"مجله علوم زراعی ایران"
جلد بیستم، شماره ٤، زمستان ۱۳۹۷

برآورد اثر ژن و پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته در ژنوتیپ‌های نخود (*Cicer arietinum* L.) دیم با استفاده از روش دای‌آلل

Estimation of gene action and genetic parameters of seed yield and related traits in rainfed chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using diallel method

اسماعیل قلی‌نژاد[۱]، همایون کانونی[۲] و معروف خلیلی[۳]

چکیده

قلی نژاد، ا.، ه. کانونی و م. خلیلی. ۱۳۹۷. برآورد اثر ژن و پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته در ژنوتیپ‌های نخود (*Cicer arietinum* L.) دیم با استفاده از روش دای‌آلل. **مجله علوم زراعی ایران. ۲۰(٤): ۳۰۲-۲۸۸.**

به‌منظور برآورد اثر ژن و پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و برخی از صفات مورفولوژیک در شش رقم و لاین نخود همراه با بذور حاصل از تلاقی دای‌آلل کامل آن‌ها، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گریزه سنندج در سال ۹۶-۱۳۹۵ اجرا شد. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های نخود از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی تفاوت معنی‌داری داشتند. بر مبنای نتایج تجزیه دای‌آلل به روش هیمن، واریانس‌های ژنوتیپی به اجزای ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی تقسیم شدند. جزء ژنتیکی افزایشی برای کلیه صفات به‌جز وزن ۱۰۰ دانه معنی‌دار بود. جزء غیرافزایشی نیز برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. کمترین و بیشترین درجهٔ غالبیت به ترتیب برای ارتفاع بوته و تعداد دانه در غلاف به دست آمدند. میانگین درجهٔ غالبیت، حاکی از غالبیت ناقص ژن‌ها برای تعداد روز از کاشت تا رسیدگی و تعداد دانه در غلاف و فوق غالبیت برای سایر صفات بود. وراثت‌پذیری عمومی در دامنهٔ ۰/۹۱ (برای تعداد غلاف در بوته) تا ۰/٦۸ (برای وزن ۱۰۰ دانه) متغیر بود. بیشترین و کمترین مقدار وراثت پذیری خصوصی (به‌ترتیب ۰/۷۳ برای تعداد روز تا گلدهی و ۰/۰٦ برای عملکرد دانه) بدست آمد. نتایج تحلیل گرافیکی Wr/Vr نشان داد که برای تعداد روز از کاشت تا گلدهی، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه، غالبیت کامل وجود داشت. برای صفات تعداد روز از کاشت تا رسیدگی و تعداد دانه در غلاف، عرض از مبدأ مثبت و غالبیت ناقص حاکم بود. برای تعداد غلاف در بوته و ارتفاع بوته، عرض از مبدا منفی و عمل ژن فوق غالبیت بود و برای عملکرد دانه، همهٔ والدین به جز ILC 482، نزدیک به مبدأ محور مختصات قرار داشته و تعداد آلل‌های غالب بیشتری را در بر داشتند. بر اساس نتایج این آزمایش به‌نظر می‌رسد که تلاقی رقم آزاد با لاین‌هایی که پتانسیل عملکرد بالا دارند، مناسب‌تر بوده و ترجیحاً تلاقی‌ها بین والدینی که در نمودار Wr/Vr دورتر از مبدأ مختصات قرار دارند، انجام شود.

واژه‌های کلیدی: اجزای واریانس، تجزیه ژنتیکی، نخود، وراثت‌پذیری و هتروزیس.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۳/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۲/۱۰ این مقاله مستخرج از طرح تحقیقاتی مشترک موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور و دانشگاه پیام نور به شماره ۹۵۰۴۰۵-۰۰۴-۱۵۵۱-۵۳-۰۳ می باشد.

۱- دانشیار گروه علمی علوم کشاورزی دانشگاه پیام نور، تهران

۲- دانشیار پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کردستان، سنندج. سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: h.kanoui@areeo.ac.ir)

۳- استادیار گروه علمی علوم کشاورزی دانشگاه پیام نور، تهران

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

مقدمه

نخود (*Cicer arietinum* L.) معمولاً در نواحی خشک و نیمه‌خشک جهان کشت می‌شود. زراعت این گیاه در ایران نیز به‌صورت دیم و در اراضی حاشیه‌ای و کم بازده صورت می‌گیرد. در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴ سطح زیر کشت، میزان تولید و عملکرد دانه نخود در ایران به ترتیب ۴۹۸ هزار هکتار، ۲۰۶ هزار تن و ۴۰۰ کیلوگرم در هکتار بوده است (Ahmadi *et al*., 2016). پتانسیل عملکرد در نخود بالا و میانگین جهانی آن ۹۲۰ کیلوگرم در هکتار گزارش شده است (FAO, 2016)، لیکن میانگین عملکرد آن به دلیل مواجه شدن زمان گلدهی و تشکیل غلاف با تنش خشکی، معمولاً پایین است.

در اصلاح گیاهان زراعی، لازم است اطلاعات لازم در مورد پارامترهای ژنتیکی جمعیت مورد نظر در دسترس باشند. با توجه به اینکه این پارامترها مقادیر ثابتی نداشته و هر تودهٔ گیاهی، دارای پارامترهای اختصاصی مربوط به خود است؛ لازم است به‌نژادگران برای هر مورد خاص، این پارامترها را تخمین بزنند. صفات کمّی که توسط تعداد زیاد یا معدودی از پلی‌ژن‌ها کنترل می‌شوند، همانند ژن‌های اصلی کنترل‌کنندهٔ صفات کیفی تفرّق می‌یابند؛ با این تفاوت که در صفات کمّی به دلیل تأثیر اندک هر کدام از پلی‌ژن‌ها و اثرات تغییر دهندهٔ عوامل محیطی، تفرق ژنوتیپی نمایان نمی‌شود، بنابراین تجزیه صفات کمّی در اصل همان تجزیهٔ تنوع ژنتیکی است (Mather and Jinks, 1982). در یک برنامهٔ به‌نژادی، قبل از طراحی برنامه لازم است به‌نژادگر از نحوهٔ توارث صفات مورد نظر شناخت دقیق و آگاهی کامل داشته باشد تا بتواند بهترین روش اصلاحی را تدوین کرده و مناسب‌ترین والدین را از لحاظ پتانسیل عملکرد و سایر صفات در برنامه تولید هیبریدها به کار بگیرد. تجزیه دای‌آلل یک روش مفید برای تقسیم‌بندی واریانس فنوتیپی به اجزای آن، به منظور درک اندازه و سهم واریانس‌ها است (Hayman, 1958). این تجزیه برای اولین بار در سال ۱۹۱۹ توسط اشمیت (Schmidt) به عنوان روشی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی قابل استناد به تفاوت‌های بین لاین‌های والدینی معرفی شد که در آن بین تعدادی از ژنوتیپ‌های والدینی در تمام ترکیبات ممکن، از جمله تلاقی‌های متقابل، دورگ گیری صورت می‌گیرد. بعدها تجزیهٔ دای آلل توسط هیمن (Hayman, 1958) و جینکز و هیمن (Jinks and Hayman, 1953) به‌عنوان یک روش کارآمد برای تعیین والدین و تلاقی‌های مطلوب ارائه شد. این روش به متخصصان به‌نژادی کمک می‌کند تا به‌طور مؤثری اطلاعاتی مانند ترکیب پذیری عمومی و خصوصی، قابلیت توارث، درجه غالبیت، اثر تقریبی ژن‌ها و اثرات مادری را برآورد نمایند.

در نخود، عملکرد و اجزای عملکرد صفات چند ژنی بوده و وراثت کمّی دارند و به‌شدت تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرند (Muehlbauer and Singh, 1987). برای انتخاب روش‌های اصلاحی، اندازهٔ جمعیت و شدت گزینش، اطّلاع از مؤلفه‌های ژنتیکی صفات چند ژنی و اثرات محیط بر آن‌ها مهم است. ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در نخود غالباً برای عملکرد دانه و اجزای آن برآورد شده‌اند. نتایج آزمایش‌های تجزیه دای‌آلل در نخود نشان داده‌اند که تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته و اندازه دانه تحت کنترل اثرات ژنی افزایشی معنی‌دار بودند (Karami, 2011)، درحالی‌که عملکرد دانه، تعداد انشعابات اولیه و تعداد دانه در بوته تحت تأثیر اثرات ژنی غالبیت معنی‌دار بودند (Biçer and Şakar, 2008). از طرف دیگر، صفات تعداد انشعابات اولیه و تعداد غلاف در بوته (Hemati *et al*., 2010) و ارتفاع بوته (Karami, 2011) هر دو اثرات ژنی افزایش و غالبیت معنی‌دار داشتند.

این تحقیق با هدف تعیین کنترل ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در نخود و به منظور برآورد اثرات ژنی و

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

پارامترهای ژنتیکی صفات در یک تلاقی دای‌آلل کامل با شش والد انجام شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور تولید نسل‌های F1، کلیه تلاقی‌های ممکن بین شش رقم نخود والد (تیپ کابلی) در سال ۱۳۸۷ در مؤسسهٔ تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر انجام شد. ژنوتیپ‌های والدینی بر مبنای تفاوت‌های آن‌ها در تعداد روز از کاشت تا گلدهی، وزن ۱۰۰ دانه و ارتفاع بوته برای این تحقیق انتخاب شدند (جدول ۱). دورگ‌های حاصل از تلاقی دای‌آلل کامل شش لاین و رقم نخود همراه با والدین آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳۶ تیمار (ژنوتیپ) و چهار تکرار در بهار ۱۳۹۵ در ایستگاه گریزه سنندج کشت شدند. این ایستگاه با بافت خاک لومی‌رسی، دارای دمای حداقل و حداکثر ۴/۵ و ۲۱/۳ درجه سلسیوس و میانگین بارندگی ۳۹۵ میلی‌متر است. به‌منظور فراهم شدن شرایط تنش خشکی، کاشت دو هفته دیرتر از زمان معمول کشت آزمایشات بهاره، در نیمه فروردین‌ماه انجام شد. هر واحد آزمایشی در هر تکرار شامل چهار ردیف چهار متری از ژنوتیپ مورد نظر بود که به فواصل ۳۰ سانتیمتر بین ردیف و ۱۰ سانتیمتر روی ردیف کشت شدند. در طول دورهٔ داشت از صفات تعداد روز از کاشت تا گلدهی، روز تا رسیدگی کامل و ارتفاع بوته یادداشت‌برداری شد و در مرحله رسیدگی، پنج بوته تصادفی از هر کرت با دست برداشت و صفات تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در غلاف برای هر بوته اندازه‌گیری و ثبت شدند. اندازه‌گیری صفات وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه پس از برداشت محصول هر واحد آزمایشی بدست آمد.

مقایسه میانگین‌ها با استفاده از آزمون LSD انجام شد. تجزیهٔ دای‌آلل برای عملکرد دانه و صفات وابسته به روش جینکز و هیمن (Jinks and Hayman, 1953) انجام شد. ابتدا واریانس هر والد (Vr) وکوواریانس آن با والد غیرمشترک (Wr) محاسبه شده و در صورت عدم وجود تفاوت معنی‌دار با عدد یک و صحیح بودن سایر فرضیات مدل، پارامترهای ژنتیکی شامل؛ میانگین درجه غالبیت، وراثت‌پذیری عمومی (h^2b) و خصوصی (h^2n) و نسبت و توزیع آلل‌ها در والدین به روش مَتر و جینکز برآورد شدند (Mather and Jinks, 1982). سپس با استفاده از تجزیه گرافیکی، شیب و موقعیت خط رگرسیون برازش شده با نقاط درون سهمی محدودکننده، درجهٔ غالبیت و وجود یا عدم وجود اثرمتقابل مشخص گردید. تجزیه دای‌آلل با استفاده از برنامه DIALLEL-SAS (Zhang and Kang, 1997) انجام شد. برای رسم سهمی‌های محدودکننده از نرم‌افزار DIAL98 (Ukai, 2006) استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج نشان داد که تفاوت بین ژنوتیپ‌های نخود مورد مطالعه برای کلیه صفات معنی‌دار بود. کمترین و بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب برای صفات تعداد روز از کاشت تا رسیدگی و تعداد غلاف در بوته به‌دست آمد. قبل از انجام تجزیه واریانس دای‌آلل، به‌منظور آزمون کفایت مدل، تجزیه رگرسیون پیوسته ($W_{rij} - V_{rij}$) در تمامی بلوک‌ها انجام شد. نتایج نشان داد که اختلاف شیب خط رگرسیون Wr/Vr از «یک» برای هیچ‌کدام از صفات، به جز وزن ۱۰۰ دانه معنی‌دار نبود (جدول ۲). از طرف دیگر اختلاف شیب خط از «صفر» برای همه صفات معنی‌دار به‌دست آمد. از دیگر نتایج مندرج در جدول ۲ می‌توان به عدم وجود اثرمتقابل غیرآللی برای ژن‌های کنترل‌کنندهٔ صفات، به جز وزن ۱۰۰ دانه اشاره کرد.

نتایج مندرج در جدول ۳ تبدیل داده‌ها، مشکلِ مربوط به وجود اپیستازی در وزن ۱۰۰ دانه را برطرف نکرد، در نتیجه با مراجعه به مقادیر Wr-Vr مشخص شد که والد ۶ (FLIP 96-154C) بیشترین تفاوت را نسبت به سایر والدین داشت. در چنین مواردی پیشنهاد شده

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

جدول ۱- شناسه بین‌المللی، کُد و مشخصات والدین ژنوتیپ‌های نخود شرکت کننده در تلاقی دای‌آلل

Table 1. International ID, code and characteristics of parents of chickpea genotypes involved in the diallel cross

ژنوتیپ‌های نخود Chickpea genotypes		شناسهٔ بین المللی nternational ID	کد Code	خصوصیات ثبت شده Recorded characteristics: تیپ بوته Plant type	ارتفاع بوته Plant height (cm)	وزن ۱۰۰ دانه 100 seed weight (g)	واکنش در برابر AB reaction to AB	واکنش در برابر FW Reaction to FW	عملکرد دانه Seed yield ($kg.ha^{-1}$)
Arman	آرمان	FLIP 90-96C	V_1	E	55	35	R	T	1400
Azad	آزاد	FLIP 93-93C	V_2	E	47	35	T	T	1300
Samin	ثمین	ILC 1799	V_3	P	32	39	T	R	920
ILC 482		ILC 482	V_4	P	30	31	MR	S	850
Gökçe	گوکچه	FLIP 87-7C	V_5	SE	33	34	R	T	900
FLIP 96-154C		FLIP 96-154C	V_6	E	42	33	R	T	1200

E= ایستاده، P= خوابیده، SE= نیمه ایستاده، R= مقاوم، MR= نیمه مقاوم، T= متحمل، S= حساس، AB= بیماری برق‌زدگی، FW= بیماری پژمردگی فوواریومی

E=Erect, P= Prostrate, SE= Semi-Erect, R= Resistant, MR= Moderately Resistant, T= Tolerant, S= Susceptible, AB= Ascochyta blight, FW= Fusarium wilt.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

است که والد مورد نظر حذف شود (Jinks,1956). پس از حذف والد یاد شده و انجام مجدد محاسبات آماری، نتایج حاکی از عدم وجود اثر اپیستازی و صادق بودن مفروضات روش هیمن بود و اعتبار ژنتیکی برای وزن ۱۰۰ دانه نیز فراهم شد.

محاسبه اجزای واریانس بر مبنای روش هیمن (Hayman, 1954) نشان داد که اثر افزایشی (a) برای همه صفات به جز وزن ۱۰۰ دانه معنی‌دار بود. اثر غالبیت (b) نیز در مورد تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۳).

جدول ۲- آزمون‌های رگرسیون Wr روی Vr و اثرات اپیستازی برای صفات ژنوتیپ‌های نخود در تلاقی دای آلل

Table 2. Regression of Wr/Vr and epistatic effect tests for chickpea genotypes characteristics in diallel cross

صفات گیاهی Plant characteristics			t-value		میانگین مربعات
		b± S_b	H_0: β=0	H_0: β=1	MS: Wr-Vr
Days to flowering	تعداد روز تا گلدهی	0.91± 0.23	3.89**	0.37^{ns}	119.55^{ns}
Days to maturity	تعداد روز تا رسیدگی	1.12± 0.39	2.03*	0.49^{ns}	228.21^{ns}
Seed.pod^{-1}	تعداد دانه در غلاف	1.28± 0.46	1.71*	0.46^{ns}	402.23^{ns}
Pod.plant^{-1}	تعداد غلاف در بوته	0.99± 0.31	2.57*	0.69^{ns}	887.91^{ns}
Plant height	ارتفاع بوته	0.59± 0.27	3.06**	0.61^{ns}	177.27^{ns}
100 Seed weight	وزن ۱۰۰ دانه	0.22± 0.26	1.03^{ns}	2.74^{ns}	18.17^{ns}
Seed yield	عملکرد دانه	0.91± 0.21	4.49**	0.17^{ns}	119.21^{ns}

** and *: Significant 5% and 1% probability levels, respectively * و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

به گزارش هیمن (Hayman, 1958) برآورد آماره‌های Wr و Vr زمانی اعتبار دارند که جزء b صفات مورد نظر معنی‌دار باشد. در ادامه، آماره b به اجزای b_1، b_2 و b_3 تفکیک شد. b_1 میانگین F_1ها را مقایسه کرده و غالبیت یک‌طرفه یا جهت‌دار را نشان می‌دهد. برخی از منابع b_1 را نشانگر متوسط هتروزیس نامیده‌اند (Sharma, 1998). به‌عبارت‌دیگر، چنانچه غالبیت جهت‌دار نباشد، پس‌روی ناشی از خویش‌آمیزی(Inbreeding depression) و در مقابل آن هتروزیس وجود نخواهند داشت (Mather and Jinks, 1982). در تجزیه حاضر، کلیه صفات، به جز تعداد روز از کاشت تا رسیدگی، تعداد غلاف در بوته و وزن ۱۰۰ دانه غالبیت جهت‌دار (b_1) داشتند. جزء b_2 هتروزیس اختصاصی هر والد را نشان داده و معنی‌دار شدن آن به معنی توزیع نامتقارن ژن‌ها در والدین است. چنانچه در جدول ۳ ملاحظه می‌شود، b_2 برای کلیه صفات، به‌جز ارتفاع بوته، تعداد دانه در غلاف و نمره تحمل به خشکی معنی‌دار بود. به‌عبارت‌دیگر، برای صفات یاد شده فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین متفاوت بود. در این تجزیه، صفات ارتفاع بوته و تعداد دانه در غلاف دارای b_3 معنی‌دار بودند. جزء b_3 نشان دهندهٔ برخی از اثرات غالبیت است که همهٔ تلاقی‌ها بطور یکنواخت در آن سهیم هستند. در حقیقت، b_3 معادل مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی در تجزیهٔ گریفینگ است و می‌تواند نتایج حاصل از تجزیهٔ مزبور را تأیید کند (Sharma, 1998, Honar Nejad, 2009). برای کلیه صفات، به‌جز تعداد روز از کاشت تا گلدهی و ارتفاع بوته، تفاوت معنی‌داری بین اثرات مادری (c) وجود داشت. بعلاوه اختلافات معنی‌داری برای اثرات معکوس یا غیر مادری (d) فقط برای عملکرد دانه، تعداد روز از کاشت تا گلدهی و تعداد غلاف در بوته دست آمد. در آزمایش مشابهی، کرمی (Karami, 2011) در نخود و الراوی و حسن (El-Rawy and Hassan, 2014) در گندم آماره‌های a، b و c را برای اغلب صفات معنی‌دار گزارش کردند.

در برآورد اجزای ژنتیکی برای هر صفت، نشان داده شد که واریانس افزایشی (D) برای تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد دانه در غلاف،

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

جدول ۳- تجزیه واریانس دای‌آلل برای صفات گیاهی ژنوتیپ‌های نخود به روش هیمن

Tbale 3. Diallel analysis of variance for chickpea genotypes characteristics, using Hayman's method

		Mean squares میانگین مربعات							
منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	روز تا گلدهی Days to flowering	روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	دانه در غلاف $Seed.pod^{-1}$	غلاف در بوته $Pod.plant^{-1}$	عملکرد دانه Seed yield	درجه آزادی df	وزن ۱۰۰ دانه 100 Seed weight
Rep.تکرار	3	3.12^{ns}	3.23^{ns}	28.81*	0.29**	4.74^{ns}	6438^{ns}	3	9.02^{ns}
a	5	16.95**	62.70**	21.68*	1.05**	29.91**	138659**	4	30.38^{ns}
b	15	16.73**	17.06**	24.77**	0.14**	5.45**	44761**	10	46.35**
b_1	1	55.00**	11.76^{ns}	79.07**	0.27*	0.06^{ns}	86768*	1	0.88^{ns}
b_2	5	27.76**	35.14**	13.19ns	0.07ns	10.62**	76039**	4	101.55**
b_3	9	6.35^{ns}	7.60^{ns}	25.18**	0.16**	3.18^{ns}	22717^{ns}	5	11.29^{ns}
c	5	6.77^{ns}	47.82**	13.76^{ns}	0.86**	5.10*	148033**	4	52.45*
d	10	11.59*	4.68^{ns}	5.34^{ns}	0.02ns	6.31**	48104**	6	9.88^{ns}
Error خطا	105	4.83	7.32	8.05	0.04	1.97	15188	72	15.03

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد ، a: اثر افزایشی، b: اثر غالبیت، b1: غالبیت جهت‌دار، b2: تقارن ژن‌های غالب و مغلوب در والدین (هتروزیس اختصاصی هر والد)، b3: اثرات ژن‌های ویژه یا باقیماندهٔ اثرات غیر افزایشی ، c: اثر متقابل عمومی ، d: اثر متقابل خصوصی یا اثرات معکوس

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively. a: additive effect, b: dominance effect, b_1: directional dominance, b_2: gene distribution among the parents, b3: effects of specific genes, c: general interaction effect, d: reciprocal effect.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

تعداد غلاف در بوته، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه و واریانس‌های غالبیت (H_1 و H_2) برای صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه معنی‌دار بودند (جدول ۴). نتایج تحقیقات قبلی نشان داده است که برای عملکرد دانهٔ نخود، واریانس افزایشی از اهمیت بالایی برخوردار بود (Sharma *et al*., 2013) و واریانس غالبیت برای صفات تعداد غلاف در بوته و وزن ۱۰۰ دانه اهمیت داشتند (Biçer and Şakar, 2008). کرمی و طالبی (Karami and Talebi, 2013) نقش اثرات ژنی افزایشی و غیر افزایشی در وراثت عملکرد و اجزای وابسته در نخود را گزارش کردند. واریانس محیطی (E) برای کلیه صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود و این موضوع نشان دهنده بالا بودن اثر محیط بود. درجهٔ غالبیت $(H_1/D)^{1/2}$ برای صفات تعداد روز تا رسیدگی، تعداد دانه در غلاف و نمره تحمل به خشکی کمتر از «یک» و نشان دهنده کنترل این صفات توسط اثر غالبیت ناقص بود (جدول ۴). مقدار درجهٔ غالبیت برای سایر صفات بزرگ‌تر از «یک» بود و دلالت بر کنترل آن‌ها به واسطهٔ اثر ژن فوق غالبیت بود. مهلبور و سینگ (MUEHLBAUER and Singh, 1987) گزارش دادند که در نخود کنترل عملکرد دانه و تعداد غلاف در بوته توسط اثر فوق غالبیت و وزن ۱۰۰ دانه با درجه غالبیت حدود صفر، تحت کنترل اثر افزایشی است. بالا بودن F یا نسبت ژن‌های غالب به مغلوب با ارزش مثبت نشان داد که ژن‌های غالب فراوانی بیشتری برای تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی و وزن ۱۰۰ دانه داشتند. در آزمایش حاضر اندازهٔ دانهٔ بزرگ بر اندازهٔ دانه کوچک غالب بود. ولی این نتایج با نتایج آزمایش مالهوترا و همکاران (Malhotra *et al*., 1997) مغایرت داشت. نتایج نشان داد که مقدار hh/H_2 برای صفات تعداد روز از کاشت تا گلدهی، ارتفاع بوته، امتیاز تحمل خشکی و عملکرد دانه حداقل توسط یک گروه ژنی کنترل می‌شوند. چو و همکاران (Cho *et al*., 2002) گزارش نمودند که تعداد روز تا گلدهی تحت کنترل یک جفت ژن است. اجزای افزایشی و غالبیتِ واریانس ژنتیکی برای عملکرد دانه در بوته معنی‌دار نبود. سینگ و سینگ (Singh and Singh, 1992) برای عملکرد دانه واریانس غیر افزایشی گزارش کردند. با این‌وجود، جوشی و همکاران (Joshi *et al*., 2004) هر دو اجزای افزایشی (قابل تثبیت) و غیر افزایشی (غیرقابل تثبیت) واریانس ژنتیکی را برای وراثت اغلب صفات کمّی و کیفی گندم گزارش کردند، هر چند که واریانس ژنتیکی افزایشی نقش و اثر بیشتری داشت. نابرابر بودن نسبت ژن‌های مثبت و منفی (uv) نشان‌دهندهٔ توزیع متفاوت ژن‌ها بین والدین است و اگر توزیع u و v متقارن (یعنی u= v =۰/۵) باشد، در این صورت نسبت $H_2/4H_1$ =۰/۲۵ خواهد بود (Kearsey and Pooni, 1996). در این تحقیق جزء uv از ۰/۱۳ برای تعداد غلاف در بوته تا ۰/۲۴ برای نمره تحمل خشکی متغیر بود. در ضمن توزیع u وv برای ارتفاع بوته، تعداد دانه در غلاف و نمره تحمل به خشکی نسبتاً متقارن بود. بعلاوه نسبت ژن‌های غالب به مغلوب نشان داد که والدین ژن‌های غالب بیشتری نسبت به ژن‌های مغلوب برای کلیه صفات داشتند.

در تحقیق حاضر برای کلیه صفات، وراثت‌پذیری عمومی بیشتر از وراثت‌پذیری خصوصی بود (جدول ۴). کمترین و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی به ترتیب مربوط به ارتفاع بوته (۵۷ درصد) و تعداد دانه در غلاف (۸۴ درصد) بود. توکر و همکاران (Toker *et al*., 2007) بیشترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی را برای وزن ۱۰۰ دانه نخود گزارش کردند. بیشترین میزان وراثت پذیری خصوصی به ترتیب مربوط به تعداد دانه در غلاف (۶۴ درصد)، نمره تحمل به خشکی (۵۹ درصد) و تعداد غلاف در بوته (۵۵ درصد) بود و نشان داد که در اصلاح نخود، برای این صفات پیشرفت ژنتیکی بیشتری می‌تواند عاید شود. ارتفاع بوته کمترین وراثت‌پذیری خصوصی را داشت (۱۱ درصد). در

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

جدول ۴ - اجزای واریانس ژنتیکی و نسبت ± خطای معیار برای عملکرد دانه و سایر صفات وابسته با آن در ژنوتیپ‌های نخود به روش هیمن

Table 4. Genetic components of variance and their proportions ± satandard error for seed yield and realted traits in chickpea genotypes, using Hayman's method

اجزای واریانس Components of variance	صفات گیاهی Plant characteristics	روز تا گلدهی Days to flowering	روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	دانه در غلاف $Seed.pod^{-1}$	غلاف در بوته $Pod.plant^{-1}$	وزن ۱۰۰ دانه 100 Seed weight	عملکرد دانه Seed yield
D	واریانس افزایشی	9.50±3.3	16.43±5.2	2.78±3.20	0.12±0.03	2.78±1.1	23.78±10.4	21813±9428
H_1	واریانس ژنتیکی غالبیت	9.77±4.1	9.87±5.4	9.21±4.90	0.05±0.02	3.18±1.5	67.92±18.8	24927±1163
H_2	واریانس ژنتیکی غالبیت تصحیح شده	6.01±2.5	4.95±3.2	8.47±3.80	0.04±0.02	1.77±0.8	42.47±11.5	14997±7154
F	حاصل‌ضرب افزایشی در غالبیت	12.31±4.7	16.44±6.8	2.49±4.30	0.03±0.03	1.88±1.5	44.75±17.6	21665±1268
E	واریانس محیطی	1.21±0.16	1.83±0.24	2.01±0.30	0.01±0.01	0.49±0.06	4.67±0.60	3797±512
$(H_1/D)^{1/2}$	میانگین درجهٔ غالبیت	1.01±0.14	0.76±0.14	1.82±1.40	0.68±0.15	1.07±0.3	1.08±0.30	1.069±0.23
$(H_2/4H_1)$	نسبت ژن‌های دارای اثر مثبت و منفی در والدین	0.15±0.32	0.13±0.22	0.23±0.09	0.22±0.15	0.14±0.23	0.16±0.07	0.15±0.12
uv	بالانس آلل‌های مثبت و منفی	0.15±0.01	0.13±0.02	0.23±0.03	0.23±0.02	0.14±0.02	0.15±0.01	0.15±0.020
hh/H_2	تعداد گروه‌های ژنی	1.40±0.58	0.17±0.45	1.41±0.60	0.77±0.49	-0.16±0.18	0.24±0.25	0.81±0.50
$\frac{(4DH_2)^{\frac{1}{2}}+F}{(4DH_1)^{\frac{1}{2}}-F}$	نسبت ژن‌های غالب به مغلوب در والدین	4.54±0.33	4.64±0.17	1.65±0.09	1.50±0.31	1.92±0.11	3.51±0.12	2.74±0.07
$h^2(bs)$	وراثت‌پذیری دای‌الل در مفهوم عام	0.62±0.07	0.66±0.06	0.57±0.07	0.84±0.03	0.76±0.04	0.73±0.04	0.69±0.05
h^2 (ns)	وراثت‌پذیری دای‌الل در مفهوم خاص	0.15±0.08	0.42±0.09	0.11±0.08	0.14±0.06	0.55±0.07	0.12±0.06	0.41±0.08
b (Wr,Vr)	رگرسیون واریانس کوواریانس	0.91±0.99	1.12±0.81	0.59±0.50	1.28±0.93	0.99±0.89	1.24±0.86	0.91±0.84

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

آزمایش کرمی (Karami, 2011) بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین و عملکرد بیولوژیک به‌دست آمد. وراثت‌پذیری خصوصی برای تعداد روز از کاشت تا گلدهی، کم (۱۵ درصد) و برای تعداد روز تا رسیدگی متوسط بود (۴۲ درصد). این موضوع برای اصلاحگران نخود در ایجاد ژنوتیپ‌های زودرس متحمل به خشکی مطلوب محسوب نمی‌شود (Biçer and Sakar, 2008).

اثر متقابل ژنی از مقدار ضریب رگرسیون (b; Wr,Vr) قابل استنباط است. اگر مقدار b متفاوت از «یک»باشد، اثر متقابل ژنی رخ داده و چنانچه مقدار b تفاوتی با «یک» نداشته باشد، بیانگر عدم وجود اثر متقابل ژنی است (Joshi *et al*., 2004). نتایج نشان داد که ضریب رگرسیون Wr روی Vr برای هیچ‌کدام از صفات، به‌جز وزن ۱۰۰ دانه اختلاف معنی‌داری با «یک» نداشت، بنابراین برای این صفات اثر متقابل ژنی به‌دست نیامد. در مورد وزن ۱۰۰ دانه نیز همان‌طور که ذکر شد، پس از حذف والد ۶، اثر متقابل ژنی از بین رفت.

در این تحقیق، مقادیر ضرایب رگرسیون برای هفت صفت تحت عنوان نمودارهای Vr-Wr در شکل‌های ۱ تا ۴ ارائه شده است. چنانکه ملاحظه می‌شود، نمودار هیچکدام از صفات، به جز وزن ۱۰۰ دانه، تفاوت معنی‌داری با واحد (b=1) نداشت. این موضوع دلالت بر عدم وجود اپیستازی برای صفات یاد شده دارد. در شکل‌های Vr-Wr تقریباً برای اغلب صفات، نقاط مربوط به والدین در امتداد خط رگرسیون توزیع شده‌اند. در این تجزیه، پراکنش و آرایش نقاط منعکس‌کنندهٔ تنوع ژنتیکی والدین برای صفت مربوطه است. بعلاوه توزیع نقاط در نمودار Vr-Wr گویای تناسب نسبی آلل‌های غالب و مغلوب موجود در والدین است (Dubey and Ram, 2007). در مورد صفت تعداد روز تا گلدهی (شکل ۱- الف)، ضریب رگرسیون اختلاف معنی‌داری با واحد (خط ۱:۱) نداشت و نشان‌دهندهٔ عدم وجود اپیستازی بود. اکثر نقاط والدین در اطراف خط رگرسیون پراکنده بودند. خط رگرسیون تقریباً از مبدأ مختصات عبور کرد که حاکی از وجود غالبیت کامل است. والدین ۱ (Arman)، ۴ (ILC 482) و ۶ (FLIP 96-154C) که نزدیک مبدأ مختصات بودند، تعداد بیشتری از آلل‌های غالب را داشتند، در حالی‌که والد ۳ (Samin) که در منتهی‌علیه سمت مخالف خط رگرسیون واقع شده بود، حداکثر تعداد آلل‌های مغلوب را داشت.

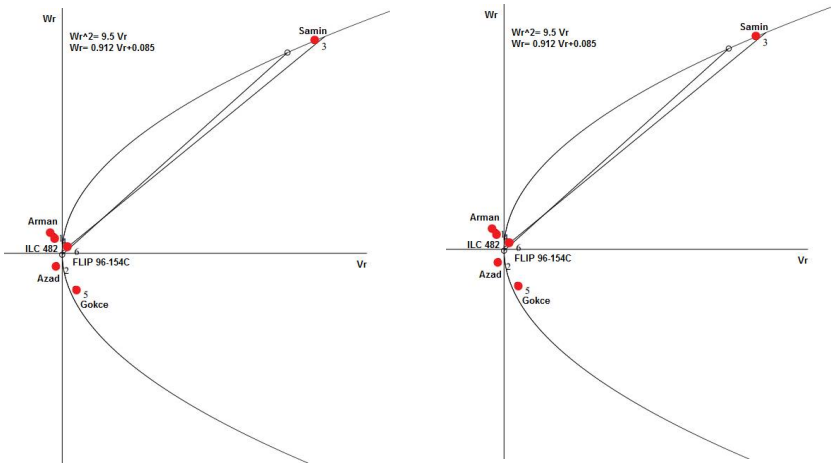
ضریب رگرسیون تعداد روز از کاشت تا رسیدگی نیز اختلاف معنی‌داری با یک نداشت (شکل ۱- ب). در مورد این صفت نیز اغلب نقاط مربوط به والدین در نزدیکی مبدأ مختصات قرار داشتند. برای این صفت، چون خط رگرسیون در بالای مبداء مختصات محور Wr را قطع کرد، غالبیت ناقص حاکم بود. برای تعداد روز از کاشت تا رسیدگی نیز رقم زودرس ثمین دارای حداکثر تعداد آلل‌های مغلوب بود.

در شکل ۲- الف پراکنش نقاط مربوط به والدین در اطراف خط رگرسیون برای تعداد دانه در غلاف نشان داده شده است. خط رگرسیون محور Wr را در بالای مبدأ مختصات قطع کرد و نشان دهنده وجود غالبیت ناقص برای صفت دانه در غلاف است. والد ۳ (ثمین) دارای حداکثر فراوانی آلل‌های غالب برای صفت تعداد دانه در غلاف بود،درحالی‌که لاین‌های آزاد، گوکچه و ILC 482 دارای تعداد زیادی آلل‌های مغلوب بودند.

برای تعداد غلاف در بوته نیز پراکنش والدین در امتداد خط رگرسیون نشان دهنده تنوع ژنتیکی والدین برای این دو صفت بود (شکل ۲- ب). خط رگرسیون محور Wr را در زیر محور مختصات قطع کرد و نشان دهنده وجود وراثت فوق غالبیت در تعداد غلاف در بوته بود. رقم ثمین نزدیکترین والد به مبدأ مختصات و دارای بیشترین تعداد آلل‌های غالب بود. لاین‌های

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]



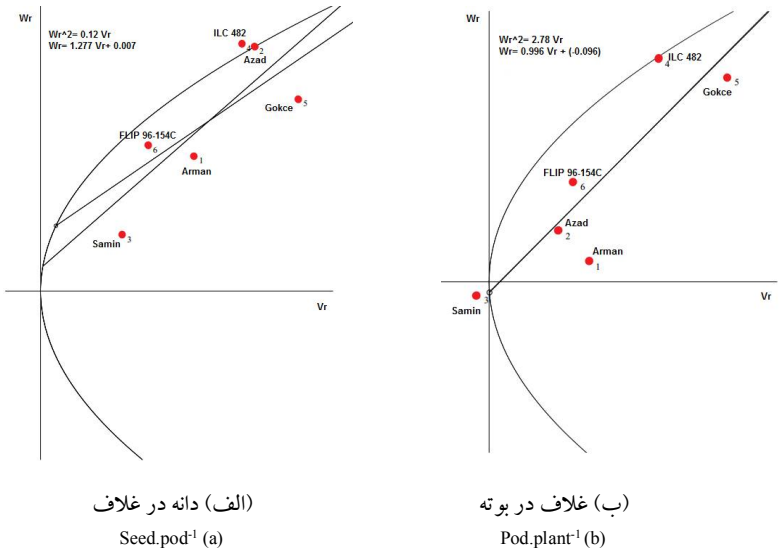
(الف) روز تا گلدهی
Days to flowering (a)

(ب) روز تا رسیدگی
Days to maturity (b)

شکل ۱- نمودار واریانس-کوواریانس برای صفات روز تا گلدهی(الف) و روز تا رسیدگی (ب) در شش والد نخود

Fig. 1. Variance-covariance graph for days to flowering (a) and days to maturity (b) in six chickpea parents

گوکچه و ILC 482 دارای بیشترین تعداد آلل‌های مغلوب برای تعداد غلاف در بوته بودند. سایر والدین تقریباً سهم برابری از آلل‌های غالب و مغلوب را برای صفت مزبور داشتند.



(الف) دانه در غلاف
Seed.pod^{-1} (a)

(ب) غلاف در بوته
Pod.plant^{-1} (b)

شکل ۲-نمودار واریانس-کوواریانس برای صفات تعداد دانه در غلاف (الف) و تعداد غلاف در بوته (ب) در شش والد نخود

Fig. 2. Variance-covariance graph for number of seed.pod^{-1} (a) and number of pod.plant^{-1} (b) in six chickpea parents

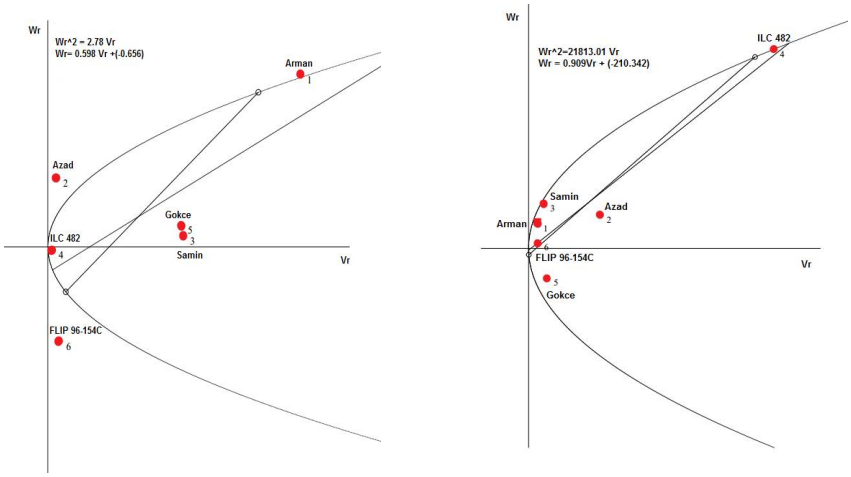
برای صفت ارتفاع بوته، مقدار ضریب رگرسیون ۰/۵۹۸ بود و خط رگرسیون محور Wr را در زیر مبدأ مختصات قطع کرد (شکل -۳- الف). این حالت تایید می‌کند که بیان صفت مزبور در والدین مطابق با الگوی

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

فوق غالبیت بوده است. لاین ILC 482 بیشترین فراوانی آلل‌های غالب را نشان داد، چرا که نزدیک‌ترین ژنوتیپ به مبدأ مختصات بود. در مقابل، رقم پابلند آرمان که بیشترین فاصله را از مبداء مختصات داشت، دارای حداکثر آلل‌های مغلوب بود. برخلاف این نتیجه، کرمی (Karami, 2011) به رقم آرمان که کمترین فاصله را از مبدأ مختصات داشت، حداکثر آلل‌های غالب را نسبت داد.

در مورد عملکرد دانه ضریب رگرسیون اختلاف معنی‌داری با یک (خط ۱:۱) نداشت و نشان‌دهندهٔ عدم وجود اپیستازی بود (شکل ۳- ب). خط رگرسیون محور Wr را در مبدأ مختصات قطع کرد و غالبیت کامل تشخیص داده شد. این نتیجه از طریق مقدار برآورد شده برای متوسط درجه غالبیت (۱/۰۶) مورد تأیید قرار گرفت (جدول ۴). توزیع آرایش والدین در امتداد خط رگرسیون نشان داد که والد ILC 482 دارای بیشترین فراوانی آلل‌های مغلوب بود و سهم سایر والدین از آلل‌های غالب و مغلوب تقریباً یکسان بود، هرچند FLIP 96-154C نزدیک‌ترین لاین به مبدأ مختصات بود.



(الف) ارتفاع بوته
Plant height (a)

(ب) عملکرد دانه
Seed yield (b)

شکل ۳- نمودار واریانس-کوواریانس برای صفات ارتفاع بوته (الف) و عملکرد دانه (ب) در شش والد نخود

Fig. 3. Variance-covariance graph for plant height (a) and seed yield (b) in six chickpea parents

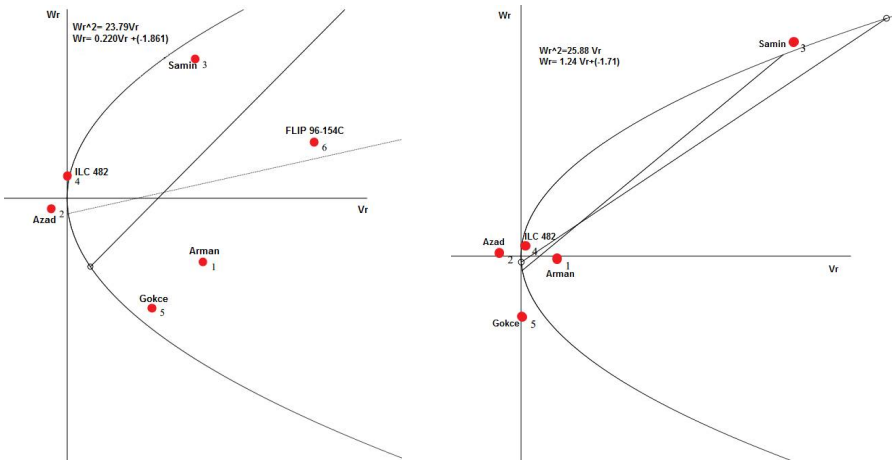
در شکل ۴ - الف و ب مقادیر ضریب رگرسیون (b Wr, Vr) برای وزن ۱۰۰ دانه قبل و بعد از حذف والد ۶ و پراکنش نقاط والدین در اطراف خط رگرسیون نشان داده شده است. به‌طوری‌که قبلاً ذکر شد، اختلاف شیب خط رگرسیون Wr/Vr از «یک» فقط برای وزن ۱۰۰ دانه معنی‌دار بود (جدول ۳ و شکل ۴- الف). مقایسهٔ مقادیر Wr-Vr نشان داد که اختلاف موردنظر را والد ۶ (FLIP 96-154C) ایجاد نموده است. بنا به نظر جینکز (Jinks,1956) والد یاد شده حذف و صادق بودن مفروضات تجزیه فراهم گردید و موجب شد تا خط رگرسیون با «یک» تفاوت معنی‌دار نداشته باشد (شکل ۴- ب). در این شرایط، ضریب رگرسیون برای وزن ۱۰۰ دانه ۱/۲۴ بود و خط رگرسیون از مبدأ مختصات عبور کرد و نشان داد که برای کنترل صفت مزبور، وراثت غالبیت کامل حاکم بود. در محاسبات مجدد مقدار برآورد شده برای $(H_1/D)^{1/2}$ تقریباً برابر با واحد بود و این یافته را تائید کرد. والد ILC 482 حداکثر تعداد آلل‌های غالب و والد ثمین حداکثر تعداد

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

آل‌های مغلوب را دارا بودند. والدین آرمان، آزاد و گوکچه نسبت متعادلی از آل‌های غالب و مغلوب را دارا بودند.

درمجموع، برخی تناقض‌های موجود بین اجزای برآورد شدهٔ واریانس ژنتیکی و نتایج تجزیه گرافیکی Vr-Wr را می‌توان ناشی از توزیع ژنی همبسته (Correlated gene distribution) دانست (Hayman, 1954).



(الف) وزن ۱۰۰ دانه
100-Seed weight (a)

(ب) وزن ۱۰۰ دانه
100-Seed weight (b)

شکل ۴- نمودار واریانس-کوواریانس برای وزن ۱۰۰ دانه (الف) در شش والد نخود و وزن ۱۰۰ دانه پس از حذف والد FLIP 96-154C (ب)

Fig. 4. Variance-covariance graph for 100 seed weight in six chickpea parents (a) and 100 seed weight after deletion of FLIP 96-154C (b)

نتیجه‌گیری

به‌عنوان نتیجه‌گیری کلی پیشنهاد می‌شود که رقم Azad با لاین‌هایی که به‌طور بالقوه پتانسیل عملکرد بالا دارند تلاقی داده شود، هرچند والدین موردنظر برای تلاقی باید بر اساس اثر ترکیب‌پذیری عمومی انتخاب شوند؛ با این وجود، انتخاب والدین بر مبنای تنوع ژنتیکی نباید نادیده گرفته شود و ترجیحاً باید تلاقی‌ها، بین والدینی که در نمودار Vr-Wr دورتر از مبدأ مختصات قرار گرفته‌اند، صورت گیرند (Ferreira, 1988). در برنامه‌های به‌نژادی نخود، لازم است توجه بیشتری به توسعهٔ دورگ‌ها معطوف شود. در ضمن نباید از ژرم‌پلاسم بومی برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی غافل شد. در این زمینه، تجزیه دای‌آلل می‌تواند به یافتن تلاقی‌های برتر کمک نماید.

منابع مورداستفاده

References

Ahmadi, K., H. Gholizageh, H. R. Ebadzadeh, F. Hatami, M. Fazli Estabragh, R. Husseinpour, A. Kazemian and M. Rafiei. 2016. Agricultural statistics yearbook, 2014-2015. Center for Information Technology and Communications, Deputy of Programming and Economics, Ministry of Jihad-e-Agriculture, Tehran, Iran.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

Biçer, B. T. and D. Şakar. 2008. Heritability and gene effects for yield and yield components in chickpea. Hereditas, 145: 220–224.

Cho, S., J. Kumar and J. L. Shultz. 2002. Mapping genes for double podding and other morphological traits in chickpea. Euphytica, 128: 285-292.

Dubey, R. K. and H. H. Ram. 2007. Graphical analysis (Wr-Vr) and numerical approach for a DIALLEL analysis of yield components in Bottlegourd (*Lagenaria siceraria* (Mol.) Standl.). Int. J. Plant Breed. 1(1): 65-69.

El-Rawy, M. A. and M. I. Hassan. 2014. A diallel analysis of drought tolerance indices at seedling stage in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Plant Breed. Biotechnol. 2(3): 276-288.

FAO, 2016. FAOSTAT. FOOD and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. http://FAOSTAT.FAO.org/default.aspx.

Ferreira, P. E. 1988. A new look at Jinks-Hayman's method for the estimation of genetical components in diallel crosses. Heredity, 60: 347-353.

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

Hayman, B. I. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. Genetics, 43: 63-85.

Hemati, I., S. H. Sabaghpour, M. Taeb and R. Chokan. 2010. Study on genetic parameters for different agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using diallel analysis. Seed Plant Improv. J. 26-1(2): 205-218. (In Persian with English abstract).

Honar Nejad, R. 2009. Estimation of genetic parameters of rice using Griffing's diallel methods. Agric. Natur. Resour. Sci. Technol. 11(41): 247-258. (In Persian with English abstract).

Jinks, J. L. 1956. The F_2 and backcross generations from a set of diallel crosses. Heredity, 10:1–30.

Jinks, J. L. and B. I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet. Newsl. 27, 48-54.

Joshi, S. K., S. N.Sharma and D. L. Singhania. 2004. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel crosses in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. *em. Thell*). Hereditas, 141: 115-121.

Karami, E. 2011. Genetic analysis of some agronomic characters in chickpea (*Cicer aretinum* L.). Afric. J. Agric. Res. 6(6): 1349-1358.

Karami, E. and R. Talebi. 2013. Nature of gene action and genetic parameters for yield and its components in chickpea. Afric. J. Biotechnol. 12(51): 7038-7042.

Kearsey, M. J. and H. S. Pooni. 1996. The genetical analysis of quantitative traits. Chapman and Hall, London, UK.

Malhotra, R. S., G. Bejiga and K. B. Singh. 1997. Inheritance of seed size in chickpea. J. Genet. Breed. 51: 45–50.

Mather, K. and J. L. Jinks. 1982. Biometrical Genetics. Methuen Co Ltd, London, UK.

Muehlbauer, F. J. and K. B. Singh. 1987. Genetics of chickpea. p. 99-125. *In:* M. C. Saxena, and K. B. Singh (Eds.) The chickpea. CABI. Wallingford, UK.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

Sharma, R. 1998. Statistical and Biometrical Techniques in Plant Breeding. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi, India.

Sharma, S., H. D. Upadhyaya, C. L. L.Gowda, S. Kumar and S. Singh. 2013. Genetic analysis for seed size in three crosses of chickpea (*Cicer arietinum* L.). Can. J. Plant Sci. 93: 387-395.

Singh, R. P. and S. Singh. 1992. Estimation of genetic parameters through generation means analysis in bread wheat. Ind. J. Genet. Plant Breed. 52: 369-375.

Toker, C., C. Liuch, N. A. Tejera, R. Serraj, K. H. M, Siddique .2007. Abiotic stresses. p. 474-496. *In:* S. S. Yadav *et al*. (Eds.) Chickpea Breeding and Management, CABI. Wallingford, UK.

Ukai, Y. 2006. Analysis of full and half diallel tables (DIAL 98). Virtual Institute of Statistical Genetics. http://Ibm.ab.a.u-tokyo.ac.jp/~ukai

Zhang, Y. and M. S. Kang. 1997. DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analysis. Agron. J. 89:176-182.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]

Estimation of gene action and genetic parameters of seed yield and related traits in rainfed chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using diallel method

Gholinezhad, E.[1], H. Kanouni[2] and M. Khalili[3]

ABSTRACT

Gholinezhad, E., H. Kanouni and M. Khalili. 2019. Estimation of gene action and genetic parameters of seed yield and related traits in rainfed chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using diallel method. **Iranian Journal of Crop Sciences. 20(4): 288-302. (In Persian).**

To estimate gene action and genetic parameters of seed yield and some morphological traits, six variety and lines of chickpea as well as seed derived from their diallel crosses were evaluated in a randomized complete block design with four replications in 2016-17 at Gerizeh research station of Sanandaj, Iran. Significant differences were identified among genotypes for all traits. Genotypic variances were partitioned into additive and non-additive genetic components using Hayman method. Additive genetic component were significant for all traits excluding one-hundred seed weight. Non-additive component was significant for all traits at 1% probability level. The highest and lowest degrees of dominance were observed for plant height and number of seed per pod, respectively. Mean of dominance ratio revealed genes partial dominance for days from sowing to flowering and seeds per pod, and over dominance for other traits. Broad-sense heritability estimates ranged from 0.91 for number of pod per plant to 0.68 for seed weight. Highest and lowest values of narrow-sense heritability were estimated from 0.73 for days to flowering to 0.06 for seed yield, respectively. Graphical analysis of Wr /Vr indicated that there was a complete dominance for days from sowing to flowering, 100 seed weight and seed yield. For days from sowing to maturity, number of seed per pod, intercept was positive, and controlled by partial dominance gene action. On the other hand, for number of pods per plant and plant height, the intercept was negative and the gene action was over dominance. For seed yield, except ILC 482, the parents were close to the origin of the coordinate axis and contained more dominant alleles. It is concluded that crossing cv. Azad with high yield potential cultivars can be more suitable, and for this purpose the parents that were located farther from intercept in Wr /Vr diagram are preferred.

Key words: Chickpea, Components of variance, Genetic analysis, Heterosis and Heritability.

Received: June, 2018 **Accepted: January, 2019**

1. Associate Prof., Department of Agricultural Sciences, Payam-e-Noor University (PNU), Tehran, Iran
2. Associate Prof., Agricultural and Natural Resources Research and Education Center of Kurdistan, Iran. Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO)
(Corresponding author) (Email: h.kanoui@areeo.ac.ir)
3. Assistant Prof., Department of Agricultural Sciences, Payam-e-Noor University (PNU), Tehran, Iran

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.2.1]