



Graphical Analysis of Genetic Parameters for Grain Yield Related Traits in Spring Wheat

Saeed Bagherikia¹ | Manoochehr Khodarahmi^{2*} | Habibollah Soughi¹

1- Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran.

2- Seed and Plant Improvement Institute, AREEO, Karaj, Iran.

*Corresponding author : h.soughi@areeo.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:

Received: August 07, 2025;
Received in revised form: November 23, 2025;
Accepted: December 03, 2025;
Available online: December 30, 2025

Keywords:

Additive effect,
Regression,
Gene action,
Overdominance,
Covariance

ABSTRACT

In order to understand the genetic structure of the agronomic traits related to grain yield, seven spring bread wheat cultivars including Shavour, Talaei, Khalil, Baharan, Taktaz, Araz and Arman were planted in a crossing block and direct diallel crosses were performed among the seven cultivars to produce F1 generation. The progenies of the crosses with their parents were evaluated based on a randomized complete block design (RCBD) with three replications at Gorgan agricultural research station in 2023-2024 cropping season. The results showed a significant difference among the genotypes for all the studied traits. Estimation of genetic parameters using Heiman's method showed that the values of dominance variance were significantly greater than that of the additive variance for grain yield, biological yield, 100-kernel weight, number of grains per spike, number of spikelets per spike, spike weight and grain weight per spike. Conversely, the values of additive variance were significantly greater than that of the dominance variance for peduncle length. Also, there was a small difference between the values of dominance and additive variance for the plant height and spike length traits. For biological yield, 100-kernel weight, number of grains per spike and number of spikelets per spike, the proportion of dominant alleles and was greater than the recessive alleles, whereas the proportion of dominant and recessive alleles was equal in the other traits. High broad-sense heritability in grain yield and biological yield and number of grains per spike and their smallish narrow-sense heritability showed a greater share of the dominance effect in controlling these traits. The results of graphical analysis showed that grain yield, biological yield, number of grains per spike, number of spikelets per spike, spike weight and grain weight per spike were controlled with overdominance gene action, 100-kernel weight was controlled with complete dominance gene action and other traits were controlled with incomplete dominance gene action. The study of the distribution of parents around the regression line showed that Shavour, Khalil and Talaei cultivars carried the most dominant genes, whereas Araz and Taktaz cultivars carried the most recessive genes in controlling grain yield and biological yield. These findings suggest that crossing these cultivars could lead to the production of hybrids with improved performance.



Cite this article: Bagherikia, S., Khodarahmi, M. and Soughi, H. (2025). Graphical analysis of genetic parameters for grain yield related traits in spring wheat. *Plant Genetic Research*, 12(2): 39–54.

DOI: <https://doi.org/10.22034/pgr.2025.2084080.1030>



© Author(s) retain the copyright.

Homepage: <https://www.pgr.lu.ac.ir> | Publisher: Lorestan University

Introduction

By progeny trial after a diallel crossing, the function of genes and inheritance of quantitative traits can be estimated. This increases the ability to select parental lines, to participate in crosses, and determines the management of generations in the segregating populations. Hayman's diallel method provides genetic information on allele distribution, degree of dominance, type of gene action, effective gene groups, and heritability. The regression of array covariance (W_r) on array variance (V_r) is used to interpret dominance relationships. Parental dispersion along this regression line graphically reveals the genetic architecture of the studied traits. This study was conducted to estimate heritability and to perform graphical analysis of the genetic parameters of traits affecting grain yield in irrigated wheat, using a 7×7 half-diallel crossing design.

Material and Methods

In order to understand the genetic structure of grain yield and yield components, seven spring bread wheat cultivars including Shavour, Talaei, Khalil, Baharan, Taktaz, Araz and Arman were planted in a crossing block and direct crosses were performed among the seven cultivars to produce F1 generation. The progenies of the crosses with their parents were evaluated based on a randomized complete block design (RCBD) with three replications in Gorgan agricultural research station in 2023-2024 cropping season.

Results and Discussion

The results of this experiment showed a significant difference among the genotypes for all the studied traits. Estimation of genetic parameters using Heiman's method showed that the values of dominance variance were significantly greater than that of the additive variance for grain yield, biological yield, 100-kernel weight, number of grains per spike, number of spikelets per spike, spike weight and grain weight per spike. In contrast, the values of additive variance were significantly greater than the dominance variance for peduncle length. Also, there was a small difference between the values of dominance and additive variance for the plant height and spike length. For biological yield, 100-kernel weight, number of grains per spike and number of spikelets per spike, the proportion of dominant alleles was greater than that of the recessive alleles, while the proportion of dominant and recessive alleles was equal for the other traits. The high broad-sense heritability observed for grain yield (92%) and biological yield (94%) and number of grains per spike (73%), together with their relatively low narrow-sense heritability (45%, 39% and 34, respectively) showed that dominance effects contribute substantially to the genetic control of these traits. Graphical analysis indicated that grain yield, biological yield, number of grains per spike, number of spikelets per spike, spike weight and grain weight per spike are controlled by overdominance gene action, whereas 100-kernel weight is controlled with complete dominance gene action and the remaining traits exhibited incomplete dominance gene action. The distribution of parents genotypes along the regression line indicated that the Shavour, Khalil and Talaei cultivars possess a higher proportion of dominant alleles, whereas the Araz and Taktaz cultivars carry a greater proportion of recessive alleles governing grain yield and biological yield. These findings suggest that crosses among cultivars may produce hybrids with improved performance.

Conclusion

The results of this study revealed that, since non-additive effects play a greater role in determining grain yield, biological yield and yield components, any selection among the progenies should be postponed until more advanced generations. In contrast, traits such as peduncle length, plant height

and spike length can be effectively improved in the early generations. Grain yield was primarily controlled with overdominance gene action, with Shavour, Khalil and Talaei cultivars possessing the highest number of dominant genes influencing this trait.

Author Contributions

Saeed Bagherikia: Conceptualization, Formal analysis, Investigation, Validation, Visualization, Writing- original draft Writing- Review & Editing. Manoochehr Khodarahmi: Supervision, Funding acquisition, Review & Editing. Habibollah Soughi: Conceptualization, Validation, Review & Editing.

Data Availability Statement

The data that support the findings of this study are available from the corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgements

The authors gratefully acknowledge the cooperation of colleagues from the Cereal Crops Project at the Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center.

Ethical Considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

Funding

This work was supported by the Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

تحلیل گرافیکی پارامترهای ژنتیکی از صفات وابسته به عملکرد گندم بهاره

سعید باقری کیا^۱ | منوچهر خدارحمی^۲ | حبیب اله سوقی^{۱*}

۱- بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
۲- مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

چکیده

اطلاعات مقاله

به منظور شناخت ساختار ژنتیکی صفات زراعی وابسته به عملکرد دانه، هفت رقم گندم بهاره نان شامل شاورور، طلایی، خلیل، بهاران، تکتاز، آراز و آرمان در یک بلوک تلاقی کشت شدند و تلاقی‌های دای‌آل مستقیم بین هفت رقم مذکور به منظور تولید نسل F₁ انجام شد. نتایج حاصل از تلاقی به همراه والدین آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ بررسی شدند. نتایج نشان داد که اختلاف ژنوتیپ‌ها در همه صفات مورد بررسی معنی‌دار بود. برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش هیمن نشان داد که در صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، وزن صدانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن دانه در سنبله، مقادیر واریانس غالبیت به‌طور قابل توجهی بیشتر از واریانس افزایشی بود. از طرف دیگر، در صفت طول پدانکل مقدار واریانس افزایشی به‌طور قابل توجهی بیشتر از واریانس غالبیت بود و در صفات ارتفاع بوته و طول سنبله هم مقادیر واریانس غالبیت واریانس افزایشی اختلاف چندانی نداشتند. در صفات عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله نسبت آل‌های غالب بیشتر از آل‌های مغلوب بود در حالی که در سایر صفات نسبت آل‌های غالب و مغلوب برابر بودند. وراثت‌پذیری عمومی بالای صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده و تعداد دانه در سنبله و وراثت‌پذیری خصوصی نسبتاً پایین آن‌ها نشان‌دهنده سهم بیشتر اثر غالبیت در کنترل این صفات بود. تحلیل گرافیکی نشان داد که صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن سنبله تحت کنترل عمل فوق‌غالبیت ژن‌ها، صفت وزن صدانه تحت کنترل غالبیت کامل ژن‌ها و سایر صفات تحت کنترل عمل غالبیت ناقص ژن‌ها بودند. مطالعه پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان داد که ارقام شاورور، خلیل و طلایی بیشترین سهم ژن‌های غالب و ارقام آراز و تکتاز بیشترین سهم ژن‌های مغلوب را در تعیین صفات عملکرد دانه و عملکرد زیست‌توده داشتند. این یافته‌ها حاکی از آن است که تلاقی بین این ارقام می‌تواند به تولید دورگ‌هایی با عملکرد مطلوب‌تر منجر شود.

نوع مقاله:

مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۵/۱۶

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۹/۰۲

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۱۲

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۱۰/۰۹

واژگان کلیدی:

اثر افزایشی،

رگرسیون،

عمل ژن،

فوق‌غالبیت،

کواریانس

مقدمه

طول سنبله و وزن صددانه هم اثر افزایشی و هم اثر غیرافزایشی نقش داشته‌اند (Soughi and Khodarahmi, 2021). سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 2004) با استفاده از طرح دای‌آلل و ارزیابی ژنتیکی صفات روز تا گلدهی، طول دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، تعداد پنجه در بوته، سطح برگ، عملکرد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و عملکرد دانه در گندم نان نشان دادند که در همه صفات به غیر از روز تا گلدهی، اثر غیرافزایشی ژن نقش مهم‌تری دارد. اسحق‌عی شمس‌آبادی و همکاران (Eshaghi Shamsabadi *et al.*, 2019) با بررسی برخی صفات مرفولوژیک در یک آزمایش دای‌آلل گزارش کردند که واریانس غیرافزایشی نقش بیشتری در اکثر صفات ایفا می‌کند. در مطالعه حیدری و همکاران (Heidari *et al.*, 2006) با مطالعه نتاج حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل ۹×۹ گندم، میانگین درجه غالبیت برای صفات تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله‌چه در سنبله از نوع غالبیت نسبی و برای عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزاردانه از نوع فوق‌غالبیت گزارش شد. این پژوهش به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری و تجزیه و تحلیل گرافیکی پارامترهای ژنتیکی صفات مؤثر بر عملکرد دانه در گندم آبی، در قالب یک طرح تلاقی نیمه‌دای‌آلل ۷×۷ اجرا شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور اجرای پژوهش حاضر هفت رقم گندم بهاره نان در یک بلوک تلاقی کشت شد و فقط تلاقی‌های مستقیم بین هفت رقم مذکور به‌منظور تولید نسل F₁ انجام شد. هفت والد به‌همراه ۲۱ نتاج نسل F₁ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ کشت شدند. مشخصات هفت رقم والدی شامل شاوور، طلایی، خلیل، بهاران، تکتاز، آراز و آرمان در جدول ۱ ارائه شده است. محل اجرای آزمایش ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان بود که در پنج کیلومتری شمال گرگان با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه و ۲۵ دقیقه شرقی واقع شده است. در این ایستگاه تحقیقاتی با توجه به آمار بلندمدت ایستگاه هواشناسی، میانگین سالانه درجه حرارت هوا، درصد رطوبت نسبی و مجموع میزان بارندگی به ترتیب ۱۸/۱ درجه سانتی‌گراد، ۷۲/۴ درصد و ۴۸۴/۷ میلی‌متر بود.

عملکرد دانه دارای توارث پیچیده چندژنی است و دارای اجزای مختلفی است که ترکیب مناسبی از این اجزا، عملکرد مطلوب را تعیین می‌کند؛ از این‌رو شناخت ژنتیکی صفات مختلف مرتبط با عملکرد دانه باعث افزایش ضریب موفقیت برنامه‌های به‌نژادی گندم (*Triticum aestivum* L.) می‌شود (Ilker *et al.*, 2009). گندم، یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی جهان است که غذای تعداد زیادی از مردم جهان را تأمین می‌کند، به‌طوری که مقدار قابل‌توجهی از پروتئین، ویتامین‌ها و فیبرهای غذایی را برای بدن فراهم می‌کند (Shewry and Hey, 2015). آگاهی از ماهیت و نحوه توارث و عمل ژن‌ها، باعث افزایش توانایی گزینش لاین‌های والدی جهت شرکت در تلاقی‌ها می‌شود و تعیین‌کننده نحوه پیشبرد و مدیریت نسل‌ها و گزینش در جمعیت‌های در حال تفرق است (Ljubičić *et al.*, 2017). با آزمون نتاج حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل می‌توان عمل ژن‌ها و توارث صفات کمی را برآورد نمود (Rigatti *et al.*, 2018). روش‌های آماری مختلفی به‌منظور درک بهتر صفات مهم زراعی توسعه یافته‌اند.

روش دای‌آلل هیمن (Hayman, 1954) یکی از روش‌های متداول تجزیه دای‌آلل است که اطلاعات ارزشمندی درباره توانایی والدین در انتقال صفات مطلوب زراعی به نتاج در اختیار به‌نژادگر قرار می‌دهد (Makumbi *et al.*, 2018). این روش اطلاعات ژنتیکی مفیدی در خصوص توزیع آلل‌ها، میانگین درجه غالبیت، نوع عمل ژن، تعداد گروه‌های ژنی مؤثر، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی ارائه می‌نماید. همچنین ترسیم برازش کوواریانس ردیف‌ها (Wr) روی واریانس ردیف‌ها (Vr) و پراکنش والد‌ها برای صفات مختلف، اطلاعات گرافیکی است که در اختیار به‌نژادگر قرار می‌گیرد (Makumbi *et al.*, 2018).

مطالعه عمل ژن‌ها و نحوه توارث عملکرد و اجزای عملکرد در تلاقی‌های دای‌آلل در گندم نان توسط سایر محققان نیز مورد بررسی قرار گرفته است (Vanda and Houshmand, 2012; Shehzad *et al.*, 2015; Sadeghzadeh-Ahari *et al.*, 2015; Ljubičić *et al.*, 2017; Khahani *et al.*, 2018). با بررسی یک آزمایش دای‌آلل با شش ژنوتیپ مشخص شده است که در توارث صفات ارتفاع بوته، عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده،

جدول ۱- مشخصات ارقام والدی گندم نان بهاره در این مطالعه

Table 1. Characteristics of bread wheat parental cultivars in this study

شماره No.	نام رقم Cultivar name	شجره Pedigree	اقلیم Climate	ویژگی بارز Key characteristic	میانگین عملکرد Mean yield	سال معرفی Year of release
1	شاوور Shavour	Rsh*2/10120//Zagros	گرم و خشک Hot and dry	99ug نیمه مقاوم زنگ سیاه نژاد Semi-resistant to stem rust (ug99)	3980	2015
2	طلایی Talaei	(TAUS)//BCN/4/WBLL1	معتدل گرم Moderate warm	زودرس و متحمل به کم آبی Early-maturing and tolerant to drought	7121	2017
3	خلیل Khalil	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran	گرم و خشک Hot and dry	مقاوم به خوابیدگی Lodging-resistant	5832	2016
4	بهاران Baharan	KAUZ/PASTOR//PBW343	معتدل Moderate	زودرس و متحمل به کم آبی Early-maturing and tolerant to drought	5144 [#]	2014
5	تکتاز Taktaz	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92	گرم و مرطوب Hot and humid	زودرس و مناسب کشت تاخیری Early-maturing and suitable for late sowing	6047	2021
6	آراز Araz	CROC-1/AE.TA(WX-224)//OPATA-M-85/3/PASTOR	گرم و مرطوب Hot and humid	تحمل نسبی به خشکی و گرما Early-maturing and suitable for late sowing	6232	2021
7	آرمان Arman	PBW343/TONI//TROST/3/SOVA	گرم و مرطوب Hot and humid	مقامت قابل قبول به بیماری های قارچی Acceptable resistance to fungal diseases	6073	2021

[#] میانگین عملکرد در شرایط تنش خشکی انتهایی فصل بوده است

[#]The mean performance was measured terminal drought stress conditions

1954) بر اساس دستور پیشنهادی مکومی و همکاران (Makumbi *et al.*, 2018) در نرم افزار SAS (نسخه ۹/۴) انجام شد. پارامترهای مربوط به اثرات ژنی افزایشی (D) و غالبیت (H) و همچنین توزیع ژن ها (F) طبق روابط زیر محاسبه شدند:

$$D = 4 \sum uvd^2$$

$$H_1 = 4 \sum uvh^2$$

$$H_2 = 16 \sum u^2v^2h^2$$

$$F = 8 \sum uv(u-v)dh$$

که در این روابط u و v به ترتیب فراوانی آلل های افزایشی و کاهش دهنده هستند و $u+v=1$ است. d نشان دهنده سهم ژن در واریانس ژنتیکی افزایشی است و h اختلاف بین مقدار هتروزیگوت و میانگین هوموزیگوت ها را نشان می دهد (Hayman, 1954). به منظور بررسی صحت فرضیات اصلی تجزیه دای آلل به روش هیمن، تجزیه واریانس برای مقادیر W_r+V_r و W_r-V_r انجام گردید.

نتایج و بحث

نتایج جدول تجزیه واریانس داده ها نشان داد که ژنوتیپ ها در همه صفات مورد بررسی از نظر آماری اختلاف معنی دار داشتند (جدول ۲). این امر بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ های مورد مطالعه و امکان گزینش بین آن ها بود؛ بنابراین در بین نتایج حاصل از این تلاقی ها می توان اقدام به گزینش ژنوتیپ های برتر با استفاده از پدیده هتروزیس نمود (Golparvar *et al.*, 2011;).

عملیات آماده سازی زمین شامل شخم، دیسک، لولر و ایجاد فارو و کاشت آزمایش در آذرماه انجام گرفت. میزان کودهای شیمیایی مصرفی در هر مرحله رشدی گیاه بر اساس خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه تعیین شد. هر کدام از ۲۱ نتاج F_1 و ۷ والد (در مجموع ۲۸ ژنوتیپ) در دو خط دو متری و روی یک پشته با فاصله ۶۰ سانتی متر از یکدیگر کشت شدند. به منظور کنترل علف های هرز پهن برگ و باریک برگ از علف کش آتلانتیس (Atlantis) با غلظت ۱/۵ لیتر در هکتار در مرحله پنجه زنی استفاده شد.

در مرحله رسیدگی فیزیولوژیک، برداشت کرت های آزمایشی به روش دستی صورت گرفت و ده صفت مورفولوژیک شامل ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، عملکرد زیست توده، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن صد دانه اندازه گیری شد. اندازه گیری صفات مورد مطالعه بر اساس برداشت تصادفی و جداگانه ۱۰ بوته از هر کرت انجام شد، به طوری که از هر خط کاشت، پنج بوته برداشت گردید.

نرمال بودن خطاهای آزمایشی با آزمون کولموگوروف-اسیمرنوف (Kolmogorov-Smirnov) بر روی باقی مانده ها (Residuals) با استفاده از نرم افزار SPSS (نسخه ۲۶) مورد آزمون قرار گرفت. تجزیه دای آلل به روش هیمن (Hayman,

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات زراعی، Vr+Wr، Wr-Vr و آزمون t برای شیب‌خط رگرسیون در ژنوتیپ‌های گندم نان در تلاقی دای‌آل

Table 2. Analysis of variance of agronomic traits, Wr-Vr, Wr +Vr and t-test for the regression slope in bread wheat genotypes in a diallel cross design

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات									
		Mean Square									
S.O.V	Df	عملکرد دانه	عملکرد زیست‌توده	وزن صدانه	تعداد دانه در سنبله	تعداد سنبلیچه در سنبله	طول پدانکل	ارتفاع بوته	طول سنبله	وزن سنبله	وزن دانه در سنبله
		GYP [#]	BIP	HKW	NGS	NSS	PDL	PLH	SPL	SPW	GWP
بلوک	2	9.92 ^{ns}	13.48 ^{ns}	0.10*	56.53*	1.43 ^{ns}	0.96 ^{ns}	0.35 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.20 ^{ns}	0.02 ^{ns}
ژنوتیپ	27	48.46*	236.50**	0.32**	51.54**	2.12*	23.43**	61.56**	1.11**	0.14*	0.10*
خطا	54	3.66	17.77	0.03	17.04	1.06	3.23	5.71	0.25	0.07	0.05
ضریب تغییرات (درصد)		13.37	8.82	4.21	8.46	5.17	5.16	2.69	4.07	8.50	9.82
CV (%)											
Wr-Vr	1	87.88*	87.28 ^{ns}	0.04*	14.36 ^{ns}	0.14 ^{ns}	16.61*	27.61 ^{ns}	0.04*	0.09 ^{ns}	0.01 ^{ns}
Wr+Vr	1	883.98 ^{ns}	772.40 ^{ns}	0.08 ^{ns}	778.38**	0.05 ^{ns}	50.18 ^{ns}	79.34 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.05 ^{ns}
ضریب رگرسیون = ۱		1.65 ^{ns}	1.97 ^{ns}	0.97 ^{ns}	1.60 ^{ns}	1.57 ^{ns}	1.48 ^{ns}	2.01 ^{ns}	1.34 ^{ns}	1.77 ^{ns}	2.13 ^{ns}
H0: $\beta = 1: t$											

*, **, و ^{ns}: به ترتیب معنی‌دار در سطح ۵٪ و ۱٪ و غیر معنی‌دار

*, ** and ^{ns}: Significant at 5% and 1% probability levels and non-significant, respectively.

[#] GYP: Grain yield per plant, BIP: Biomass yield per plant, HKW: Hundred-kemel weight, NGS: Number of grains per spike, NSS: Number of spikelets per spike, PDL: Peduncle length, PLH: Plant height, SPL: Spike Length, SPW: Spike weight, GWP: Grains weight per spike.

بر اساس روش هیمن منبع b به اجزاء b1, b2 و b3 تفکیک گردید. جزء b1، در صفات زیست توده، وزن صددانه، طول سنبله و وزن سنبله معنی دار بود. جزء b1 مقایسه بین میانگین والدین در برابر میانگین تلاقی‌ها است (متوسط اثر هتروزیس) و نشان‌دهنده غالبیت جهت‌دار است (Sharma, 1998). جزء b2 هم در همه صفات مورد مطالعه به جزء تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله معنی دار بود. این جزء تعیین‌کننده غالبیت یا هتروزیس خاص مرتبط با هر والد بوده و معنی دار شدن آن در صفات مذکور تفاوت در فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین و برتری تلاقی‌ها نسبت به والد‌ها را نشان می‌دهد. همچنین جزء b3 در تمامی صفات به جزء وزن سنبله و وزن دانه در سنبله معنی دار بود. این جزء بیشترین سهم از غالبیت را به خود اختصاص می‌دهد و معادل مقدار قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در روش گریفینگ است (Sharma, 1998; Moghaddam and Amiri Oghan, 2010). برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مختلف در جدول ۴ ارائه شده است. واریانس افزایشی (D) در صفات وزن صددانه، طول پدانکل، ارتفاع بوته و طول سنبله معنی دار بود. آماره‌های H1 (واریانس غالبیت) و H2 (جزء عدم تقارن واریانس غالبیت) در تمامی صفات مورد بررسی به‌جزء طول پدانکل معنی دار بود. مقادیر واریانس غالبیت (H1) در صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله به‌طور قابل‌توجهی بیشتر از واریانس افزایشی (D) بود. از طرف مقابل در صفت طول پدانکل مقدار واریانس افزایشی (D) به‌طور قابل‌توجهی بیشتر از واریانس غالبیت (H1) بود. در صفات ارتفاع بوته و طول سنبله هم مقدار واریانس غالبیت (H1) و واریانس افزایشی (D) اختلاف چندانی نداشتند (جدول ۴). این یافته‌ها نشان می‌دهد در اکثر صفات سهم واریانس غیرافزایشی بیشتر از واریانس افزایشی است که این موضوع بیانگر اهمیت اثرات غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی اکثر صفات مورد بررسی است.

اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها در سایر مطالعات دای‌آلل در گندم گزارش شده است (Vanda and Houshmand, 2012; Mohammadi and Roustae, 2015; Soughi and Khodarahmi, 2021; Bagherikia *et al.*, 2022). با توجه به معنی‌دار بودن ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه انجام تجزیه‌ها و برآورد خصوصیات ژنتیکی به روش تجزیه دای‌آلل (هیمن) امکان‌پذیر بود. در ادامه، به‌منظور بررسی صحت فرضیات اصلی تجزیه دای‌آلل به روش هیمن، تجزیه واریانس برای مقادیر W_r+V_r و W_r-V_r انجام گردید. کفایت مدل افزایشی-غالبیت با توجه به غیرمعنی‌دار شدن آزمون F حداقل برای یکی مقادیر W_r+V_r و W_r-V_r در صفات مختلف تأیید شد (جدول ۲)؛ به‌عبارت دیگر برای کلیه صفات مورد بررسی، صحت عدم وجود پیوستگی ژنی و اثرات متقابل بین مکان‌های ژنی حداقل با یکی از روش‌ها برقرار بود. با این حال برای صفات عملکرد دانه، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله طول پدانکل و طول سنبله وجود پیوستگی ژنی و اثرات متقابل بین مکان‌های ژنی را نمی‌توان کاملاً منتفی دانست. نتایج حاصل از تجزیه واریانس بر اساس روش پیشنهادی هیمن در جدول ۳ نشان داده شده است. منبع a که برآوردی از واریانس افزایشی و ترکیب‌پذیری عمومی است، برای صفات عملکرد دانه، زیست‌توده، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل، ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله معنی‌دار بود که بیانگر اهمیت اثرات افزایشی در توارث صفات مذکور است. همچنین منبع b که برآوردی از واریانس غالبیت (مربوط به تفاوت‌های بین دورگ‌ها و والدین) و ترکیب‌پذیری خصوصی است، برای صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، طول پدانکل و ارتفاع بوته معنی‌دار بود که نشان‌دهنده اهمیت اثرات غیرافزایشی در توارث صفات مذکور است. این نتایج با یافته‌های سایر پژوهشگران مبنی بر وجود اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم مطابقت دارد (Sadeghi, 2014; Mohammadi *et al.*, 2017; Bagherikia *et al.*, 2022).

وراثت‌پذیری عمومی و وراثت‌پذیری خصوصی در صفت طول سنبله به‌ترتیب ۷۹ و ۶۰ درصد بود که نشان‌دهنده سهم قابل‌توجه واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت در کنترل این صفت است. همچنین وراثت‌پذیری عمومی و وراثت‌پذیری خصوصی در صفت طول پدانکل به‌ترتیب ۸۶ و ۷۳ درصد برآورد شد که نشان‌دهنده نقش بیشتر اثرات افزایشی در توارث این صفت است. با توجه به تأثیر مثبت طول پدانکل در پر شدن دانه‌ها در شرایط تنش خشکی (Okuyama *et al.*, 2005) می‌توان از این صفت در برنامه‌های اصلاحی تحت تنش خشکی استفاده کرد.

وزن صدانه یکی از اجزای مهم عملکرد گندم بوده و تحت تأثیر خصوصیات ژنتیکی گیاه از نظر پتانسیل تولید تعداد دانه در سنبله، رقابت دانه‌ها به‌عنوان مخازن اصلی گیاه، طول دوره پر شدن دانه و شرایط محیطی قبل و بعد از گرده‌افشانی و اثرات متقابل آن‌ها دارد (Shanahan *et al.*, 1984). در صفت وزن صدانه وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به‌ترتیب ۹۰ درصد و ۵۸ درصد مشاهده شد که نشان‌دهنده سهم اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت است (جدول ۴). در مورد وزن صدانه گزارش‌های متناقضی وجود دارد در برخی مطالعات عمل‌گالیبیت ژن‌ها برای کنترل این صفت گزارش شده است (Golparvar *et al.*, 2011; Rashid *et al.*, 2017; Mohammadi *et al.*, 2012; *et al.*) در حالی که در برخی دیگر از مطالعات بیشتر روی عمل‌افزایشی ژن‌ها تأکید شده است (Soughi, 2006; Heidari *et al.*, 2021). (and Khodarahmi, 2021)

وراثت‌پذیری عمومی بالای عملکرد دانه (۹۲ درصد)، عملکرد زیست‌توده (۹۴ درصد) و تعداد دانه در سنبله (۷۳ درصد) و در مقابل وراثت‌پذیری خصوصی نسبتاً پایین آن‌ها (به‌ترتیب ۴۵، ۳۹ و ۳۴ درصد) نشان‌دهنده سهم بیشتر اثر غالبیت در تعیین این صفات است. مطابق با نتایج ما، در سایر مطالعات دای‌آلل گندم نیز میزان بالایی از وراثت‌پذیری عمومی در عملکرد دانه گندم گزارش شده است (Heidari *et al.*, 2006; Sadeghzadeh-Ahari *et al.*, 2018; Bagherikia *et al.*, 2023).

سهم بیشتر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه (Baloch *et al.*, 2016)، وزن صدانه و عملکرد دانه (Golparvar *et al.*, 2011)، تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه و وزن صدانه (Mousavi *et al.*, 2006) در سایر مطالعات دای‌آلل گندم نیز گزارش شده است. به‌طور کلی هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش داشتند. این نتایج با گزارش‌های سایر پژوهشگران نیز مطابقت داشت (Cemal *et al.*, 2009; Sadeghi *et al.*, 2014). میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F) برای صفات عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله معنی‌دار بود. به‌عبارتی در صفات مذکور نسبت فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از آلل‌های مغلوب بوده است. در سایر صفات شامل عملکرد دانه، وزن صدانه، طول پدانکل، ارتفاع بوته، طول سنبله و وزن دانه در سنبله فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برابر بود (F=0) و نسبت ژن‌های غالب و مغلوب برابر با یک). بیشترین مقادیر درجه غالبیت به‌ترتیب مربوط به تعداد دانه در سنبله (۴/۱۶) و وزن دانه در سنبله (۳/۵۵)، تعداد سنبلچه در سنبله (۲/۸۳)، عملکرد دانه (۲/۶۴) و عملکرد زیست‌توده (۲/۶۱) بود (جدول ۴) که مبین وجود فوق‌غالبیت برای ژن‌های کنترل‌کننده این صفات بود.

وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفت ارتفاع بوته به‌ترتیب ۸۹ درصد و ۶۴ درصد بود (جدول ۴) که در گروه با وراثت‌پذیری بالا طبقه‌بندی شد. در واقع توارث عمومی بالای ارتفاع بوته که حاکی از تأثیر نسبتاً کم عوامل محیطی بر این صفت و کارایی‌گزینش مستقیم برای آن است. به‌عبارتی گزینش در نسل‌ها اولیه می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد. در سایر مطالعات روی گندم نان، قابلیت وراثت‌پذیری خصوصی و عمومی بالایی برای ارتفاع بوته گزارش شده است (Tousi *et al.*, 2008; Mojarrad, and Ghannadha., 2008; Soughi, and Khodarahmi., 2021; Bagherikia *et al.*, 2023).

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات زراعی گندم نان بر اساس روش دای آلل هیمن

Table 3. Analysis of variance for agronomic traits of bread wheat based using Hyman's diallel method

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean Square									
		عملکرد	عملکرد	وزن	تعداد دانه	تعداد سنبلیچه	طول	ارتفاع	طول	وزن	وزن دانه
		دانه GYP#	زیست توده BIP	صددانه HKW	در سنبله NGS	در سنبله NSS	پدانکل PDL	بوته PLH	سنبله SPL	سنبله SPW	در سنبله GWP
اثر افزایشی (a) Dditive effect (a)	6	138.63**	338.28**	0.89**	55.86**	2.10 ^{ns}	33.75**	97.72**	1.71**	0.30**	0.24**
اثر غالبیت (b) Dominance effect (b)	21	22.70**	207.42**	0.16**	50.32**	2.13*	20.47**	51.24**	0.94**	0.09 ^{ns}	0.06 ^{ns}
اثر غالبیت جهت دار (b1) Directional dominance (b1)	1	13.42 ^{ns}	135.47**	0.49**	6.89 ^{ns}	0.01 ^{ns}	4.37 ^{ns}	0.10 ^{ns}	1.62*	0.26**	0.01 ^{ns}
اثر تقارن ژنهای غالب و مغلوب (b2) Ambidirectional dominance (b2)	6	27.87**	256.33**	0.11**	58.10**	1.48 ^{ns}	9.99*	13.16*	0.86**	0.07 ^{ns}	0.07 ^{ns}
اثر باقیمانده غالبیت (b3) Residual dominance (b3)	14	21.15**	191.60**	0.15**	50.10**	2.56*	26.12**	71.21**	0.93**	0.09 ^{ns}	0.06 ^{ns}
خطا Error	54	3.66	17.77	0.03	17.04	1.06	3.23	5.71	0.25	0.07	0.05

*، ** و ^{ns}: به ترتیب معنی دار در سطح ۵٪ و ۱٪ و غیر معنی دار

*، ** and ns: Significant at 5% and 1% probability levels and non-significant, respectively.

GYP: Grain yield per plant, BIP: Biomass yield per plant, HKW: Hundred-kemel weight, NGS: Number of grains per spike, NSS: Number of spikelets per spike, PDL: Peduncle length, PLH: Plant height, SPL: Spike Length, SPW: Spike weight, GWP: Grains weight per spike.

جدول ۴- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات زراعی گندم نان با استفاده از روش هیمن

Table 4. Estimation of genetic parameters for agronomic traits of bread wheat based using Hyman's diallel method

پارامتر Parameter	عملکرد دانه GYP [#]	عملکرد زیست‌توده BIP	وزن صددانه HKW	تعداد دانه در سنبله NGS	تعداد سنبلچه در سنبله NSS	طول پدانکل PDL	ارتفاع بوته PLH	طول سنبله SPL	وزن سنبله SPW	وزن دانه در سنبله GWP
واریانس افزایشی (D) Additive variation	5.34 ^{ns}	41.17 ^{ns}	0.09 ^{**}	2.91 ^{ns}	0.26 ^{ns}	10.06 ^{**}	20.79 ^{**}	0.36 ^{**}	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}
میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F) Mean covariance of additive and dominance effects	0.00 ^{ns}	34.67 [*]	0.00 ^{ns}	2.25 [*]	0.72 [*]	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}
واریانس غالبیت (H ₁) Dominance variation	37.23 ^{**}	281.18 ^{**}	0.18 ^{**}	50.61 ^{**}	2.14 ^{**}	4.56 ^{ns}	20.69 ^{**}	0.47 ^{**}	0.12 ^{**}	0.02 ^{**}
جزء عدم تقارن واریانس غالبیت (H ₂) Dominance component indicating asymmetry of positive and negative effects	28.08 [*]	211.94 [*]	0.14 ^{**}	35.26 ^{**}	1.04 ^{**}	3.81 ^{ns}	18.49 ^{**}	0.34 ^{**}	0.11 ^{**}	0.03 ^{**}
اثر کلی غالبیت در مکان‌های هتروزیگوت (h ₂) Overall mean dominance effect of heterozygous loci	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.06 ^{ns}	3.03 [*]	9.80 ^{**}	0.00 ^{ns}	0.03 ^{**}	0.00 ^{ns}
واریانس محیطی (E) Environmental variation	1.29	5.87	0.01	6.15	0.36	1.05	1.84	0.08	0.02	0.02
میانگین درجه غالبیت Mean degree of dominance	2.64	2.61	1.40	4.16	2.83	0.67	0.89	1.14	-	3.55
نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین Proportion of dominant and recessive genes in parents	1.00	1.38	1.00	1.20	2.81	1.00	1.00	1.00	-	1.00
تعداد گروه‌های ژنی با رفتار غالب Number of groups of genes which control the character and exhibit dominance	0.01	0.00	0.00	0.00	0.06	0.79	0.53	0.00	0.28	0.00
وراثت‌پذیری عمومی Broad-sense heritability	0.92	0.94	0.90	0.73	62	0.86	0.89	0.79	0.56	0.29
وراثت‌پذیری خصوصی Narrow-sense heritability	0.45	0.39	0.58	0.34	34	0.73	0.64	0.60	0.04	0.02

*، ** و ^{ns}: به ترتیب معنی‌دار در سطح ۵٪ و ۱٪ و غیر معنی‌دار

*، ** and ns: Significant at 5% and 1% probability levels and non-significant, respectively.

[#] GYP: Grain yield per plant, BIP: Biomass yield per plant, HKW: Hundred-kernel weight, NGS: Number of grains per spike, NSS: Number of spikelets per spike, PDL: Peduncle length, PLH: Plant height, SPL: Spike Length, SPW: Spike weight, GWP: Grains weight per spike.

شکل ۱ برازش کوواریانس ردیف‌ها (Wt) روی واریانس ردیف‌ها (Vt) و پراکنش والدها را برای صفات مورد بررسی نشان می‌دهد. مقادیر شیب خط رگرسیون در هیچ‌یک از صفات، تفاوت معنی‌داری با یک نداشت (جدول ۲). موقعیت خط رگرسیون و نحوه پراکنش والدها در اطراف این خط اطلاعات مفیدی را ارائه می‌کند. چنانچه خط رگرسیون از مرکز مختصات عبور نماید، دلالت بر وجود غالبیت کامل دارد در حالی که اگر خط رگرسیون محور کوواریانس را در بالا یا در پایین مرکز مختصات قطع کند به ترتیب نشان‌دهنده عمل غالبیت نسبی و فوق‌غالبیت ژن‌ها است (Makumbi et al., 2018).

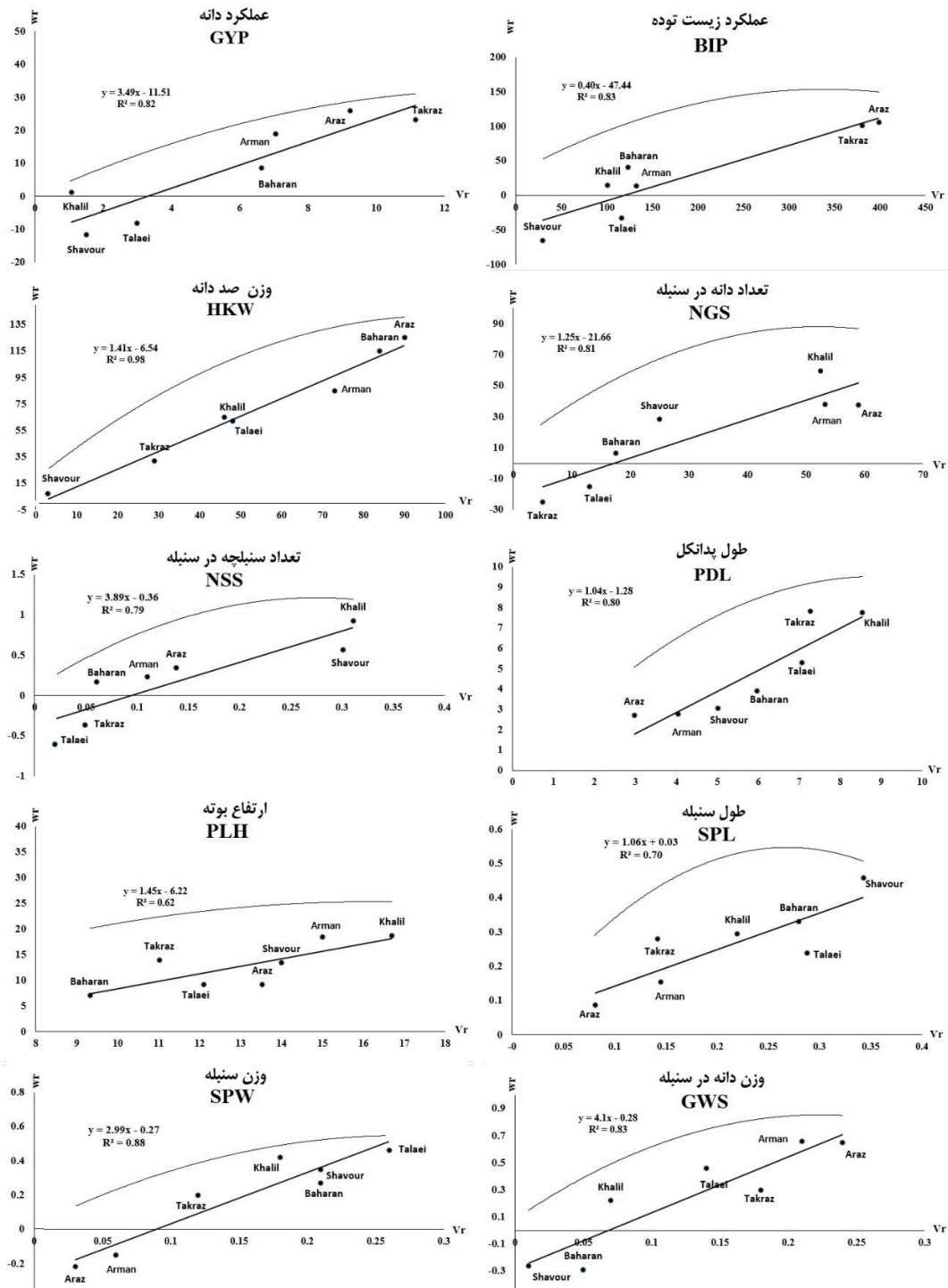
نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی نشان داد (شکل ۱) که در صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در سنبله، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله خط رگرسیون محور کوواریانس را در پایین مرکز مختصات قطع نمود که بیان‌کننده اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد؛ اما در صفات طول پدانکل، ارتفاع بوته و طول سنبله خط رگرسیون محور کوواریانس را بالاتر از مرکز مختصات قطع نمود که گویای وجود اثر غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت می‌باشد.

وجود اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها در صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در سنبله توسط سایر محققان نیز گزارش شده است (Vanda, M. and Houshmand, 2012; Nagar et al., 2018; Bagherikia et al., 2022). در صفت وزن صددانه خط رگرسیون از مرکز مختصات عبور کرد (شکل ۱) که نشان‌دهنده غالبیت کامل در این صفات است. به‌طور کلی جهت بهبود صفاتی که تحت کنترل غالبیت ژن‌ها قرار دارند می‌توان از روش‌های به‌نژادی مبتنی بر گزینش و تولید هیبرید استفاده کرد.

پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون بیانگر فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب می‌باشد، به این ترتیب که والدی که حاوی ژن‌های غالب بیشتر است در پایین و نزدیک مرکز مختصات و والدی که حاوی ژن‌های مغلوب بیشتر است در نقطه مقابل قرار می‌گیرد و بدیهی است که تلاقی بین این ژنوتیپ‌ها می‌تواند منجر به تولید دورگ‌های مناسب‌تری شود. پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون در صفات عملکرد

دانه و عملکرد زیست‌توده نشان داد که ارقام آراز و تکتاز در دورترین نقطه نسبت به محل برخورد خط رگرسیون با محور Wt قرار گرفته است. در نتیجه ارقام مذکور برای صفات عملکرد دانه و عملکرد زیست‌توده حامل بیشترین تعداد ژن‌های مغلوب بود. از طرف مقابل ارقام شاورور، خلیل و طلایی در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wt قرار داشتند و دارای ژن‌های غالب بیشتری برای کنترل صفات مذکور بودند. در صفت وزن صددانه بیشترین فاصله از مبدأ مربوط به والد ارقام آراز و بهاران و کمترین فاصله از مبدأ مربوط به والد رقم شاورور بود؛ بنابراین چنین استنباط می‌شود که ارقام آراز و بهاران بیشترین آلل مغلوب و رقم شاورور بیشترین آلل غالب را برای صفت وزن صددانه دارند. پراکنش والدین برای صفات تعداد سنبله در سنبله، طول پدانکل و ارتفاع بوته در امتداد خط رگرسیون نشانگر بیشترین ژن‌های مغلوب برای رقم خلیل بود. در صفت تعداد سنبله در سنبله، ارقام طلایی و تکتاز، در صفت طول پدانکل ارقام آراز و آرمان و در صفت ارتفاع بوته رقم بهاران حداکثر ژن‌های غالب را داشتند. در صفت طول سنبله و وزن سنبله ارقام آراز و آرمان در نزدیک‌ترین فاصله از مبدأ مختصات قرار گرفته و دارای ژن‌های غالب بیشتری بودند در حالی ارقام شاورور، طلایی و بهاران فاصله دورتری از مبدأ مختصات داشتند و دارای آلل‌های مغلوب بیشتری بودند.

در نمودار پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون در صفات عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در سنبله مشخص شد که بیشتر والدین در نزدیکی مبدأ مختصات قرار گرفته‌اند که نشان‌دهنده این است که این صفات به‌صورت کلی توسط ژن‌های غالب کنترل می‌شوند. این نتیجه توسط مقادیر بالای آماره میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F) و آماره نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در جدول ۴ تأیید می‌شود. در حالی که در سایر صفات، والدین در طول خط رگرسیون پراکنش پیدا کرده‌اند که نشان‌دهنده برابری نسبت ژن‌های غالب و مغلوب و مقادیر صفر آماره میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت (F) است. به این ترتیب انتظار می‌رود برای تمامی صفات مورد بررسی تلاقی بین لاین‌های ابتدا و انتهای خط رگرسیون منجر به تولید ژنوتیپ دورگی با بیشترین هتروزیگوتی در صفت مورد نظر شود.



شکل ۱- خطوط رگرسیون W_r روی V_r برای صفات زراعی گندم نان
Figure 1. The V_r/W_r regression lines for agronomic traits of bread wheat

Kumar *et al.*, 2015; Nagar *et al.*, 2018;) کنترل می‌شود (Hama Amin and Towfiq, 2019; Kumar *et al.*, 2019; Ojaghi and) (Pourali *et al.*, 2024). اجاقی و آخوندوا

در گزارش‌های متعددی با استفاده از تجزیه دای آلل با مطالعه نحوه توارث عملکرد دانه مشخص شده است که عملکرد دانه و اجزای آن در گندم نان بیشتر توسط ژن‌های غیرافزایشی

دانه در سنبله بیشتر از واریانس واریانس افزایشی (D) بود؛ بنابراین، گزینش در بین نتایج تلاقی‌های مختلف بهتر است تا نسل‌های پیشرفته ادامه یابد. در مقابل، در صفت طول پدانکل، مقدار واریانس افزایشی (D) به‌طور قابل توجهی بیشتر از واریانس غالبیت (H1) بود. برای صفات ارتفاع بوته و طول سنبله، اختلاف بین واریانس غالبیت (H1) و واریانس افزایشی (D) چندان قابل توجه نبود (جدول ۴)؛ بنابراین، بهبود ژنتیکی صفات طول پدانکل، ارتفاع بوته و طول سنبله می‌تواند در نسل‌های مقدماتی‌تر انجام شود. نتایج پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون نشان داد (شکل ۱) که در صفات عملکرد دانه و عملکرد زیست‌توده ارقام شاور، خلیل و طلایی دارای بیشترین ژن‌های غالب بودند در حالی که ارقام آراز و تکتاز حامل بیشترین تعداد ژن‌های مغلوب بودند. این یافته‌ها حاکی از آن است که تلاقی بین این ارقام می‌تواند به تولید دورگ‌هایی با عملکرد مطلوب‌تر منجر شود. هتروزیس مشاهده‌شده برای عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و وزن دانه در سنبله ناشی از عمل فوق‌غالبیت ژن‌ها بود. لازم به ذکر است که ارزیابی نتایج و والدین در این مطالعه در یک سال و یک مکان انجام شد. با توجه به تأثیر محیط بر بروز و شدت اثرات ژنتیکی، بررسی صفات در سال‌ها و محیط‌های مختلف می‌تواند به ارائه برآوردهای دقیق‌تر و پایدارتر پارامترهای ژنتیکی کمک کند.

سپاسگزاری

این پژوهش با حمایت مالی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر انجام شده است. از همکاران پروژه غلات در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان به جهت همکاری صمیمانه آن‌ها در انجام این پژوهش تقدیر و تشکر می‌شود.

(Akhundova, 2010) گزارش کردند که عملکرد دانه، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد پنجه در بوته بیشتر توسط اثرات فوق‌غالبیت کنترل می‌گردند. در مطالعه صادقی (Sadeghi, 2014) نیز سهم اثرات غیرافزایشی برای دو صفت تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه برتری نشان داده است؛ اما برخلاف نتایج تحقیق حاضر، سهم بیشتر واریانس افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی تعداد دانه در سنبله (Ojaghi and Akhundova, 2010)، وزن صدانه (Soughi and Khodarahmi, 2021) و عملکرد دانه در بوته (Golparvar *et al.*, 2011)، نیز گزارش شده است. دلیل این تضاد در نتایج، احتمالاً به ماهیت ژنتیکی متفاوت ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تحقیقات مختلف برمی‌گردد (Sadeghzadeh-Ahari *et al.*, 2018).

گزارش‌های متناقض درباره نحوه کنترل ژنتیکی و نوع عمل ژن‌ها در برخی صفات عمدتاً ناشی از پیچیدگی معماری ژنتیکی این صفات است. این صفات چندژنی و به‌شدت وابسته به زمینه ژنتیکی والدین، نسل مورد بررسی و شرایط محیطی هستند؛ به‌طوری‌که در برخی تلاقی‌ها و به‌ویژه در نسل‌های اولیه، اثر غالبیت ژن‌ها برجسته‌تر ظاهر می‌شود، در حالی که در نسل‌های پیشرفته‌تر و شرایط محیطی پایدار، اثرات افزایشی قابل تثبیت نقش پررنگ‌تری دارند. علاوه بر این، وجود اثرات متقابل اپیستازی، اثرات متقابل ژنوتیپ \times محیط و تفاوت در روش‌ها و مدل‌های آماری مورد استفاده می‌تواند باعث برآورد متفاوت پارامترهای ژنتیکی شود؛ بنابراین، اختلاف نتایج مطالعات مختلف بازتابی از تنوع مواد ژنتیکی، شرایط آزمایشی و رویکردهای تحلیلی بوده و نشان‌دهنده پیچیدگی کنترل ژنتیکی این صفات است.

نتایج این پژوهش نشان داد که مقادیر واریانس غالبیت (H1) برای صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، وزن صدانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و وزن

References

- Bagherikia, S., Soughi, H. and Khodarahmi, M. (2022). Genetic analysis of grain yield and yield components in bread wheat using Hayman's diallel method. *Journal of Crop Breeding*, 14: 1-9 (In Persian). <https://doi.org/10.52547/jcb.14.41.1>
- Bagherikia, S., Soughi, H. and Khodarahmi, M. (2023). Genetic analysis of yield and yield related traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under complete irrigation and drought stress in reproductive phase conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16: 1139-1152 (In Persian).

- Baloch, M.J., Channa, G.M., Jatoi, W.A., Baloch, A.W., Rind, I.H., Arain, M.A. and Keerio, A.A. (2016). Genetic characterization in 5×5 diallel crosses for yield traits in bread wheat. *Sarhad Journal of Agriculture*, 32: 127-133. <https://doi.org/10.17582/journal.sja/2016/32.3.127.133>
- Cemal, Y., Faheem Shehzeol, B. and Hakan, O. (2009). Genetic analysis of some physical properties of bread wheat grain. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 33: 525-535.
- Eshaghi Shamsabadi, E., Sabouri, H., Soughi, H. and Sajadi, S.J. (2019). Diallel analysis of some important Morpho-Phenological traits in bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) crosses. *Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 8: 45-54.
- Golparvar, A.R., Mottaghi, S. and Lotffar, O. (2011). Diallel analysis of grain yield and its components in bread wheat genotypes under drought stress conditions. *Plant Production Technology*, 3: 51-62. (In Persian).
- Hama Amin, T.N. and Towfiq, S. (2019). Inheritance of grain yield and its related characters for 5×5 diallel cross of F1 bread wheat. *Ecology and Environmental Research*, 17: 3013-3032. https://doi.org/10.15666/aecer/1702_30133032
- Hayman, B.I. (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39: 789-808. <https://doi.org/10.1093/genetics/39.6.789>
- Heidari, B., Rezaie, A., Mirmohammadi Maibody, S.A.M. (2006). Diallel analysis for the estimation of the genetic parameters of grain yield and grain yield components in bread wheat. *Journal of Crop Production and Processing*, 10: 121-140. (In Persian).
- Ilker, E., Tonk, F.A., Tosun, M., Altinbas, M. and Kuçukakça M. (2009). Inheritance and combining ability in some powdery mildew resistant wheat lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9: 124-131. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v09n02a04>
- Khahani, B., Bihamta, M.R. and Naserian, B. (2018). Estimation of general and specific combining abilities of morphological traits and grain yield in bread wheat. *Journal of Crop Breeding*, 10: 53-62. <https://doi.org/10.29252/jcb.10.25.53>
- Kumar, A., Harshwardhan, H., Kumar, A. and Prasad, B. (2015). Combining ability and gene interaction study for yield, its attributing traits and quality in common wheat. *Journal of Applied and Natural Science*, 7: 927-934. <https://doi.org/10.31018/jans.v7i2.709>
- Kumar, J., Kumar, A., Kumar, M., Singh, S.K. and Singh, L. (2019). Inheritance pattern of genes for morpho-physiological and yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Cereal research communications*, 47: 191-204. <https://doi.org/10.1556/0806.47.2019.08>
- Ljubičić, N., Petrović, S., Kostić, M., Dimitrijević, M., Hristov, N., Kondić, A. and Jevtić, R. (2017). Diallel analysis of some important grain yield traits in bread wheat crosses. *Turkish Journal of Field Crops*, 22: 1-7. <https://doi.org/10.17557/tjfc.297681>
- Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J. and Burgueño, J. (2018). SASHAYDIAL: a SAS program for Hayman's diallel analysis. *Crop Science*, 58: 1605-1615 <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.01.0047>
- Moghaddam, M. and Amiri Oghan, H. (2010). Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Publication of Tabriz University, Tabriz, Iran. 415 pp (In Persian).
- Mohammadi, M., Sharifi, P., Karimizadeh R. and Rostaei, M. (2017). Evaluating the genetic parameters for some morpho-physiological traits in wheat using diallel analysis. *Cereal Research*, 7: 343-356 (In Persian).
- Mohammadi, M. and Rostaie, M. (2015). Estimation of genetic parameters of grain yield and some agronomic traits in bread wheat using diallel crosses. *Plant Genetic Research*, 2(2), 57-72 (In Persian). <https://doi.org/10.29252/pgr.2.2.57>
- Mousavi, S.S., Yazdi-Samadi, B., Zali, A.A. and Ghanadha, M.R. (2006). Study GCA and SCA effects of quantitative traits of wheat in normal and water stress conditions. *Iranian Journal of Agriculture Sciences*, 37: 227-238. (In Persian).
- Nagar, S.S., Kumar, P., Vishwakarma, S.R. and Gupta, V. (2018). Genetic analysis of grain yield and its component traits using diallel analysis in bread wheat. *Wheat and Barley Research*, 10: 45-51. <https://doi.org/10.25174/2249-4065/2018/77261>
- Ojaghi, J. and Akhundova, E. (2010). Genetic effects for grain yield and its related traits in doubled haploid lines of wheat. *International Journal of Agriculture and Biology*, 12: 86-90.
- Okuyama, L.A., Federizzi, L.C. and Barbosa Neto, J.F. (2005). Plant traits to complement selection based on yield components in wheat. *Ciência Rural*, 35: 1010-1018. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782005000500005>
- Pourali, R., Pahlevani, M. and Zeinalnejad, K. (2024). Diallel analysis of wheat cultivars for grain yield and estimation of their baking quality using STS markers. *Plant Genetic Researches*, 10(2): 19-34 (In Persian). <http://dx.doi.org/10.22034/PGR.10.2.2>
- Rashid, A.R., Salam Khan, A. and Ifikhar, R. (2012). Genetic studies for yield and yield related parameters in bread wheat. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 12: 1579-1583.
- Rigatti, A., Peregrin, A.J., Meier, C., Lunkes, A., Klein, L.A., Da Silva, A., Bellé, E.P., Silva, A., Marchioro, V.S. and De Souza, V.Q. (2018). Combination capacity and association among traits of grain yield in wheat (*Triticum aestivum* L.): A Review. *Journal of Agricultural Science*, 10: 179-187. <https://doi.org/10.5539/jas.v10n5p179>
- Sadeghi, F. (2014). Estimation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallele method. *Journal of Crop Breeding*, 6: 101-113 (In Persian).

- Sadeghzadeh-Ahari, D., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Mohammadi, M. (2018). Estimation of genetic parameters of yield and yield components in rainfed durum wheat through diallel cross. *Journal of Crop Breeding*, 10: 176-184. <https://doi.org/10.29252/jcb.10.25.176>
- Sadeghzadeh-Ahari, D., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Mohammadi, M. (2015). Estimation of genetic parameters of morphological traits in rainfed durum wheat (*Triticum turgidum* L.) using diallel method. *Plant Genetic Research*, 2(1): 45-62. (In Persian). <https://doi.org/10.29252/pgr.2.1.45>
- Shanahan, J.F., Smith, D.H. and Welsh, J.R. (1984). An analysis of post-anthesis sink-limited winter wheat grain yields under various environments. *Agronomy Journal*, 76: 611-615. <https://doi.org/10.2134/agronj1984.00021962007600040025x>
- Sharma, R. (1998). *Statistical and Biometrical techniques in plant breeding*. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi. 178-197 pp.
- Shehzad, M., Hussain, S.B., Qureshi, M.K., Akbar, M., Javed, M., Imran, H.M. and Manzoor, S.A. (2015). Diallel cross analysis of plesiomorphic traits in *Triticum aestivum* L. genotypes. *Genetics and Molecular Research*, 14: 13485-13495. <https://doi.org/10.4238/2015.October.28.9>
- Shewry, P.R. and Hey, S.J. (2015). The contribution of wheat to human diet and health. *Food and Energy Security*, 4: 178-202. <https://doi.org/10.1002/fes3.64>
- Singh, H., Sharma, S.N. and Sain, R.S. (2004). Combining ability for some quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Crop Science*, 45: 68-72.
- Soughi, H. and Khodarahmi, M. (2021). Estimation of Genetically Parameters and combining ability of yield and yield components in bread wheat by diallel method. *Journal of Crop Breeding*, 13: 205-212 (In Persian). <https://doi.org/10.52547/jcb.13.37.205>
- Tousi Mojarrad, M. and Ghannadha M.R. (2008). Diallel analysis for estimation of genetic parameters in relation to traits of waheat height in normal and drought conditions. *Journal of Crop Production and Processing*, 12: 143-155. (In Persian).
- Vanda, M. and Houshmand, S. (2012). Estimation of genetic parameters of some important agronomic traits in durum (*Triticum turgidum* Var. durum) wheat. *Agronomy Journal*, 95: 70-76.