

Genetic analysis of different traits in maize using diallel cross analysis

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

تجزیه ژنتیکی صفات مختلف ذرت با استفاده از تجزیه تلاقي های دی آلل.

:()

() ()

صفات مطلوب در برنامه های تولید هیبرید می باشد. تکنیک دی آلل ابزار مفیدی جهت حصول به اطلاعاتی درباره نوع عمل ژن در تبیین صفات و پیش بینی دستاوردهای ژنتیکی می باشد. به بیان دیگر تجزیه دی آلل ضمن بهره گیری از اصول ریاضی همچون واریانس و کوواریانس، از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی این اطلاعات مفید را برای بهبود گر نبات

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

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

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 غالیت ژن‌ها نقش مهم و معنی‌داری را در کنترل صفات عملکرد دانه، طول بلال و تعداد ردیف‌های دانه در بلال دارا هستند. اما جزء غالیت 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 غالیت 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 قبلًاً 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 عمدهاً تحت کنترل ژن‌های با اثر افزایشی می‌باشند. در حالیکه ونیو گوپال و همکاران (Venugopal *et al.*, 2002) نقش اثر ژنی غیرافزایشی را در کنترل صفات عملکرد دانه، تعداد روز تا ظهور

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 اراثه شده است. براتی و همکاران (1۳۸۱) 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 غالیت کنترل می‌شوند ولی ژن‌های کنترل کننده تعداد ردیف دانه دارای اثر غالیت نسبی می‌باشند. مفیدیان و همکاران (1۳۸۳) دریافتند که اثر غالیت 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. رامش و همکاران (1۳۷۹) بیان نمودند که برای صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، تعداد برگ، تعداد روز تا ظهور گل تاجی نقش توأم اثرات افزایشی و غالیت در کنترل صفات مزبور با اهمیت یکسان می‌باشد. با این وجود برآورد درجه غالیت بزرگتر از یک برای صفات فوق الذکر حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات می‌باشد.

چوکان (1۳۷۸) نشان داد که هر دو نوع اثر افزایشی و غیر افزایشی 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 (1۳۷۹) 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 (1۳۷۸) اثر افزایشی ژن‌ها را به عنوان منبع اصلی و مهم تغییر‌پذیری برای روزهای تا ظهور گل

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) 47/2-2-1-4-1 و (۷) K19، (۸) K47/2-2-1-3-1-1

در بهار سال ۱۳۸۳ کلیه لاین‌های فوق در شرایط نرمال مزرعه جهت تولید بذر F₁ کشت و در زمان گلدهی بین لاین‌های والدینی بر اساس طرح دی‌آلل 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 گردند 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 مبنای ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار در کنار ردیف‌های کاشت به طور یکنواخت پخش گردید و همزمان با آن عملیات آبیاری صورت گرفت. اولین آبیاری بالافاصله 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 بوتهای ذرت، مجال رشد مجدد و غلبه بر محصول برای علف‌های هرز دیگر فراهم نشد.

گل تاجی، 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 غالیت در کنترل ارتفاع گیاه اشاره نمودند. در حالیکه پول و دbnat (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 غالیت کامل می‌باشد و افزایش ارتفاع بوته توسط ژن‌هایی با اثر فوق غالیت 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 غالیت و اپیستازی می‌باشند، در حالیکه ژن‌های کنترل کننده تعداد ردیف دانه در هر بلال دارای اثرات غالیت 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 کنترل کننده ارتفاع بلال و ارتفاع بوته دارای اثر ژنتیکی افزایشی می‌باشند. بیشترین برآورد توارث پذیری عمومی برای ارتفاع بلال تخمین زده شد (Nawar *et al.*, 1979). دیلون و همکاران (Dhillon *et al.*, 1976) به اهمیت اثر ژنی فوق غالیت و حضور اپیستازی مکمل در توارث عملکرد دانه اشاره نمودند. در عین حال اثر افزایشی ژن‌ها نیز در کنترل زمان گلدهی نقش به سزاوی داشتند. پیوارسی (Piovarci, 1975) نشان داد که صفات عملکرد دانه، طول بلال و تعداد دانه در هر ردیف بلال عمدتاً توسط ژن‌هایی با اثر غالیت کنترل می‌شوند. مطالعه حاضر به منظور بررسی نوع عمل ژن‌های کنترل کننده صفات مورد بررسی و نحوه توزیع آن‌ها در هشت لاین خالص ذرت اجرا گردید.

()

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^۲ و وجود شبیه خط رگرسیون واحد و قادر 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 مصدق پیدا کرد. بنابراین امکان نتیجه گیری 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.

()

برآورده اجزاء ژنتیکی (جدول ۳)، صرفاً اثر غالیست ژن‌ها را در کنترل عملکرد دانه معنی‌دار نشان داد که دلالت بر نقش و تأثیر عمدۀ عمل غیرافزايشی 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 گل تاجی 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 اندازه گیری 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 اندازه گیری و میانگین آن‌ها محاسبه و یادداشت گردید. برای محاسبه عمق دانه در 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 کنترل کننده صفات استفاده گردید. در این روش ابتدا به منظور بررسی صادق بودن و یا نبودن فرضیات مدل، تجزیه و تحلیل گرافیکی و آزمون مقدماتی انجام و در صورت صادق بودن فرضیات مدل، پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات برآورد می‌شود. پس از اطمینان از تحقق شرایط تعیین شده برای تجزیه دی‌آلل، از روش تحلیل گرافیکی هیمن نیز بهره گرفته شد.

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

"تجزیه ژنتیکی صفات مختلف ذرت با استفاده از ..."

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 df.	Mean Squares												میانگین مرباعات Mean squares
		Grain/yield (t/h)	Days to Tasseling	300 Kernel weight	No. of row/ Ear	Kernel No./ row	Kernel depth	Length of ear	Plant height	Ear height	Ear diameter	Leaves		
		عملکرد دانه (تن/ هکتار) آزادی	روزهای تا ظهور گل تاجی	وزن ۳۰۰ دانه	تعداد ردیف دانه در بلال	عمق دانه	طول بلال	ارتفاع بوته	ارتفاع بلال	قطر بلال				
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.

غیر معنی دار

جدول ۲- نتایج آزمون اعتبار فرضیات بعمل آمده توسط هیمن

Table 2. Results of validity test for Hayman Hypotheses

صفات Traits	ضریب رگرسیون Regression coefficient	t ² Test for t ²	b=0 آزمون	b=1 آزمون	والدین حذف شده Deleted parent(s)
			آزمون b=0	آزمون b=1	
Grain yield (t/h)	عملکرد دانه (تن/ هکتار)	B= 0.663 ± 0.143	1.743	4.627	2.356
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
Kernel depth	عمق دانه	B= 0.650 ± 0.147	1.595	4.424	2.378
Length of ear	طول بلال	B= 0.776 ± 0.221	0.352	3.518	1.017
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
Plant height	ارتفاع بوته	B= 0.788 ± 0.153	0.93	5.152	1.383
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 آفل ذرت

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

صفت / پارامتر Traits/ Parameters	عملکرد دانه (تن/مکtar) Grain/yied (t/h)	وزن دانه ۳۰۰ 300 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 /H2	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 _r , 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.

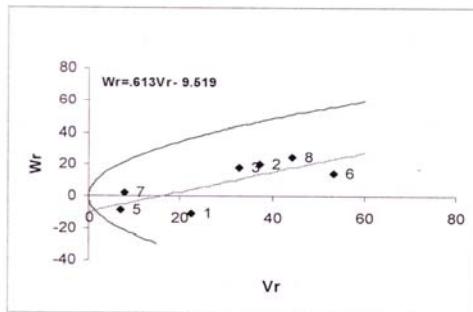
ns: غیر معنی دار

(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 $0/25$ نیز موید این نتیجه می‌باشد. برآورده درجه غالبیت^{۱/۲} (H_1/D) نشان داد که صفت فوق الذکر 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. معنی دار نبودن پارامتر h^2 حاکی از عدم جهت دار بودن غالبیت می‌باشد. محل تلاقی خط رگرسیون با محور W 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 حداقل ژن‌های مغلوب را برای این صفت دارا می‌باشند. بررسی پارامترهای ژنتیکی برآورده شده در کنترل صفت تعداد ردیف دانه در بال (جدول ۳)، تأثیر توأم اثرات ژنی افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورده 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^{۱/۲} (H_1/D) تأیید می‌گردد. مقدار نابرابر پارامترهای برآورده شده H_1 و H_2 بیانگر عدم توزیع متقاضی 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. معنی دار شدن H_1 واریانس h^2 و برآورده کمتر آن نسبت به اجزاء ژنتیک H_1 و H_2 نشان‌دهنده جهت دار 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 KR نیز نشان‌دهنده فراوانی بیشتر ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین می‌باشد، که توسط هی و همکاران (He et al., 2003) و نور و همکاران

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) 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 برآورده کمتر از $0/25$ برای نسبت $H_2/4H_1$ ، اثبات دیگری بر این نتیجه گیری بود. برآورده کمتر جزء افزایشی (D) نسبت به جزء غالبیت (H_1) دلالت بر وجود فوق غالبیت در نحوه عمل ژن‌ها داشت. ضمن اینکه نسبت محاسبه شده آلل‌های غالب به مغلوب در والدین بیشتر بود ضمن اینکه علامت مثبت مقدار F نیز موید همین نتیجه گیری می‌باشد. برآورده 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.

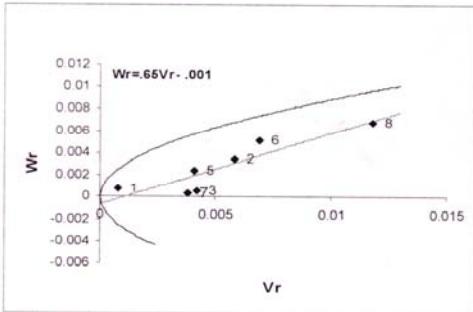
نتایج تجزیه گرافیکی و رسم منحنی W_r/V_r نشان‌دهنده اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت بود (شکل ۱). این نتیجه مطابق نتایج به دست آمده توسط براتی و همکاران (۱۳۸۱)، پیووارسی (Piovarci, 1975)، دیلوون و همکاران (Dhillon et al., 1976) و نوار و همکاران (Nawar et al., 1979) می‌باشد. پراکندگی والدها در طول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

برآورده معنی دار 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.



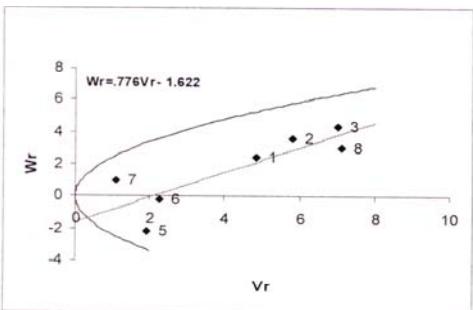
شکل ۴- سهمی محدود کننده Wr/Vr و خط رگرسیون با
پراکنش والدین در اطراف آن برای تعداد دانه در ردیف

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



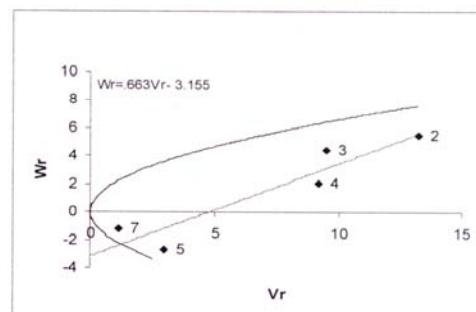
شکل ۵- سهمی محدود کننده Wr/Vr و خط رگرسیون با
پراکنش والدین در اطراف آن برای عمق دانه

Fig. 5. Wr/Vr for kernel depth



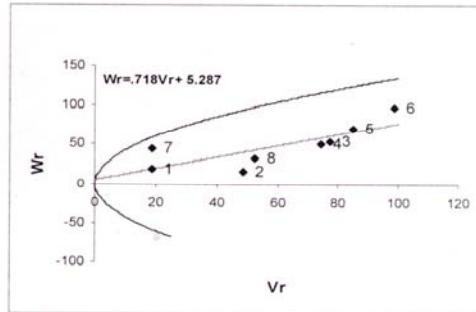
شکل ۶- سهمی محدود کننده Wr/Vr و خط رگرسیون با
پراکنش والدین در اطراف آن برای طول بالال

Fig. 6. Wr/Vr for ear length



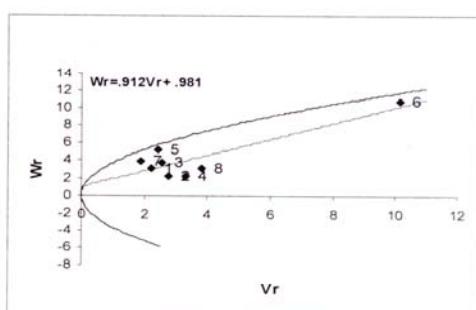
شکل ۱- سهمی محدود کننده Wr/Vr و خط رگرسیون با
پراکنش والدین در اطراف آن برای عملکرد دانه

Fig. 1. Wr/Vr for grain yield



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

Fig. 2. Wr/Vr for 300 grains weight



شکل ۳- سهمی محدود کننده Wr/Vr و خط رگرسیون 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 پیوارسی (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 غالیت 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 میان توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشد. برآورد بیشتر جزء غالیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالیت 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 غالیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزاینده 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 بیان کننده اثر فوق غالیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۶). این نتیجه توسط براتی 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 غالیت (H_1-H_2) واریانس ژنتیکی معنی دار گردیدند که حاکی از نقش و اهمیت هر دو نوع اثر مذکور در کنترل ژنتیکی قطر بلال می‌باشد. برآورد درجه غالیت $(H_1/D)^{1/2}$ نشان داد که صفت

Nawar *et al.*, 1979a) نیز گزارش شده است. ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_r حاکی از وجود رابطه غالیت نسبی ژن‌ها جهت کنترل تعداد ردیف دانه بود (شکل ۳). در این رابطه قبل از نتایج مشابهی توسط براتی 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 میان 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 غالیت 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) موافق دارد. مقدار مثبت (H_1-H_2) و همچنین مقدار محاسبه شده برای اثرات $H_2/4H_1$, جملگی میان توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشد. برآورد بیشتر جزء غالیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالیت 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 غالیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزاینده 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 , بیان کننده اثر فوق غالیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۴). این نتیجه مطابق نتایج به دست

حاکی از وجود رابطه فوق غالیت 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 غالیت ژن‌ها در کنترل این صفت مشخص گردید. برآورد مقدار پائین D از دو جزء دیگر (H_1 و H_2) حاکی از اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفت مذبور می‌باشد. مقدار مثبت (H_1-H_2) و همچنین مقدار محاسبه شده برای نسبت $H_2/4H_1$ ، جملگی میان توزیع نامتقارن آلل‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین می‌باشند. برآورد بیشتر جزء غالیت واریانس ژنتیکی (H_1) نسبت به جزء افزایشی (D)، بیانگر اثر فوق غالیت ژن‌ها می‌باشد که این نتیجه با توجه به نسبت محاسبه شده $^{1/2}(H_1/D)$ 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 غالیت (W_r+V_r) با میانگین والد مشترک، حاکی از افزاینده بودن آلل‌های غالب می‌باشد، همچنین علامت مثبت پارامتر h^2 نیز مؤید همین نتیجه می‌باشد. برآورد مشابهی از متواتر وراشت‌پذیری 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 ، بیان کننده اثر فوق غالیت ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد (شکل ۶). نتایج مشابهی در این مورد توسط براتی و همکاران (۱۳۸۱) و رامئه 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 کنترل کننده صفت ارتفاع بوته (جدول ۳)، عمدتاً حضور اثر غالیت ژن‌ها را در کنترل

فوق الذکر تحت تأثیر غالیت کامل ژن‌ها قرار دارد. محیط نیز نقش معنی‌داری را در تبیین صفت مذبور نشان نمود. مقدار محاسبه شده (KD/KR) بیانگر این بود که برای صفت مذبور در والدھای مورد، بررسی فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از فراوانی آلل‌های مغلوب می‌باشد. ضمن اینکه علامت مثبت مقدار F نیز موید همین نتیجه گیری 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 غالیت 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 برای این صفت دارا می‌باشد.

بررسی صفت عمق دانه نشان داد که (جدول ۳)، صرفاً عمل غالیت ژن‌ها را در کنترل این صفت نقش دارند که با توجه به معنی دار بودن تنها جز غالیت در تبیین این صفت می‌توان نحوه عمل ژن‌ها به صورت فوق غالیت بیان نمود که نتیجه به دست آمده با توجه به مقدار محاسبه شده $^{1/2}(H_1/D)$ 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 $0/25$ 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. ناجیه تماس خط رگرسیون با محور W_r

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 نشان دهنده وجود غالیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد. قبل از 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 حداقل ژن‌های غالب برای این صفت می‌باشد.

بررسی پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده تعداد برگ در بوته (جدول ۳)، تأثیر توام اثرات ژنی افزایشی و غالیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورد کمتر جزء غالیت H_1 نسبت به جزء افزایشی (D) دلالت بر وجود اثر غالیت 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 قبل از 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 ۰/۲۵ برای نسبت $H_2/4H_1$ موید این نتیجه می‌باشد. معنی دار شدن واریانس h^2 و برآورد کمتر آن نسبت به اجزاء ژنتیکی H_1 و H_2 نشان دهنده جهت دار بودن غالیت برای صفت مذکور می‌باشد. مقدار KD/KR نیز نشان دهنده فراوانی علامت منفی مقدار ضریب همبستگی (r) بیانگر افزایشی بودن آلل‌های غالب می‌باشد. ضمن اینکه علامت مثبت بودن آلل‌های غالب می‌باشد، معنی دار شدن پارامتر h_2 نیز میین این نتیجه می‌باشد. ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_r حاکی از وجود رابطه غالیت نسبی ژن‌ها جهت کنترل تعداد برگ بود. توزیع نقاط مربوط به والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که حداقل ژن‌های غالب را لاین‌های شماره ۴، ۷ و ۸ دارا می‌باشند.

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 ۰/۲۵ نیز موید این نتیجه می‌باشد. برآورد درجه غالیت $(H_1/D)^{1/2}$ نشان داد که صفت فوق الذکر تحت تأثیر عمل فوق غالیت ژن‌ها قرار دارد. مقدار محاسبه شده (KD/KR) بیانگر این بود که برای صفت مزبور در والدین 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 غالیت (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 غالیت 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 والدین در طول خط رگرسیون نشان می‌دهد که لاین شماره ۵ حداقل 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 غالیت را در کنترل این صفت نشان می‌دهد. برآورد کمتر جزء غالیت H_1 نسبت به جزء افزایشی (D) دلالت بر وجود اثر غالیت 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 ۰/۲۵ 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 نتیجه گیری می‌باشد. محیط نیز نقش مهمی را در تبیین

مناسب‌تری را برای افزایش و بهبود این صفات دارا می‌باشد. جهت دار بودن غالیت 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 غالیت ژنی (در عملکرد دانه و تعداد دانه در ردیف) بر کارآئی بیشتر این صفات در اصلاح ذرت هیرید 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.

برآورد اجزاء ژنتیکی صفات عملکرد و اجزاء عملکرد دانه نشان داد که در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و عمق دانه، ژن‌های با اثر غالیت 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 غالیت ژن‌ها نقش دارند. در بیشتر صفات مرتبط با عملکرد دانه نقش فوق غالیت ژن‌ها محرز بود که امکان بهره‌برداری از هتروزیس را در والدین مورد بررسی نشان می‌دهد. در این بین لاین‌های ۵، ۶ و ۷ وضعیت

References

- . 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.
- . 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.
- . بررسی ترکیب‌پذیری لاین‌های زودرس ذرت با روش دای‌آل کراس. چکیده مقالات ششمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران. بابلسر، ایران.
- . تجزیه ژنتیکی خصوصیات مرفو‌فولوژیکی در لاین‌های اصلاحی ذرت. چکیده مقالات ششمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران، بابلسر، ایران.
- . برآورد برخی از پارامترهای ژنتیکی در ذرت به روش تلاقی‌های دای‌آل. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۵، شماره ۲، سال ۱۳۸۳، صفحه ۳۴۵-۳۳۷.
- . بررسی میزان ترکیب‌پذیری و آثار سیتوپلاسمی به روش دای‌آل در ذرت. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۰، شماره ۴، صفحه ۷۶۹-۷۶۱.
- . 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, numer 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, member of rows per ear and kernel number per row, length and diameter of ear, leaf number, plant height, dominant genes ware 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.