 نیز مبین اثر افزایشی آلل‌های غالب می‌باشد. محل تلاقی خط رگرسیون با محور W_r نیز وجود غالبیت کامل ژن‌ها را برای صفت مذکور نشان می‌دهد. توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین ۱ حداکثر ژن‌های غالب را بری این صفت دارا می‌باشد.

بررسی صفت عمق دانه نشان داد که (جدول ۳)، صرفاً عمل غالبیت ژن‌ها را در کنترل این صفت نقش دارند که با توجه به معنی‌دار بودن تنها جز غالبیت در تبیین این صفت می‌توان نحوه عمل ژن‌ها به صورت فوق غالبیت بیان نمود که نتیجه به دست آمده با توجه به مقدار محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌گردد. مقدار نابرابر پارامترهای برآورد شده H_2 و H_1 بیانگر عدم توزیع متقارن ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشد، همچنین مقدار محاسبه شده کمتر از $0/25$ برای نسبت $H_2/4H_1$ موید این نتیجه می‌باشد. مقدار KD/KR نیز نشان‌دهنده فراوانی بیشتر ژن‌های مغلوب نسبت به غالب بود. برآورد منفی ضریب همبستگی میانگین والد مشترک هر ردیف با (W_r+V_r) حاکی از این بود که آللهای غالب در جهت افزایش صفت عمل کردند و علامت جبری پارامتر h^2 نیز مبین اثر افزایشی آلل‌های غالب می‌باشد. ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_r

حاکی از وجود رابطه فوق غالبیت ژن‌ها جهت کنترل عمق دانه بود (شکل ۵). در این مورد نتایج مشابهی توسط براتی و همکاران (۱۳۸۱) بیان شده بود. از بررسی پراکندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون استنتاج می‌شود که لاین شماره یک حداکثر ژن‌های غالب را در کنترل این صفت دارا می‌باشد.

در بررسی اجزاء ژنتیکی در صفت ارتفاع بلال (جدول ۳) حضور هر دو اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت مشخص گردید. برآورد مقدار پائین D از دو جزء دیگر (H_2 و H_1) حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفت مزبور می‌باشد. مقدار مثبت (H_1-H_2) و همچنین مقدار محاسبه شده برای نسبت $H_2/4H_1$ ، جملگی مبین توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشند. برآورد بیشتر جزء غالبیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالبیت ژن‌ها می‌باشد که این نتیجه با توجه به نسبت محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌شود. فراوانی ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین بیشتر بود به طوریکه علامت جبری پارامتر F نیز مؤید این نتیجه می‌باشد. مقدار ضریب همبستگی بین ردیف والدینی غالبیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد، همچنین علامت مثبت پارامتر h^2 نیز موید همین نتیجه می‌باشد. برآورد مشابهی از متوسط وراثت‌پذیری برای این صفت توسط کومار و گوپتا (Kumar and Gupta, 2003) تخمین زده شده است. محل برخورد خط رگرسیون از قسمت مثبت محور W_r ، بیان‌کننده اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۶). نتایج مشابهی در این مورد توسط براتی و همکاران (۱۳۸۱) و رامشه و همکاران (۱۳۷۹) به دست آمده است. ضمن اینکه تجزیه گرافیکی این صفت نشان می‌دهد که لاین شماره ۵ حداکثر ژن‌های غالب را برای این صفت دارا بود.

بررسی اجزاء ژنتیکی کنترل‌کننده صفت ارتفاع بوته (جدول ۳)، عمدتاً حضور اثر غالبیت ژن‌ها را در کنترل

این صفت نشان داد. مقدار مثبت (H_1-H_2) نشان می‌دهد که فراوانی ژن‌های مثبت و منفی در تمام مکان‌های ژنی والدین یکسان نمی‌باشد. همچنین انحراف نسبت $H_2/4H_1$ از $0/25$ نیز موید این نتیجه می‌باشد. برآورد درجه غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ نشان داد که صفت فوق‌الذکر تحت تأثیر عمل فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارد. مقدار محاسبه شده (KD/KR) بیانگر این بود که برای صفت مزبور در والد‌های مورد بررسی، فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از فراوانی آلل‌های مغلوب می‌باشد. همچنین علامت مثبت F نیز این نتیجه را تأیید نمود. مقدار ضریب همبستگی بین ردیف والدینی غالبیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزایش بودن آلل‌های غالب می‌باشد، همچنین علامت مثبت پارامتر h^2 نیز موید همین نتیجه می‌باشد. محل تلاقی خط رگرسیون با محور W_r نیز وجود فوق غالبیت ژن‌ها را در کنترل صفت مذکور نشان می‌دهد (شکل ۸). نتایج مشابهی در این مورد توسط براتی و همکارانی (۱۳۸۱)، رامنه و همکاران (۱۳۷۹) و رود و میجر (Road and Major, 1981) گزارش شده است. پراکندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین شماره ۵ حداکثر ژن‌های غالب را برای این صفت دارا بود.

برآورد اجزاء تغییرات ژنتیکی صفت تعداد روزهای تا ظهور گل تاجی (جدول ۳)، تأثیر توام اثرات ژنی افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورد کمتر جزء غالبیت H_1 نسبت به جزء افزایشی (D) دلالت بر وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها دارد که نتیجه به دست آمده با توجه به مقدار محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌گردد. مقدار محاسبه شده H_1-H_2 حاکی از نابرابر بودن نسبت ژن‌های مثبت و منفی در کلیه مکان‌های ژنی والدین می‌باشد. همچنین برآورد کمتر از $0/25$ برای نسبت $H_2/4H_1$ ، اثبات دیگری بر این نتیجه می‌باشد. نسبت آلل‌های مغلوب به غالب در والدین بیشتر بود ضمن اینکه علامت منفی مقدار F نیز موید همین نتیجه‌گیری می‌باشد. محیط نیز نقش مهمی را در تبیین

صفت مزبور ایفا نمود. این نتیجه نیز توسط کومار و گوپتا (Kumar and Gupta, 2003) و رضائی و همکاران (۱۳۸۲) گزارش شده بود. نتایج تجزیه گرافیکی و رسم منحنی W_r/V_r نشان‌دهنده وجود غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد. قبلاً نتایج مشابهی توسط رود و میجر (Road and Major, 1980) به دست آمده بود. توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین شماره یک دارای حداکثر ژن‌های غالب برای این صفت می‌باشد.

بررسی پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده تعداد برگ در بوته (جدول ۳)، تأثیر توام اثرات ژنی افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورد کمتر جزء غالبیت H_1 نسبت به جزء افزایشی (D) دلالت بر وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها دارد که نتیجه به دست آمده با توجه به مقدار محاسبه شده $(H_1/D)^{1/2}$ تأیید می‌شود و با نتایج مشابهی که قبلاً توسط رضائی و همکاران (۱۳۸۲) گزارش شده است هم خوانی دارد. مقدار نابرابر پارامترای برآورد شده H_1 و H_2 بیانگر عدم توزیع متقارن ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشد، همچنین مقدار محاسبه شده کمتر از $0/25$ برای نسبت $H_2/4H_1$ موید این نتیجه می‌باشد. معنی‌دار شدن واریانس h^2 و برآورد کمتر آن نسبت به اجزاء ژنتیکی H_1 و H_2 نشان‌دهنده جهت‌دار بودن غالبیت برای صفت مذکور می‌باشد. مقدار KD/KR نیز نشان‌دهنده فراوانی بیشتر ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین می‌باشد. علامت منفی مقدار ضریب همبستگی (r) بیانگر افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد ضمن اینکه علامت مثبت پارامتر h_2 نیز مبین این نتیجه می‌باشد. ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_r حاکی از وجود رابطه غالبیت نسبی ژن‌ها جهت کنترل تعداد برگ بود. توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که حداکثر ژن‌های غالب را لاین‌های شماره ۴، ۷ و ۸ دارا می‌باشند.

برآورد اجزاء ژنتیکی صفات عملکرد و اجزاء عملکرد دانه نشان داد که در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و عمق دانه، ژن‌های با اثر غالبیت و در کنترل ژنتیکی طول بلال، قطر بلال، وزن سیصد دانه، تعداد ردیف دانه در بلال و تعداد دانه در ردیف بلال، هر دو اثر افزایشی و غالبیت ژن‌ها نقش دارند. در بیشتر صفات مرتبط با عملکرد دانه نقش فوق غالبیت ژن‌ها محرز بود که امکان بهره‌برداری از هتروزیس را در والدین مورد بررسی نشان می‌دهد. در این بین لاین‌های ۵، ۶ و ۷ وضعیت مناسب‌تری را برای افزایش و بهبود این صفات دارا می‌باشند. جهت دار بودن غالبیت در کنترل صفات عملکرد دانه، تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف بلال و عمق دانه، افزایشی بودن نقش ژن‌های غالب و بالاخره عمل فوق غالبیت ژنی (در عملکرد دان و تعداد دانه در ردیف) بر کارآئی بیشتر این صفات در اصلاح ذرت هیبرید می‌افزاید و در این بین لاین‌های شماره ۵ و ۷ می‌توانند به عنوان منبع مناسبی در جهت افزایش و بهبود این صفات مدنظر قرار گیرند.

References

منابع مورد استفاده

- براتی، ع.، ق. نعمت‌زاده، غ. کیانوش، و ر. چوکان. ۱۳۸۱. بررسی اثر ژن، برای صفات مختلف در ذرت با استفاده از سیستم تلاقی دای‌آل. چکیده مقالات هفتمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران. کرج، ایران.
- چوکان، ر. ۱۳۶۷. بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ده لاین ذرت برای صفات مختلف در تلاقی دای‌آل. مجله نهال و بذر، جلد ۱۵، شماره ۳، صفحه ۲۹۵-۲۸۰.
- خاوری خراسانی، س. ۱۳۷۹. بررسی ترکیب‌پذیری لاین‌های زودرس ذرت با روش دای‌آل کراس. چکیده مقالات ششمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران. بابلسر، ایران.
- رامنه، و.، ع. رضایی، و ا. ارزانی. ۱۳۷۹. تجزیه ژنتیکی خصوصیات مرفوفنولوژیکی در لاین‌های اصلاحی ذرت. چکیده مقالات ششمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران، بابلسر، ایران.
- رضائی، ع.، ح.، ب. یزدی صمدی، ع. زالی، ع. م. رضائی، ع. طالعی و ح. زینالی. ۱۳۸۲. برآورد برخی از پارامترهای ژنتیکی در ذرت به روش تلاقی‌های دای‌آل. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۵، شماره ۲، سال ۱۳۸۳، صفحه ۳۴۵-۳۳۷.
- طالعی، ع. و ح. نیکخواه کوچکسرانی. ۱۳۷۸. بررسی میزان ترکیب‌پذیری و آثار سیتوپلاسمی به روش دای‌آل در ذرت. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۰، شماره ۴، صفحه ۷۶۹-۷۶۱.
- مفیدیان، س. م.، ع. م.، خدامباشی امامی، ر. چوکان، و م. ر. قنادها. ۱۳۸۳. مطالعه نحوه توارث عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن در ذرت. چکیده مقالات هشتمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران. رشت، ایران.

Cosmin, O., N. Bica. and C. Bagiu. 1991. Study of combining ability in some inbred lines of maize. Maize Abst. Vol. 9. No. 1.

Dhillon, S., J. Singh and D. Singh. 1976. Genetic analysis of grain yield and maturity of maize populations. Maydica. 21: 129-143.

Griffing, 1956. Concept of GCA and SCA in relation to diallel crossing system. Australian J. Biol. Sci., 9: 463-493.

Hayman, B. I. 1954a. The analysis of variance of diallel crosses. Biometrics. 10: 235-244.

Hayman, B. I. 1954b. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics. 39: 789-809.

- He, D. Y., G. W. Wu, D. X. Long, J. J. Lu and Liu. 2003.** Analysis of combining ability and hereditary parameters of main quantitative characters of 10 maize inbred lines. *Journal of Maize Sciences*. 11: 26-29.
- Jinks, J. L. 1954.** The analysis of continuous variation in diallel crosses of *Nicotiana rustica*. *Genetics*. 39: 767-788.
- Kalla, V., R. Kummar and A. K. Basandrai. 2001.** Combining ability analysis and gene action estimates of yield and yield contributing characters in maize. *Crop Res. Hisar*. 22: 102-106.
- Khamis, M. N. 1984.** Heterosis and combining ability estimates in varietal population of maize. *Plant Breed. Abst.* 54(4): 2658.
- Kumar, A., M. G. Gangashetti and A. Kumar. 1998.** Gene effects in some metric traits of maize (*Zea mays* L.). *Annals of Agri Bio Reseach*. 3: 139-143.
- Kumar, P. and S. C. Gupta. 2003.** Genetic analysis in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Research. Birsa Agricultural University*. 15: 107- 110.
- Lonnquist, J. H. and C. O. Gardner. 1961.** Heterosis in intervarietal crosses in maize and its implication in breeding procedures. *Crop Sci.* 1: 179-183.
- Nawar, A. A., M. S. Rady and M. E. Gomaa. 1979.** Genetic analysis of maize inbred lines. II. Genetic analysis of number of ears/plant, moisture percentage in grains at harvest, plant and ear height and silking date. In *AGRIS*, No. 1169.
- Paul, K. K and S. C. Debnath. 1999.** Combining ability analysis in maize (*Zea mays* L.). *Pakistan Journal of Scientific and Industrial Research*. 42: 141-144.
- Piovaric, A. 1975.** Genetic analysis and combining ability of grain yield components of maize inbred lines. 11: 1, 3-8.
- Rood, S. B. and D. J. Major. 1981.** Diallel analysis of leaf number, leaf development rate, and plant height of early maturing maize. *Crop Sci.* 21: 867-69.
- Road, S. B. and D. J. Major. 1980.** Diallel analysis of flowering-time in corn (*zea mays* L.) using a corn heat unit transformation. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*. 22: 633-640.
- Singh, A. K., J. P. Shai, J. K. Singh and R. N. Singh. 1998.** Heritability and genetic advance for maturity and yield attributes in maize. *J. Appl. Biology*. 8: 42-45.
- Singh, P. K., L. B. Chaudhary and S. A. Akhtar. 2002.** Heterosis in relation to combining ability in maize. *Journal of Research. Birsa Agricultural University*. 14: 37-43.
- Turgat, I., S. Yuce and M. Altinbas. 1995.** Inheritance of some agronomic traits in a diallel cross of maize inbreds. II. Grain yield and its components. *Anadolu*. 5: 74-92.
- Venugopal, M., N. A. Ansari and N. V. Rao. 2002.** Combining ability studies in maize (*Zea mays* L.). *Annals of Agricultural Research*. 23: 92-95.
- Wu, G. C., Y. Xue and D. Y. He. 2003.** Combining ability analysis on maize inbred lines. *Journal of Maize Sciences*. 11: 32-36.

Genetic analysis of different traits in maize using diallel cross analysis

Choukan¹, R., H. Abtahi² and E. Majidi Hervan³

ABSTRACT

Choukan, R., H. Abtahi and E. Majidi Hervan. 2007. Genetic analysis of different traits in maize using diallel cross analysis. Iranian Journal of Crop Sciences. 8 (4): 343-356.

In order to determining and identification of the nature of gene action in inheritance of different traits, 56 genotypes (crosses and reciprocals) developed from diallel crosses of eight maize inbred lines along with parents were evaluated for important quantitative traits using randomized complete block design with three replications in the Experimental Field Station of Seed and Plant Improvement Institute, in 2005 cropping season. Diallel analysis revealed the presence of over-dominance gene action in controlling grain yield, kernel number per ear row, kernel depth, ear length, plant height. Genes with partial dominance action were revealed in controlling number of rows per ear, number of leaves and days to tasseling, while genes controlling 300 kernel weight and ear diameter showed dominant effects. Graphic analysis showed that for early reproduction stage, and increasing the grain yield, number of rows per ear and kernel number per row, length and diameter of ear, leaf number, plant height, dominant genes were involved, while, for 300 kernels weight, recessive genes were effective.

Key words: Maize, Diallel cross, Gene action, Heritability, Dominance, Over-dominance.

Received: September, 2006

1- Assistant professor, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran. (Corresponding author)

2- Former Msc. Student, Science and Research Unit, Islamic Azad University, Tehran, Iran.

3- Professor, Agricultural Biotechnology Research Institute, Karaj, Iran.