

## Evaluation of Genetic Structure of Yield and Its Components in Sesame Using Hayman's Numerical and Graphical Analysis in Birjand's Climate Conditions

Mohammad Zabet<sup>1,2,\*</sup>, Fahime Barazandeh<sup>3</sup> and Alireza Samadzadeh<sup>4</sup>

- 1- Associate Professor, Department of Production Engineering and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
- 2- Associate Professor, Plant and Environmental Stresses Research Group, University of Birjand, Birjand, Iran
- 3- Former M.Sc. Student, Department of Production Engineering and Plant Genetics, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
- 4- Instructor, Plant and Environmental Stresses Research Group, University of Birjand, Birjand, Iran

\*Corresponding author ✉: [mzabet@birjand.ac.ir](mailto:mzabet@birjand.ac.ir)

**Citation:** Zabet, M., Barazandeh, F. and Samadzadeh, A. (2023). Evaluation of genetic structure of yield and its components in sesame using Hayman's numerical and graphical analysis in Birjand's climate conditions. *Plant Genetic Researches*, 10(1): 123-144. <http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.8>

(Received: January 29, 2023; Final Revised: July 21, 2023; Accepted: August 2, 2023; Published online: September 21, 2023)

### Extended abstract

#### Introduction

Sesame (*Sesamum indicum* L.) is a self-pollinating oilseed plant ( $2n=2x=26$ ), which is the oldest oilseed known to humankind and the queen of oilseeds. Sesame is a cheap source of protein, fat, minerals and vitamins. Sesame seeds contain 50–60% oil rich in vitamin E and several important antioxidant compounds such as sesamol, sesamin and sesamulin, showing medical and medicinal properties. In South Khorasan, sesame is currently grown either as a single crop or as a mixed with beetroot and cotton on a small scale. No research has been done on sesame in this region yet. Although the genetic understanding of traits is necessary for a higher yield breeding program, there is little information available on the morphological and developmental characteristics of sesame.

#### Materials and methods

Seven genotypes including Isfahan, Sirjan, Fars, Oltan, Jiroft, Sabzevar, TS-3 and 21 hybrids were obtained and studied in the research farm of the Faculty of Agriculture, University of Birjand under the normal conditions during (2015-2018). The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications as a  $7 \times 7$  one-way diallel cross. Plant height, height to the first fruiting capsule, number of capsules per plant, number of sub-branches, number of leaves, leaf length, number of seeds per capsule, capsule length, capsule weight, capsule width, days to 50% and 90% flowering, days to physiological maturity, 1000 seeds weight, oil percentage, protein percentage, amount of chlorophyll a, chlorophyll b, total chlorophyll, biological yield, economic yield and harvest index were recorded and analyzed.

#### Results and discussion

Examining the adequacy of the additive-dominance model using student's t test and  $W_r-V_r$  analysis showed that in all the traits except for chlorophyll a, chlorophyll b and the total chlorophyll content, the predicted model was sufficient. Therefore, chlorophyll a, chlorophyll b, and total chlorophyll contents were eliminated and not included



©2023 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

in the next stages of diallel analysis. Hayman's variance analysis showed that there were significant components  $a$ ,  $b$  and  $b_3$  in all traits and components  $b_1$  and  $b_2$  in most traits.  $D$ ,  $H_1$ , and  $H_2$  parameters were significant and  $F$ ,  $h^2$  and  $E$  parameters were not significant for most traits. The average degree of dominance parameter ( $\sqrt{H_1/D}$ ) showed an incomplete-dominance and over-dominance in the studied traits. The  $H_2/(4H_1)$  parameter was less than 0.25 for all traits except the day to 50% flowering, suggesting that increasing and decreasing the number of genes did not have a symmetrical distribution among the parents. The  $(\sqrt{(4DH_1)+F})/\sqrt{(4DH_1)-F}$  parameter indicated symmetrical and asymmetrical distribution of dominant and recessive genes in parents. In most of the traits, one dominant gene block controlled the traits. The broad and narrow sense heritability ranged 0.47-0.99 and 0.17-0.98, respectively. The regression line crossed  $W_r$  axis above the origin for plant height, height to the first capsule, capsule width, capsule length, capsule weight, number of leaves, leaf length, number of sub-branches, number of capsules per plant, seed yield, biological yield, harvest index, days to physiological maturity, days to 90% flowering, days to 50% of flowering, 1000 seeds weight and protein percentage. This issue demonstrated the importance of genetic variance in the inheritance of the traits mentioned earlier. The regression line crossed the  $W_r$  axis below the origin in the number of seeds per capsule and the oil percentage, therefore, for these traits, gene action was observed as over-dominance. Comprehensively, all traits were controlled by genes with additive and dominance effects, indicating that it is possible to select and produce hybrids in sesame. Due to the dominant alleles in Fars, Oltan, and TS-3 genotypes, it is recommended to use these three genotypes in future sesame breeding programs.

### Conclusion

Considering that both additive and non-additive effects were involved in the genetic control of the yield trait and yield components, therefore, by crossing the local genotypes and selecting superior hybrids, it would be practical to improve the yield in sesame. In the present study, the cross between Sabzevar and Sirjan genotypes resulted in the best hybrid, and it is recommended to conduct more studies on this hybrid. Considering a huge oil import to Iran, more research should be done on sesame aiming to increase sesame oil production potentials.

**Key words:** Additive effects, Dominance effects, Heritability, Ratio of Genes,  $W_r$ - $V_r$  Regression



## ارزیابی ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در کنجد با استفاده از تجزیه عددی و گرافیکی هیمن

محمد ضابط<sup>۱\*</sup>، فهیمه برازنده<sup>۳</sup> و علیرضا صمدزاده<sup>۴</sup>

۱- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند

۲- دانشیار، گروه پژوهشی گیاه و تنش‌های محیطی، دانشگاه بیرجند، بیرجند

۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند

۴- مربی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۱/۰۹؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۲/۰۴/۳۰؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۵/۱۱؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۲/۰۶/۳۰)

## چکیده

به‌منظور بررسی ساختار ژنتیکی صفات مختلف کنجد، ۷ ژنوتیپ شامل اردستان، سیرجان، فارس، سبزواری، جیرفت، اولتان و TS-3 در قالب طرح دای‌آل یک‌طرفه ۷ × ۷ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند طی سال‌های ۹۷-۱۳۹۴ مورد مطالعه قرار گرفت. صفات ارتفاع بوته، ارتفاع تا اولین کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد برگ، طول برگ، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا ۹۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، تعداد کپسول در بوته، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، شاخص برداشت، تعداد دانه در کپسول، وزن کپسول، طول و عرض کپسول، میزان کلروفیل a، b و کل، درصد روغن و پروتئین اندازه‌گیری شد. تجزیه واریانس هیمن نشان داد که اجزای a، b و b<sub>3</sub> در تمامی صفات و اجزای b<sub>1</sub> و b<sub>2</sub> در اکثر صفات معنی‌دار بودند. پارامترهای D، H<sub>1</sub> و H<sub>2</sub> در اکثر صفات معنی‌دار و پارامترهای F، h<sup>2</sup> و E در اکثر صفات معنی‌دار نشدند. متوسط درجه غالبیت ( $\sqrt{H_1/D}$ ) بیانگر غالبیت ناقص و فوق‌غالبیت در صفات مورد مطالعه بود. پارامتر  $H_2/(4H_1)$  در کلیه صفات به‌استثنای روز تا ۵۰ درصد گلدهی کمتر از ۰/۲۵ بود؛ بنابراین در کلیه صفات به‌استثنای صفت فوق، ژن‌های افزایشنده و کاهشنده توزیع متقارنی در بین والدین نداشتند. پارامتر  $\sqrt{(4DH_1)+F}/\sqrt{(4DH_1)-F}$  نشان از توزیع متقارن و نامتقارن در صفات مورد مطالعه داشت. در اکثر صفات یک بلوک ژنی غالب کنترل‌کننده صفات وجود داشت. وراثت‌پذیری عمومی بین ۰/۴۷-۰/۹۹ و وراثت‌پذیری خصوصی بین ۰/۹۸-۰/۱۷ متغیر بود. به‌طور کل تمامی صفات توسط ژن‌های با اثرات افزایشی و غالبیت کنترل می‌شدند؛ بنابراین امکان‌پذیر و تولید دورگ در کنجد وجود دارد. با توجه به آن‌که ژنوتیپ‌های فارس، اولتان و TS-3 بیشترین آلل‌های غالب را داشتند، استفاده از این سه ژنوتیپ در مطالعات آتی توصیه می‌گردد.

واژگان کلیدی: اثرات افزایشی، اثرات غالبیت، رگرسیون Wt-Vr، نسبت ژن‌ها، وراثت‌پذیری

کنجد (*Sesamum indicum*. L) گیاهی دیپلوئید ( $2n=2x=$  26)، خودگرده‌افشان و دانه روغنی است که با توجه قدمت استفاده بشر از آن به‌عنوان ملکه دانه‌های روغنی شناخته می‌شود (Suganthi, 2018; Dhillon et al., 2004). میزان دگرگشتی در کنجد بسته به فعالیت حشرات به‌ندرت از ۱۰ درصد تجاوز می‌کند. کشت کنجد در کشور اغلب با بهره‌گیری از روش‌های سنتی و با استفاده از توده‌های بومی هر منطقه انجام می‌گیرد (Irani-Taklae et al., 2019). در ایران برای کنجد، گونه‌ی هیبرید گزارش نشده است، اما در کشورهای دیگر مانند هند که کشت و کار کنجد بیشتر رایج است ارقام هیبرید مانند CO-1، SVPR-1، TMV-3، TMV-4، TMV-5، TMV-6، TMV-7، VRI(SV)-1 و VRI(SV)-2 کشت می‌شوند (Ranganatha, 2013). کنجد منبع ارزانی از پروتئین، چربی، مواد معدنی و ویتامین‌ها است. روغن دانه (۵۰-۶۰ درصد) کنجد، حاوی ویتامین E و چندین ترکیب آنتی‌اکسیدانی مهم مانند سزامول، سسامین و سزامولین است (Suganthi, 2018) که دارای ارزش پزشکی و دارویی است (Coulman et al., 2005).

علی‌رغم افزایش سریع سطح زیر کشت کنجد، میزان تولید این محصول طی سال‌های اخیر کاهش یافته است. کل تولید جهانی کنجد ۶/۸ میلیون تن در سال است. ایران با ۴۲ هزار هکتار سطح زیرکشت، ۲۹ هزار تن تولید، ۰/۴۳ درصد از تولید و ۰/۳۰ درصد از سطح زیر کشت جهانی کنجد را به خود اختصاص داده است (FAO, 2023). از لحاظ میزان تولید استان‌های خوزستان (۱۴۵۰۰ تن)، فارس (۹۰۰۰ تن) و بوشهر (۲۷۰۰ تن) در جایگاه اول تا سوم تولید این محصول قرار می‌گیرند. فقدان سازگاری، بذردون کیفیت، رشد نامحدود و کشت تحت شرایط دیم از جمله مهم‌ترین محدودیت‌های تولید کنجد به‌شمار می‌روند (Suganthi, 2018). با آن‌که درک ژنتیکی صفات پیش‌نیاز به‌نژادی عملکرد بالاتر می‌باشد، لیکن اطلاعات کمی در مورد خصوصیات مورفولوژیکی و رشدی کنجد وجود دارد (Thirugnanakumar et al., 2006).

به‌نژادگران به‌طور مداوم با مشکل انتخاب والدین به چالش کشیده می‌شوند. اگرچه حذف تلاقی‌های ضعیف در نسل‌های اولیه پیشنهاد شده است، اما اطلاع از ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای آن کمک می‌کند تا تلاقی‌های بهتری داشته باشیم (Gami et al., 2020). آزمایش دای‌آل ابزاری مهم برای اطلاع از چگونگی وراثت صفات و آگاهی از عمل ژن، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی در گزینش که پیش‌شرط برنامه‌های به‌نژادی است، می‌باشد (Rahimi, 2021).

هرچند در مطالعات متعددی نحوه کنترل ژنتیکی صفات مختلف کنجد با استفاده از تجزیه دای‌آل گزارش شده است (Ahmed and Adam, 2014; Mustafa et al., 2015; Anyanga et al., 2016; Pawar and Monpara, 2016; Tripathy et al. 2016a; Tripathy et al. 2016b; Daba et al., 2017; Abd Elaziz and Ghareeb, 2018; Aye et al., 2018; Suganthi, 2018; Gami et al., 2020)، با این حال در ایران این مطالعات اندک می‌باشد. در ذیل به برخی از مطالعه‌های انجام شده اشاره می‌گردد.

در مطالعه‌ای که با هدف تعیین ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در کنجد صورت گرفته بود مشخص شد که هر دو عمل افزایشی و غیرافزایشی ژن در کنترل ژنتیکی صفات نقش بزرگی ایفا می‌کنند (Kabi et al., 2021)، با این حال در مطالعه مذکور برتری عملکرد غیرافزایشی ژن‌ها برای همه صفات به‌جز طول کپسول و عرض کپسول مشخص شد. همچنین، واریانس غالبیت در تمامی صفات به‌جز عرض کپسول و وزن ۱۰۰ دانه نقش پررنگ‌تری داشت (Kabi et al., 2021). در مطالعه عبدالعزیز و قریب (Abd Elaziz and Ghareeb, 2018) پس از تقسیم واریانس ژنتیکی به اجزای تشکیل دهنده آن در هشت ژنوتیپ و ۲۸ دورگ کنجد مشخص شد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در وراثت صفات کنجد اهمیت بیشتری دارند؛ به‌طوری‌که پارامتر D بسیار معنی‌دار بود و از نظر اندازه بزرگ‌تر از پارامترهای غالبیت ( $H_1$  و  $H_2$ ) در تمام صفات مورد مطالعه بود. همچنین توزیع آلل‌های مثبت و منفی بین والدین به‌طور نابرابر بود و تجزیه گرافیکی نشان‌دهنده غالبیت ناقص برای همه صفات مورد مطالعه بود (Abd Elaziz and Ghareeb, 2018). در گزارشی دیگر جزء D برای تمام

ژنتیکی تعداد کپسول و عملکرد را عموماً با اثرات غالبیت، غدا (Ghada, 2004) عملکرد افزایشی ژن‌ها برای همه صفات، ردی و همکاران (Reddy *et al.* 1992) کنترل عملکرد دانه عمدتاً تحت اثرات غالبیت ژن‌ها، عمار (Ammar, 2004) عمل افزایشی ژن‌ها در کنترل همه صفات مورد مطالعه به‌جز ارتفاع تا اولین کپسول، چاتچاوال (Chatchaval, 1989) مهم‌تر بودن اثرات غالبیت نسبت به اثرات افزایشی ژن‌ها برای عملکرد در بوته، آباتچوئا (Abatchoua, 2021) برتری اثرات غیرافزایشی ژن‌ها برای درصد پروتئین، اسماعیل و همکاران (Ismail *et al.*, 2020) عملکرد غیرافزایشی ژن‌ها برای همه صفات، عبدالفادل (Abdelfadeel, 2021) هر دو عملکرد افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در عملکرد دانه، رامش و همکاران (Ramesh *et al.*, 1995) و عمار (Ammar, 1999) اثرات افزایشی و غیرافزایشی برای تعداد کپسول در گیاه و وزن هزاردانه، حب‌الله و همکاران (HobAllah *et al.*, 2001) و باخیت و همکاران (Bakheit *et al.*, 2000) فوق‌غالبیت در بیان وزن هزاردانه، کپسول در بوته و عملکرد دانه در بوته را گزارش نموده‌اند.

در حال حاضر کنجد در مقیاس اندک به‌صورت تک‌محصول و یا کشت مخلوط با سایر محصولات مانند چغندر و پنبه در خراسان جنوبی کشت می‌گردد. تاکنون برنامه به‌نژادی خاصی بر روی کنجد در این منطقه صورت نگرفته است. بدین منظور پژوهش حاضر با استفاده از والدین و نتاج  $F_1$  حاصل از تلاقی بین ژنوتیپ‌های مختلف کنجد به‌منظور تعیین نحوه عملکرد ژن‌های کنترل‌کننده صفت عملکرد و سایر صفات سهم در عملکرد با استفاده از تجزیه دای‌آلل به روش عددی و گرافیکی هیمن (Hayman, 1954a,b) در شرایط آب و هوایی بیرجند انجام شد.

#### مواد و روش‌ها

در این مطالعه چهار ژنوتیپ محلی کنجد شامل اردستان، سیرجان، فارس، سبزواری و سه رقم تجاری شامل جیرفت، اولتان و TS-3 که دارای تفاوت‌های بارز ژنتیکی و

صفات به‌استثنای روز تا رسیدن، روز تا رسیدن، تعداد کپسول در بوته و عملکرد دانه در بوته و اجزای  $H_1$  و  $H_2$  برای همه صفات به‌جز روز تا رسیدن، وزن هزاردانه و محتوای روغن معنی‌دار بودند که اهمیت اثرات افزایشی و غیرافزایشی د وراثت صفات مهم کنجد را آشکار نمود (Rathod *et al.*, 2021). همچنین در مطالعه مذکور توزیع نامتعادل ژن‌ها با مقدار بیشتر  $H_1$  نسبت به  $H_2$  و نسبت  $(H_2/4H_1 < 0.25)$  برای همه صفات به‌جز روز تا رسیدن، وزن هزاردانه و محتوای روغن تأیید شد که نشان‌دهنده غالبیت بود. مؤلفه F برای ارتفاع بوته، تعداد شاخه در بوته و طول کپسول معنی‌دار بود. تجزیه گرافیکی (قطع محور Wr در زیر مبدأ) در صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدن، ارتفاع بوته، تعداد کپسول در بوته، طول کپسول، تعداد دانه در کپسول، وزن هزاردانه، عملکرد دانه در بوته و میزان روغن نشان‌دهنده فوق‌غالبیت و در صفت تعداد شاخه در بوته (قطع محور Wr در بالای مبدأ) نشان از غالبیت ناقص داشت (Rathod *et al.*, 2021). طی پژوهشی دیگر توسط گامی و همکاران (Gami *et al.*, 2020)، جزء D در تمام صفات اندازه‌گیری شده کنجد به‌جز عملکرد دانه در بوته و شاخص برداشت و اجزای  $H_1$  و  $H_2$  در تمامی صفات به‌جز روز تا بلوغ، دارای اختلاف معنی‌دار بودند. مقادیر بیشتر  $H_1$  نسبت به  $H_2$  و نسبت  $(H_2/4H_1 < 0.25)$  توزیع نامتعادل ژنی در والدین را تأیید نمود که حاکی از غالبیت در تمامی صفات بود. مقدار  $K_D/K_R$  بیش از یک برای همه صفات نشان‌دهنده فراوانی بیشتر ژن‌های غالب نسبت به ژن‌های مغلوب در والدین بود و جزء F برای روز تا گلدهی، روز تا رسیدن، طول کپسول، محتوای روغن و سطح برگ معنی‌دار بود. تجزیه گرافیکی برای ارتفاع بوته، تعداد دانه در کپسول، محتوای روغن و سطح برگ در بوته فوق‌غالبیت و برای روز تا بلوغ غالبیت ناقص را نشان داد (Gami *et al.*, 2020).

مطالعات مختلف نتایج متناقضی را در مورد کنترل ژنتیکی صفات مختلف کنجد گزارش نموده‌اند. به‌عنوان مثال، نارخدا و کومار (Narkheda and Kumar, 1991) کنترل

انجام شد. بین دو ژنوتیپ دو ردیف خالی در نظر گرفته شد تا فضای کافی برای انجام تلاقی وجود داشته باشد. کلیه تلاقی‌های ممکن به صورت دای‌آلل یک‌طرفه انجام و در اوایل پاییز، بذره‌های حاصل از بوته‌های مادری و دورگ‌ها برداشت شدند. برای انجام تلاقی پنج بوته انتخاب و گل‌های مربوطه عقیم شدند و قفس‌های توری جهت جلوگیری از ورود حشرات بر روی بوته قرار داده شدند (شکل ۱). وجود مادگی گوه‌شسته بعد از پنج روز، دلیل بر موفقیت در تلاقی و نبود مادگی، نشانه شکست در تلاقی بود.

مورفولوژیکی بودند، طی سال‌های ۹۷-۱۳۹۴ به صورت دای‌آلل مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۱). آزمایش در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند با عرض جغرافیایی ۵۶ و ۳۲ شمالی، طول جغرافیایی ۱۳ و ۵۹ شرقی و ۱۴۸۰ متر ارتفاع از سطح دریا اجرا شد. در ابتدا دورگ‌گیری بین ژنوتیپ‌ها صورت گرفت. هر ژنوتیپ در دو خط به طول سه متر، فاصله بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بوته روی ردیف ۱۵ سانتی‌متر در عمق دو تا پنج سانتی‌متری کشت و در مرحله‌ای که ارتفاع بوته هشت تا ۱۰ سانتی‌متر بود، عمل تنک کردن همراه با وجین کردن

جدول ۱- نام و منشأ ژنوتیپ‌های کنجد

Table 1. Name and origin of sesame genotypes

ژنوتیپ Genotype	منشأ Origin	مقاومت به خشکی Drought resistance
توده بومی اردستان Native mass of Ardestan	استان اصفهان- اردستان Esfahan province - Ardestan	مقاوم Resistant
توده بومی سیرجان Native mass of Sirjan	استان کرمان - سیرجان Kerman province - Sirjan	حساس Susceptible
توده بومی فارس Native mass of Fars	استان فارس - شیراز Shiraz province- Fars	حساس Susceptible
توده بومی سبزوار Native mass of Sabzevar	استان خراسان رضوی - سبزوار Khorasan Razavi province - Sabzevar	حساس Susceptible
جیرفت Jiroft	رقم اصلاحی، تهیه شده از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر Breeding Variety, prepared by Seed and Plant Certification and Registration Institute	نیمه مقاوم Semi- resistant
اولتان Oltan	رقم اصلاحی، تهیه شده از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، Breeding Variety, prepared by Seed and Plant Certification and Registration Institute	مقاوم Resistant
TS3	لاین وارداتی، تهیه شده از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، Breeding Variety, prepared by Seed and Plant Certification and Registration Institute	مقاوم Resistant



شکل ۱- قفس‌های توری پارچه‌ای جهت انجام تلاقی

Figure 1. The cages made of cloth for crossing

صفت میزان کلروفیل a، کلروفیل b و کلروفیل کل انجام گرفت. پارامترهای ژنتیکی درجه اول شامل E (تنوع ناشی از اثرات محیطی)، D (تنوع ناشی از اثرات افزایشی)،  $H_1$  (تنوع ناشی از اثرات غالبیت)،  $H_2$  (تنوع تصحیح شده ناشی از اثرات غالبیت)، F (متوسط کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت) و  $h^2$  (اثرات غالبیت: جمع جبری تمامی مکان‌های ژنی هتروزیگوت) و پارامترهای ژنتیکی درجه دوم شامل  $H_1-H_2$  بیانگر فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب،  $(\sqrt{H_1/D})$ : متوسط درجه غالبیت،  $H_2/(4H_1)$ : نسبت ژن‌های با اثرات مثبت (افزاینده) و منفی (کاهنده) در والدین،  $\sqrt{((4DH_1)+F)/((4DH_1)-F)}$ : نسبت ژن‌های غالب و مغلوب در والدین،  $h^2/H_2$ : تعداد گروه‌های ژنی دارای غالبیت،  $\frac{Cov \bar{Y}_R(W_R+V_R)}{\sigma \bar{Y}_R \cdot \sigma W_R+V_R}$ : ضریب همبستگی بین مرتبه غالبیت والدینی برای هر آرایه و میانگین والد مشترک آرایه،  $100 \cdot [((1/2)D_R+(1/4)H_R)/((1/2)D_R+(1/4)H_R+E)]$ : وراثت‌پذیری عمومی،  $100 \cdot [((1/2)D_R)/((1/2)D_R+(1/4)H_R+E)]$ : وراثت‌پذیری خصوصی،  $1/2(F)^2/D(H_1-H_2)$ : سطح غالبیت از یک مکان به مکان ژنی دیگر به روش جینکز و هیمن (Jinks and Hayman, 1953) برآورد گردید. معنی‌داری اجزای D،  $H_1$ ،  $H_2$ ، F،  $h^2$  و E با آزمون t (مثلاً  $t=(D-0)/SED$ ) و درجه آزادی  $(2n+3)-(5+n)$  تعیین گردید. تجزیه هیمن مطابق با برنامه SASHAYDIALL (Makumbi *et al.*, 2018) انجام شد. از نرم‌افزارهای آماری Excel، SPSSv22 و SASv9.4 برای تجزیه داده‌ها استفاده شد.

### نتایج و بحث

**تجزیه واریانس:** کفایت مدل افزایشی - غالبیت با استفاده از آماره t و تجزیه  $W_R-V_R$  مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۲). بر این اساس کفایت مدل در تمامی صفات به غیر از میزان کلروفیل a، کلروفیل b و کلروفیل کل تأیید شد؛ بنابراین صفات میزان کلروفیل a، کلروفیل b و کلروفیل کل حذف گردیدند و به مراحل بعدی تجزیه دای‌آل وارد نشدند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که در کلیه صفات بین ژنوتیپ‌ها تفاوت معنی‌داری وجود دارد؛ بنابراین برای کلیه صفات تجزیه دای‌آل صورت گرفت (جدول ۳).

در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ بذرهاى والدینی به‌همراه ۲۱ دورگ، مجموعاً ۲۸ ژنوتیپ در یک طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. هرکدام از والدین در سه خط و با توجه به مقدار کم بذر دورگ‌ها، در یک خط کشت شدند. طول هر خط کشت دو متر، فاصله روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر و فاصله بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. طی آزمایش و پس از برداشت، صفات ارتفاع بوته، ارتفاع تا اولین کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد برگ، طول برگ، تعداد روز تا درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، تعداد کپسول در بوته، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و شاخص برداشت بر اساس میانگین ۱۰ نمونه و صفات تعداد دانه در کپسول، وزن کپسول، طول و عرض کپسول بر اساس میانگین ۲۰ نمونه، میزان کلروفیل a و b (Arnon, 1975)، درصد روغن (Soxhlet, 1879) و درصد پروتئین (Kjeldahl, 1883) بر اساس سه تکرار و وزن هزاردانه (میانگین ۱۰۰۰ بذر) اندازه‌گیری شد. کفایت مدل افزایشی - غالبیت از طریق تجزیه  $W_R-V_R$  با به‌دست آوردن F از تقسیم  $MS(W_R-V_R)/MSe$  و سپس مقایسه با F جدول با درجه آزادی n-1 برای صورت و  $(r-1)(n-1)$  برای مخرج، عدم معنی‌داری آن بررسی شد. هم‌چنین کفایت مدل افزایشی - غالبیت با آماره t برای بررسی تفاوت شیب‌خط رگرسیون از مقدار صفر  $[t=(b-0)/SE_b]$  و یک  $[t=(1-b)/SE_b]$  و مقایسه آن با درجه آزادی n-2 مورد بررسی قرار گرفت. در این بررسی‌ها n تعداد والدین و r تعداد تکرار آزمایش است (Dabholkar, 1992). معنی‌دار بودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها از طریق تجزیه واریانس مشخص گردید. در صفاتی که تفاوت معنی‌داری مشاهده شد، تجزیه دای‌آل صورت گرفت. با توجه به کفایت مدل برای صفات ارتفاع بوته، ارتفاع تا اولین کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد برگ، طول برگ، تعداد روز تا درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، تعداد کپسول در بوته، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، شاخص برداشت، تعداد دانه در کپسول، وزن کپسول، طول و عرض کپسول، درصد روغن و درصد پروتئین، تجزیه عددی و گرافیکی هیمن (Hayman, 1954a,b) برای همه صفات بالا به‌استثنای سه

جدول ۲- بررسی کفایت مدل افزایشی - غالبیت در کنجد

Table 2. Investigation of adequacy of additive - dominance model in sesame

صفت Trait	واریانس خطا	واریانس (Wr-Vr)	t <sub>b0</sub>	t <sub>b1</sub>
ارتفاع گیاه (سانتی متر) Plant height (cm)	20.12	ns47.28	14.36**	2.11 <sup>ns</sup>
ارتفاع تا اولین کپسول (سانتی متر) Height to the first capsule (cm)	12.45	ns24.65	30.18**	0.84 <sup>ns</sup>
عرض کپسول (سانتی متر) Capsule width (cm)	6.47	ns12.23	7.82**	1.07 <sup>ns</sup>
طول کپسول (سانتی متر) Capsule length (cm)	2.68	ns2.98	5.67**	0.65 <sup>ns</sup> -
کلروفیل a Chlorophyll a	5.68	27.15**	-1.01 <sup>ns</sup>	1.85**
کلروفیل b Chlorophyll b	4.26	26.92**	-2.26 <sup>ns</sup>	2.22**
کلروفیل کل Total chlorophyll	3.09	16.19**	1.02 <sup>ns</sup>	1.81**
وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	9.56	28.49 <sup>ns</sup>	3.15*	0.56 <sup>ns</sup>
تعداد برگ Leaf number	16.32	40.60 <sup>ns</sup>	6.60**	1.23 <sup>ns</sup>
طول برگ (سانتی متر) Leaf length (cm)	5.66	11.21 <sup>ns</sup>	20.53**	2.80**
تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	10.11	15.57 <sup>ns</sup>	6.16**	1.52 <sup>ns</sup>
تعداد دانه در کپسول Seed per capsule	6.56	8.95 <sup>ns</sup>	4.45**	1.38 <sup>ns</sup>
تعداد کپسول Number of capsules	30.24	44.76 <sup>ns</sup>	45.52**	-0.98 <sup>ns</sup>
عملکرد دانه (گرم) (Grain yield (gr)	90.15	142.44 <sup>ns</sup>	-3.62*	2.56 <sup>ns</sup>
عملکرد بیولوژیک (گرم) (Biological yield (gr)	87.58	194.43 <sup>ns</sup>	-3.26*	-1.59 <sup>ns</sup>
شاخص برداشت Harvest index	3.24	9.01 <sup>ns</sup>	6.24- **	1.06**
روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	17.18	42.26 <sup>ns</sup>	-93.88**	-2.21 <sup>ns</sup>
روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90% flowering	15.16	26.98 <sup>ns</sup>	3.03*	1.51 <sup>ns</sup>
روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering	14.14	39.31 <sup>ns</sup>	4.08**	1.39 <sup>ns</sup>
وزن هزاردانه (گرم) (gr) 1000 seed weight	2.45	2.47 <sup>ns</sup>	14.35**	0.06 <sup>ns</sup>
درصد روغن (درصد) (%) Oil percent	0.06	0.14 <sup>ns</sup>	7.38**	1.67 <sup>ns</sup>
درصد پروتئین (درصد) (%) Protein percent	0.78	2.09 <sup>ns</sup>	5.08**	-2.56**



جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مختلف کنجد

Table 3. Analysis of variance of different traits of sesame

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی D.F	میانگین مربعات (MS)									
		ارتفاع گیاه Plant height	ارتفاع تا اولین کپسول Height to first capsule	عرض کپسول Capsule width	طول کپسول Capsule length	وزن کپسول Capsule weight	تعداد برگ Leaf number	طول برگ Leaf length	تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	تعداد دانه در کپسول Seed per capsule	تعداد کپسول Number of capsules
تکرار Replication	2	164.97**	1.50 <sup>ns</sup>	0.003 <sup>ns</sup>	0.24 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	127.08 <sup>ns</sup>	0.004 <sup>ns</sup>	2.05**	6.11*	0.15 <sup>ns</sup>
ژنوتیپ Genotype	27	89.08**	81.81**	0.82**	37.01**	2.36**	3126.93**	8.54**	11.11**	289.19**	79.61**
خطا Error	54	20.85	1.62	0.007	0.33	0.005	59.91	0.011	0.38	1.45	0.29
ضریب تغییرات CV	-	4.14	4.27	1.34	1.96	0.55	3.38	0.66	8.48	2.32	1.10

ادامه جدول ۳

Continued table 3

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی D.F	میانگین مربعات (MS)								
		عملکرد دانه Grain yield	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index	روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	روز تا ۹۰ درصد گلدهی Days to 90 flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی Days to 50 flowering	وزن هزاردانه 1000-seed weight	درصد روغن Oil percent	درصد پروتئین Protein percent
تکرار Replication	2	60.05 <sup>ns</sup>	641.82 <sup>ns</sup>	0.000007 <sup>ns</sup>	4.08**	0.25 <sup>ns</sup>	0.46 <sup>ns</sup>	0.000 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	0.004 <sup>ns</sup>
ژنوتیپ Genotype	27	70241**	1601981**	0.007**	42.75**	2.80**	1.32**	0.002**	248.89**	0.57**
خطا Error	54	193.20	894.15	0.00003	0.34	0.26	0.28	0.000	0.06	0.002
ضریب تغییرات CV	-	10.16	15.96	15.35	0.40	0.71	0.83	1.16	0.54	0.19

<sup>ns</sup>, \* و \*\* به ترتیب نشان دهنده عدم معنی داری، معنی داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

تجزیه واریانس هیمن: نتایج حاصل از تجزیه واریانس هیمن نشان داد که جزء a که اثرات افزایشی ژن‌ها و جزء b که اثرات غالبیت ژن‌ها را نشان می‌دهد در تمامی صفات معنی‌دار می‌باشند؛ بنابراین مشخص شد که در وراثت کلیه صفات هم اثرات افزایشی و هم غالبیت نقش دارند (جدول ۴). جزء  $b_1$  که مقایسه والد‌ها در برابر تلاقی‌ها را مورد بررسی قرار می‌دهد در اکثر صفات معنی‌دار و در صفات ارتفاع گیاه، عرض کپسول، تعداد برگ، شاخص برداشت و روز تا ۹۰ درصد گلدهی معنی‌دار نشد؛ بنابراین در اکثر صفات به‌استثنای صفات فوق‌الذکر هتروزیس وجود داشت و در صفات ذکر شده هتروزیس مشاهده نشد. از طرفی معنی‌دار بودن جزء  $b_1$  نشان می‌دهد که غالبیت یک‌جهته است؛ بنابراین در پنج صفت فوق‌الذکر غالبیت دوجته بود (Walters and Morton, 1978). جزء  $b_2$  که هتروزیس خاص هر والد و توزیع نامتقارن ژن‌های غالب را در بین والدین را نشان می‌دهد، در تمامی صفات به‌استثنای ارتفاع گیاه و روز تا ۵۰ درصد گلدهی معنی‌دار شد؛ بنابراین در اکثر صفات به‌استثنای صفات ذکر شده فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب نابرابر بود و برخی از والدین دارای ژن‌های غالب بیشتری نسبت به دیگر والدین بودند. در صفات ارتفاع گیاه و روز تا ۵۰ درصد گلدهی فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب برابر بود. جزء  $b_3$  که بخشی از انحراف غالبیت خاص هر تلاقی را اندازه‌گیری می‌کند و غالبیت باقی‌مانده نام دارد که در تمامی صفات معنی‌دار شد. معنی‌دار بودن غالبیت باقیمانده ( $b_3$ ) وجود غالبیت خاص یا توانایی ترکیب‌پذیری را در برخی از تلاقی‌ها تأیید می‌کند. معنی‌دار بودن تمامی اجزا توسط الاجی و همکاران (Aladji Abatchoua et al., 2015) در مورد صفات کنجد گزارش شده است که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد. با توجه به آن‌که در مطالعه حاضر تفاوتی بین تلاقی‌های متقابل مشاهده نشد (دای آل یک‌طرفه بود)، بنابراین چنین می‌توان گفت که در تمامی صفات اثرات مادری (c) و غیر مادری (d) برابر با صفر می‌باشد (جدول ۴).

پارامترهای ژنتیکی درجه اول، پارامتر D: پارامتر D (تنوع مربوط به اثرات افزایشی ژن‌ها) در اکثر صفات به‌استثنای عرض کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد دانه در کپسول، شاخص برداشت، وزن هزاردانه و درصد روغن معنی‌دار شد؛ بنابراین در اکثر صفات عمل افزایشی ژن‌ها مهم و مؤثر بود (جدول ۵). عبدالعزیز و قریب (Abd Elaziz and Ghareeb, 2018) معنی‌داری بودن پارامتر D و بزرگ‌تر بودن این پارامتر نسبت به پارامترهای غالبیت ( $H_1$  و  $H_2$ ) در تمامی صفات مورد مطالعه را گزارش نمودند که تا حدودی با مطالعه کنونی، مطابقت دارد (جدول ۵).

پارامتر  $H_1$  و  $H_2$ : پارامتر  $H_1$  (تنوع مربوط به غالبیت ژن‌ها) در اکثر صفات به‌جز ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، وزن کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن هزاردانه و درصد پروتئین معنی‌دار گردید (جدول ۵)؛ بنابراین در کلیه صفات به‌استثنای صفات فوق عمل غالبیت ژن‌ها نیز مهم و تأثیرگذار بود. پارامتر  $H_2$  یا جزء تنوع ناشی از اثرات غالبیت تنظیم شده برای توزیع ژن‌ها یا تنوع تصحیح شده مربوط به غالبیت ژن‌ها، در صورت فراوانی مساوی آلل‌های افزایشنده و کاهشنده، مانند  $H_1$  است و در اکثر صفات به‌جز ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، وزن کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن هزاردانه و درصد پروتئین معنی‌دار گردید؛ بنابراین توزیع نامتقارن ژن‌ها با اثرات مثبت و منفی در والدین در مورد اکثر صفات به‌استثنای صفات فوق‌الذکر وجود دارد. علاوه بر این، مقادیر  $H_2$  برای تمامی صفات (به‌استثنای تعداد کپسول) کوچک‌تر از مقادیر  $H_1$  بود که با فرضیه هیمن (Hayman, 1954a,b) مطابقت دارد و می‌تواند دلیل دیگری برای نسبت نابرابر آلل‌های مثبت و منفی در همه مکان‌های ژنی در والدین باشد. نتایج مشابهی نیز توسط الاحمر و همکاران (EL-Ahmer et al., 1996)، رامش و همکاران (Ramesh et al., 1998)، باخیت و همکاران (Bakheit et al., 2000)، سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) گزارش شده است (جدول ۵).

جدول ۴- تجزیه واریانس هیمن برای صفات مختلف کنبجد

Table 4. Hayman's analysis of variance for different traits of sesame

منبع تغییر SOV	درجه آزادی D.F	میانگین مربعات MS									
		ارتفاع گیاه	ارتفاع تا اولین کپسول	عرض کپسول	طول کپسول	وزن کپسول	تعداد برگ	طول برگ	تعداد شاخه فرعی	تعداد دانه در کپسول	تعداد کپسول
		Plant height	Height to first capsule	Capsule width	Capsule length	Capsule weight	Leaf number	Leaf length	Number of auxiliary branches	Seed per capsule	Number of capsules
تکرار Replication	2	164.97**	1.50 <sup>ns</sup>	0.003 <sup>ns</sup>	0.24 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	127.08 <sup>ns</sup>	0.004 <sup>ns</sup>	2.05**	6.11*	0.15 <sup>ns</sup>
a	6	262.03**	95.01**	1.34**	66.41**	4.11**	5453.96**	19.64**	26.61**	523.98**	94.81**
b	21	39.66*	80.18**	0.68**	28.61**	1.86**	2462.06**	5.38**	6.68**	222.11**	75.27**
b <sub>1</sub>	1	31.71 <sup>ns</sup>	3.79*	0.15 <sup>ns</sup>	1.92**	1.83**	18.89 <sup>ns</sup>	1.02*	8.76*	72.32**	31.43**
b <sub>2</sub>	6	12.54 <sup>ns</sup>	98.55**	0.41**	10.69**	0.67**	861.29**	5.72**	6.45**	135.94**	90.46**
b <sub>3</sub>	14	51.86*	69.10**	0.83**	38.20**	2.38**	3322.62**	5.54**	6.63**	269.74**	71.89**
خطا Error	96	20.85	1.62	0.007	0.33	0.01	59.91	0.011	0.38	1.45	0.29

ادامه جدول ۴

Continue table 4

منبع تغییر SOV	درجه آزادی D.F	میانگین مربعات MS									
		عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	روز تا رسیدن فیزیولوژیک	روز تا ۹۰ درصد گلدهی	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	وزن هزارانه	درصد روغن	درصد پروتئین	
		Grain yield	Biological yield	Harvest index	Days to physiological maturity	Days to 90 flowering	Days to 50 flowering	1000-seed weight	Oil percent	Protein percent	
تکرار Replication	2	60.05 <sup>ns</sup>	641.82 <sup>ns</sup>	0.000007 <sup>ns</sup>	4.08**	0.25 <sup>ns</sup>	0.46 <sup>ns</sup>	0.000 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	0.004 <sup>ns</sup>	
a	6	118177.40**	2030148.34**	0.007**	51.57**	3.92**	2.81**	0.002**	338.98**	1.31**	
b	21	56545.29**	1479647.20**	0.007**	40.22**	2.48**	0.90**	0.002**	223.14**	0.37**	
b <sub>1</sub>	1	55894.98**	1145746.29**	0.0001 <sup>ns</sup>	7.00*	0.10 <sup>ns</sup>	0.89*	0.001**	371.62**	0.04*	
b <sub>2</sub>	6	21517.19**	387232.00**	0.004**	9.24**	3.01**	0.95 <sup>ns</sup>	0.001**	319.14**	0.23**	
b <sub>3</sub>	14	71603.78**	1971675.20**	0.009**	55.87**	2.42**	0.88**	0.002**	171.40**	0.44**	
خطا Error	96	193.19	894.15	0.00003	0.34	0.26	0.28	0.000	0.06	0.002	

<sup>ns</sup>, \* و \*\* به ترتیب نشان دهنده عدم معنی داری، معنی داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

باشد علامت  $h^2$  منفی می‌باشد. مثبت بودن علامت  $h^2$  در تمامی صفات نشان‌دهنده فراوانی بیشتر آل‌های افزایشنده در جمعیت است و علاوه بر آن آل‌های افزایشنده غالب می‌باشند. تنها در چهار صفت فوق‌الذکر فراوانی آل‌های افزایشنده و غالب قابل توجه است. در مابقی صفات آل‌های افزایشنده و کاهشنده تفاوت معنی‌دار نداشتند. در مطالعه سدیک و وفا (Sedek and Wafaa, 2013) مقدار  $h^2$  برای همه صفات به جز یک صفت معنی‌دار بود که برخلاف مطالعه کنونی است که در آن مقدار  $h^2$  در اکثر صفات معنی‌دار نبود (جدول ۵).

**پارامتر E:** پارامتر E در اکثر صفات معنی‌دار نشد (جدول ۴) که نشان‌دهنده حساسیت کمتر این صفات به تغییرات محیطی است. در چهار صفت ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، تعداد کپسول و روز تا ۵۰ درصد گلدهی اثرات محیطی قابل توجه بود. این نتایج با نتایج سدیک و وفا (Sedek and Wafaa, 2013) که در آن E برای اکثر صفات معنی‌دار نشد، مطابقت دارد (جدول ۵).

**پارامترهای ژنتیکی درجه دوم،  $H_1-H_2$ :** مقدار این پارامتر در کلیه صفات به استثنای تعداد کپسول و روز تا ۵۰ درصد گلدهی مثبت گردید پس می‌توان چنین اظهار نمود که در کلیه صفات به استثنای دو صفت فوق فراوانی آل‌های غالب و مغلوب برابر نبود (جدول ۶).

**$\sqrt{(H_1/D)}$ :** متوسط درجه غالبیت  $\sqrt{(H_1/D)}$  در صفات ارتفاع، ارتفاع تا اولین کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، طول برگ، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، روز تا رسیدن فیزیولوژیک و درصد پروتئین کمتر از یک بود؛ بنابراین در این صفات عمل ژن به صورت غالبیت ناقص بود (جدول ۶). در صفات عرض کپسول، طول کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد دانه در کپسول، شاخص برداشت، روز تا ۹۰ درصد گلدهی، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، وزن هزاردانه و درصد روغن مقدار پارامتر بیش از یک بود؛ بنابراین در این صفات عمل ژن به صورت فوق غلبه بود (جدول ۶). این نتایج با نتایج سدیک و وفا (Sedek and Wafaa, 2013) برای صفات روز تا گلدهی و وزن ۱۰۰۰ دانه تطابق و برای صفات ارتفاع بوته، عملکرد دانه و طول کپسول و نتایج عبدالعزیز و همکاران (Abd Elaziz and Ghareeb, 2018) که غالبیت ناقص را برای همه صفات گزارش نمود تناقض دارد (جدول ۶).

**پارامتر F:** پارامتر F (متوسط کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت) در اکثر صفات معنی‌دار نشد و در صفات ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، طول برگ، تعداد کپسول و روز تا رسیدن فیزیولوژیک معنی‌دار شد (جدول ۵). مقدار F تعیین کننده تقارن ژنی است. در صفات فوق‌الذکر (که معنی‌دار شدند) فراوانی آل‌های غالب و مغلوب مساوی نیست و در مابقی صفات فراوانی آل‌های غالب و مغلوب مساوی است. در صفات ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، عرض و طول کپسول، وزن کپسول و تعداد برگ علامت F منفی و در مابقی صفات علامت F مثبت گردید. در اکثر صفات که علامت F مثبت است، آل‌های غالب صرف نظر از مثبت یا منفی بودن در بین والدین فراوانی بیشتری دارند، لیکن تنها در صفاتی که F معنی‌دار است این تفاوت فراوانی قابل توجه است. با توجه به آن که تنها در دو صفت ارتفاع گیاه و ارتفاع تا اولین کپسول F منفی و معنی‌دار بود؛ بنابراین در این دو صفت آل‌های مغلوب فراوانی بیشتری نسبت به آل‌های غالب داشتند. در سه صفت تعداد برگ، تعداد کپسول و روز تا رسیدن فیزیولوژیک F مثبت و معنی‌دار بود؛ بنابراین در این سه صفت آل‌های غالب فراوانی بیشتری نسبت به آل‌های مغلوب داشتند. در سایر صفات اگرچه علامت F منفی یا مثبت است، لیکن تفاوت فراوانی آل‌های غالب و مغلوب قابل توجه نیست. این نتایج برخلاف نتایج گامی و همکاران (Gami et al., 2020) برای صفات روز تا گلدهی، طول کپسول و محتوای روغن و نتایج سدیک و وفا (Sedek and Wafaa, 2013) برای طول کپسول، وزن هزاردانه و عملکرد دانه بود (جدول ۵).

**پارامتر  $h^2$ :** در اکثر صفات  $h^2$  معنی‌دار نگردید و فقط در صفات ارتفاع تا اولین کپسول، طول کپسول، طول برگ و روز تا رسیدن فیزیولوژیک  $h^2$  معنی‌دار گردید (جدول ۵). اثر غالبیت کلی مکان‌های ژنی هتروزیگوت یا  $h^2$  یک اندازه از اثرات غالبیت است و به صورت جمع جبری کل مکان‌های ژنی در کلیه تلاقی‌ها در فاز هتروزیگوت می‌باشد. معنی‌دار بودن  $h^2$  عدم یکسانی گروه‌های ژنی مثبت و منفی را در والدین نشان می‌دهند و نشان می‌دهد اثرات غالبیت عمدتاً به فاز هتروزیگوت در همه تلاقی‌ها قابل استناد است و غالبیت برای این صفات یک‌جهته است. عدم معنی‌داری  $h^2$  نشان می‌دهد که غالبیت یک‌جهته نیست. اگر آل‌های افزایشنده در جمعیت بیشتر باشند و آل‌های افزایشنده غالب باشد علامت  $h^2$  مثبت و برعکس آن چنانچه آل‌های کاهشنده در جمعیت بیشتر باشد و آل‌های کاهشنده غالب

جدول ۵ - پارامترهای ژنتیکی درجه اول صفات مختلف کنجد

Table 5. First-order genetic parameters of different sesame traits

پارامترهای ژنتیکی	ارتفاع گیاه (سانتی متر)	ارتفاع تا اولین کپسول (سانتی متر)	عرض کپسول (سانتی متر)	طول کپسول (سانتی متر)	وزن کپسول (گرم)	تعداد برگ	طول برگ (سانتی متر)	تعداد شاخه فرعی	تعداد دانه در کپسول	تعداد کپسول
Genetic parameters	Plant height (cm)	Height to first capsule (cm)	Capsule width (cm)	Capsule length (cm)	Capsule weight (gr)	Leaf number	Leaf length (cm)	Number of auxiliary branches	Seed per capsule	Number of capsules
E	20.84 ± 1.37 <sup>**</sup>	0.54 ± 0.04 <sup>**</sup>	0.002 ± 0.05 <sup>ns</sup>	0.11 ± 1.12 <sup>ns</sup>	0.002 ± 0.01 <sup>ns</sup>	20.77 ± 29.75 <sup>ns</sup>	0.003 ± 0.08 <sup>ns</sup>	0.38 ± 0.60 <sup>ns</sup>	0.54 ± 20.24 <sup>ns</sup>	0.09 ± 0.02 <sup>**</sup>
D	36.99 ± 3.89 <sup>**</sup>	51.99 ± 0.10 <sup>**</sup>	0.06 ± 0.15 <sup>ns</sup>	7.73 ± 3.16 <sup>*</sup>	1.44 ± 0.04 <sup>**</sup>	1765.89 ± 84.16 <sup>**</sup>	5.43 ± 0.22 <sup>**</sup>	1.98 ± 1.70 <sup>ns</sup>	53.15 ± 57.25 <sup>ns</sup>	53.86 ± 0.07 <sup>**</sup>
F	-19.57 ± 9.33 <sup>*</sup>	-2.54 ± 0.25 <sup>**</sup>	-0.13 ± 0.36 <sup>ns</sup>	-2.37 ± 7.58 <sup>ns</sup>	-0.07 ± 0.11 <sup>ns</sup>	-63.81 ± 201.90 <sup>ns</sup>	1.16 ± 0.53 <sup>*</sup>	0.23 ± 4.09 <sup>ns</sup>	70.47 ± 137.34 <sup>ns</sup>	1.27 ± 0.17 <sup>**</sup>
H <sub>1</sub>	0.00 ± 9.37 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.25 <sup>ns</sup>	0.83 ± 0.36 <sup>*</sup>	26.36 ± 7.61 <sup>**</sup>	0.17 ± 0.11 <sup>ns</sup>	570.45 ± 202.62 <sup>**</sup>	2.28 ± 0.53 <sup>**</sup>	11.94 ± 4.10 <sup>**</sup>	422.05 ± 137.83 <sup>**</sup>	0.24 ± 0.17 <sup>ns</sup>
H <sub>2</sub>	0.00 ± 8.25 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.22 <sup>ns</sup>	0.70 ± 0.32 <sup>*</sup>	20.20 ± 6.70 <sup>**</sup>	0.14 ± 0.09 <sup>ns</sup>	525.47 ± 178.53 <sup>**</sup>	1.70 ± 0.46 <sup>**</sup>	10.73 ± 3.62 <sup>**</sup>	352.04 ± 121.45 <sup>**</sup>	0.25 ± 0.15 <sup>ns</sup>
h <sup>2</sup>	0.00 ± 5.54 <sup>ns</sup>	0.35 ± 0.15 <sup>*</sup>	0.20 ± 0.22 <sup>ns</sup>	40.91 ± 4.50 <sup>**</sup>	0.01 ± 0.06 <sup>ns</sup>	67.07 ± 119.91 <sup>ns</sup>	0.89 ± 0.31 <sup>**</sup>	0.14 ± 2.43 <sup>ns</sup>	1.66 ± 81.57 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.10 <sup>ns</sup>
ML <sub>1</sub> -ML <sub>0</sub>	1.57	0.15	0.05	10.24	0.002	19.31	0.22	0.08	0.48	0.005

ادامه جدول ۵

Continued table 5

پارامترهای ژنتیکی	عملکرد دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (گرم)	شاخص برداشت	روز تا رسیدن فیزیولوژیک	روز تا ۹۰ درصد گلدهی	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	وزن هزار دانه (گرم)	درصد روغن (درصد)	درصد پروتئین (درصد)
Genetic parameters	Grain yield (gr)	Biological yield (gr)	Harvest index	Days to physiological maturity	Days to 90% flowering	Days to 50% flowering	1000-seed weight (gr)	Oil percent (%)	Protein percent (%)
E	62.81 ± 3287.25 <sup>ns</sup>	295.05 ± 23946.44 <sup>ns</sup>	0.0000 ± 0.0005 <sup>ns</sup>	0.34 ± 0.57 <sup>ns</sup>	0.08 ± 0.06 <sup>ns</sup>	0.09 ± 0.04 <sup>*</sup>	0.0000 ± 0.0001 <sup>ns</sup>	0.02 ± 12.76 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.01 <sup>ns</sup>
D	42888.44 ± 9297.74 <sup>**</sup>	1057715.01 ± 67730.77 <sup>**</sup>	0.0013 ± 0.0015 <sup>ns</sup>	24.80 ± 1.61 <sup>**</sup>	1.19 ± 0.16 <sup>**</sup>	0.41 ± 0.13 <sup>**</sup>	0.0002 ± 0.0004 <sup>ns</sup>	18.35 ± 36.08 <sup>ns</sup>	0.33 ± 0.02 <sup>**</sup>
F	11899.10 ± 22305.11 <sup>ns</sup>	159283.58 ± 162484.73 <sup>ns</sup>	0.0003 ± 0.0037 <sup>ns</sup>	8.08 ± 3.87 <sup>*</sup>	0.30 ± 0.39 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.31 <sup>ns</sup>	0.0000 ± 0.0010 <sup>ns</sup>	0.00 ± 86.55 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.05 <sup>ns</sup>
H <sub>1</sub>	29248.14 ± 22384.06 <sup>ns</sup>	293494.20 ± 163059.90 <sup>ns</sup>	0.0085 ± 0.0037 <sup>*</sup>	19.25 ± 3.89 <sup>**</sup>	1.75 ± 0.39 <sup>**</sup>	0.70 ± 0.31 <sup>*</sup>	0.0020 ± 0.0010 <sup>ns</sup>	329.68 ± 86.86 <sup>**</sup>	0.09 ± 0.05 <sup>ns</sup>
H <sub>2</sub>	24988.70 ± 19723.50 <sup>ns</sup>	243394.35 ± 143678.67 <sup>ns</sup>	0.0079 ± 0.0032 <sup>*</sup>	16.87 ± 3.42 <sup>**</sup>	1.45 ± 0.34 <sup>**</sup>	0.71 ± 0.27 <sup>*</sup>	0.0018 ± 0.0009 <sup>ns</sup>	315.58 ± 76.54 <sup>**</sup>	0.08 ± 0.05 <sup>ns</sup>
h <sup>2</sup>	1493.80 ± 13247.21 <sup>ns</sup>	3009.80 ± 96501.20 <sup>ns</sup>	0.0006 ± 0.0022 <sup>ns</sup>	20.23 ± 2.30 <sup>**</sup>	0.00 ± 0.23 <sup>ns</sup>	0.12 ± 0.18 <sup>ns</sup>	0.0002 ± 0.0006 <sup>ns</sup>	88.41 ± 51.40 <sup>ns</sup>	0.00 ± 0.03 <sup>ns</sup>
ML <sub>1</sub> -ML <sub>0</sub>	381.14	788.58	0.00	5.10	0.002	0.04	0.00	22.11	0.00

ns, \* و \*\* به ترتیب نشان دهنده عدم معنی داری، معنی داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

ns, \* and \*\*: Not significant, significance at the 5% and 1% probability level, respectively

**H<sub>2</sub>/(4H<sub>1</sub>):** توزیع ژن‌های با اثرات مثبت و منفی در والدین: مقدار پارامتر H<sub>2</sub>/(4H<sub>1</sub>) در کلیه صفات به‌استثنای روز تا ۵۰ درصد گلدهی کمتر از مقدار ۰/۲۵ بود (جدول ۶)؛ بنابراین در کلیه صفات به‌استثنای روز تا ۵۰ درصد گلدهی ژن‌های افزایش‌دهنده (مثبت) و کاهش‌دهنده (منفی) توزیع نامتقارنی در بین والدین داشتند و تنها در صفت روز تا ۵۰ درصد گلدهی ژن‌های افزایش‌دهنده و کاهش‌دهنده توزیع متقارنی در بین والدین داشتند. گامی و همکاران (Gami *et al.*, 2020) نیز مقادیر بیشتر H<sub>1</sub> نسبت به H<sub>2</sub> و نسبت (۰/۲۵) < H<sub>2</sub>/4H<sub>1</sub> توزیع نامتعادل ژنی در والدین را برای تمامی صفات گزارش نمودند که با مطالعه کنونی مطابقت دارد.

**(√(4DH<sub>1</sub>)+F)/(√(4DH<sub>1</sub>)-F):** توزیع ژن‌های غالب و مغلوب در والدین: پارامتر (√(4DH<sub>1</sub>)+F)/(√(4DH<sub>1</sub>)-F) در نیمی از صفات شامل ارتفاع گیاه، ارتفاع تا اولین کپسول، طول برگ، تعداد دانه در کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، روز تا رسیدن فیزیولوژیک و روز تا ۹۰ درصد گلدهی متفاوت از واحد (یک) گردید (جدول ۶)؛ بنابراین در این صفات ژن‌های غالب و مغلوب به‌طور مساوی در بین والدین توزیع نشدند و ژن‌های غالب بیشتر از مغلوب بودند. در صفات عرض کپسول، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، تعداد شاخه فرعی، شاخص برداشت، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، وزن هزاردانه، درصد روغن و درصد پروتئین (۱۰ صفت) برابر با واحد (یک) در محدوده واریانس نمونه‌گیری گردید؛ بنابراین در این صفات ژن‌های غالب و مغلوب با نسبت مساوی در بین والدین توزیع شدند (جدول ۶). لازم به ذکر است که هر چه مقدار این پارامتر از یک فراتر رود تعداد ژن‌های غالب بیشتر و تعداد ژن‌های مغلوب کمتری دخالت دارند؛ بنابراین در صفت تعداد دانه در کپسول بیشترین ژن غالب و کمترین ژن مغلوب و در صفات ارتفاع گیاه و ارتفاع تا اولین کپسول کمترین ژن غالب و بیشترین ژن مغلوب در کنترل این صفات نقش داشتند.

**r $\bar{Y}_r$ , (W<sub>r</sub> + V<sub>r</sub>):** همبستگی بین مرتبه غالبیت والدینی برای هر آرایه و میانگین والد مشترک: معنی‌دار بودن {r $\bar{Y}_r$ , (W<sub>r</sub> + V<sub>r</sub>)} نشان‌دهنده متوسط غالبیت در یک

جهت و عدم معنی‌داری آن نشان‌دهنده غالبیت در دو جهت می‌باشد. ضریب همبستگی مثبت نشان‌دهنده آن است که ژن‌های افزایشی موجود در والدین غالب و ضریب همبستگی منفی نشان‌دهنده آن است که ژن‌های افزایشی موجود در والدین مغلوب هستند. با توجه به علامت مثبت این پارامتر در صفات ارتفاع بوته، عرض کپسول، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول، عملکرد بیولوژیک، روز تا ۹۰ درصد گلدهی، وزن هزاردانه و درصد پروتئین، ژن‌های افزایشی موجود در والدین غالب بودند و با توجه به علامت منفی این پارامتر در صفات ارتفاع تا اولین کپسول، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، طول برگ، تعداد دانه در کپسول، عملکرد دانه، شاخص برداشت، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، روز تا ۵۰ درصد گلدهی و درصد روغن، ژن‌های افزایشی موجود در والدین مغلوب بودند (جدول ۶).

**h<sup>2</sup>/H<sub>2</sub>:** تعداد گروه‌های ژنی دارای غالبیت: h<sup>2</sup>/H<sub>2</sub> که تعداد بلوک‌های ژنی غالب کنترل‌کننده صفت را نشان می‌دهد و در حقیقت متفاوت از تعداد عوامل مؤثر ماتر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) می‌باشد در اکثر صفات کمتر از یک به‌دست آمد؛ بنابراین در اکثر صفات یک بلوک ژنی غالب کنترل‌کننده صفت وجود داشت (جدول ۶). مقدار پارامتر در صفت طول کپسول بیش از یک و در صفت روز تا رسیدن فیزیولوژیک بیش از دو به‌دست آمد، پس بنابراین نتایج این صفات با بیش از یک بلوک ژنی یعنی دو و سه تا کنترل شدند. سدیک و وفا (Sedeck and Wafaa, 2013) مقدار این پارامتر را برای همه صفات به‌جز طول کپسول و وزن هزاردانه بیش از یک گزارش نمودند که برخلاف نتایج کنونی است.

**h<sub>n</sub><sup>2</sup> و h<sub>b</sub><sup>2</sup>:** h<sub>n</sub><sup>2</sup>: h<sub>b</sub><sup>2</sup> یا وراثت‌پذیری عمومی بین حداقل ۰/۴۷ برای ارتفاع گیاه تا حداکثر ۰/۹۹ برای عرض کپسول، طول کپسول، وزن کپسول، طول برگ، تعداد دانه در کپسول، تعداد کپسول، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن هزاردانه، درصد روغن و درصد پروتئین متغیر بود (جدول ۶). با توجه به این‌که این پارامتر سهم واریانس ژنتیکی از واریانس فنوتیپی کل را نشان می‌دهد؛

از یک مکان ژنی به مکان دیگر متغیر بود. در سایر صفات مقدار این پارامتر بیش از صفر گردید؛ بنابراین در این صفات مقادیر  $d$  و  $h$  مستقل از یکدیگر عمل نمودند.

**تجزیه گرافیکی هیمن:** با توجه به گراف‌های به دست آمده (شکل ۲)، در اکثر صفات شامل ارتفاع بوته، ارتفاع تا اولین کپسول، عرض کپسول، طول کپسول، وزن کپسول، تعداد برگ، طول برگ، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا ۹۰ درصد گلدهی، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، وزن هزاردانه و درصد پروتئین خط رگرسیون محور  $W_T$  را بالای مبدأ قطع نمود و این نشان‌دهنده عرض از مبدأ مثبت خط رگرسیون می‌باشد (شکل ۲). چنانچه  $H_1 < D$  باشد خط رگرسیون محور  $W_T$  را در طرف مثبت یعنی بالای مبدأ قطع خواهد کرد. این موضوع اهمیت بیشتر واریانس ژنتیکی را در وراثت صفت می‌رساند. با توجه به این مطلب در صفات فوق‌الذکر واریانس افزایشی اهمیت بیشتری نسبت به واریانس غالبیت در کنترل ژنتیکی صفات فوق خواهد داشت. در صفات تعداد دانه در کپسول و درصد روغن خط رگرسیون محور  $W_T$  را پایین مبدأ قطع نمود (شکل ۲). چنانچه  $H_1 > D$  باشد خط رگرسیون محور را در زیر مبدأ قطع خواهد کرد و نشان‌دهنده فوق‌غالبیت است؛ بنابراین در دو صفت فوق عمل ژن به صورت فوق‌غالبیت می‌باشد. این نتایج تا حد زیادی نتایج عددی هیمن (Hayman, 1954a,b) را تأیید نمود. این نتایج برخلاف نتایج راتود و همکاران (Rathod et al., 2021) است که در تمامی صفات به‌استثنای صفت تعداد شاخه خط رگرسیون محور  $W_T$  را در زیر مبدأ قطع نمود. لازم به ذکر است که نقاط آرایش نزدیک مبدأ، نشان‌دهنده آن است که والد مشترک آن آرایش، دارای اکثر ژن‌های غالب و برعکس نقاط آرایش دور از مبدأ، نشان‌دهنده آن است که والد مشترک آن آرایش، دارای اکثر ژن‌های مغلوب است و نقاط حد واسط دارای نسبت‌های مختلفی از ژن‌های غالب و مغلوب می‌باشند. با توجه به مطلب فوق، والدین دارای بیشترین آلل غالب و دارای بیشترین آلل مغلوب برای کلیه صفات در جدول ۷ آمده است (جدول ۷).

بنابراین مقادیر بالای این پارامتر در اکثر صفات نشان‌دهنده سهم بالای واریانس ژنتیکی است.  $h_n^2$  یا وراثت‌پذیری خصوصی بین حداقل ۰/۱۷ برای درصد روغن تا حداکثر ۰/۹۸ برای ارتفاع تا اولین کپسول متغیر بود. با توجه به آن‌که مقدار بالای این پارامتر سهم بالای واریانس ژنتیکی افزایشی از واریانس فنوتیپی کل را نشان می‌دهد و از طرفی در اکثر صفات مقدار آن نسبتاً بالا بود؛ بنابراین امکان ایجاد نوترکیب‌های مناسب در نسل‌های در حال تفکیک در اکثر صفات وجود دارد. وراثت‌پذیری عمومی بالا نشان می‌دهد که این ویژگی توسط عوامل ژنتیکی اصلی کنترل می‌شود. مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برای عملکرد دانه ۰/۷۴ بود. مقدار بالای این پارامتر برای عملکرد منطقی به نظر نمی‌رسد که علت این امر می‌تواند وجود خطا در اندازه‌گیری این صفت باشد. مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی برای محتوای روغن در کنجد توسط آلیج و مصطفی (Alege and Mustapha, 2013) و تریپاتی و همکاران (Tripathi et al., 2014) پیشنهاد شده است که با مطالعه کنونی تطابق دارد. مقادیر وراثت‌پذیری خصوصی بالا برای اکثر صفات نشان داد که این صفات عمدتاً توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شود. این مشاهدات با یافته‌های آلیج و مصطفی (Alege and Mustapha, 2013)، تریپاتی و همکاران (Tripathi et al., 2014)، البراموی و شبان (El-Bramawy and Shaban, 2007) و رامش و همکاران (Ramesh et al., 1998) مطابقت دارد.

**ژنی دیگر:**  $(1/2)F^2/D(H_1-H_2)$ : سطح غالبیت از یک مکان به مکان، پارامتر  $(1/2)F^2/D(H_1-H_2)$  در صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، وزن هزاردانه، درصد روغن و درصد پروتئین برابر با صفر بود (جدول ۶). در صورتی این نسبت برابر با صفر خواهد بود که مقادیر  $d$  ارزش ژنوتیپ غالب هموزیگوت (AA) بیان شده به صورت انحراف از نقطه میانی  $\{$  و  $h$  ارزش ژنوتیپ هتروزیگوت (Aa) بیان شده به صورت انحراف از نقطه میانی  $\}$  در مکان‌های ژنی متفاوت مستقل از یکدیگر باشند. با توجه به این امر در صفات فوق‌الذکر مقادیر  $d$  و  $h$  مستقل از یکدیگر بودند و سطح غالبیت

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی درجه دوم صفات مختلف کنجد

Table 6. Quadratic genetic parameters of different sesame traits

پارامتر	ارتفاع	ارتفاع تا اولین	عرض	طول	وزن	تعداد	طول	تعداد	تعداد دانه	تعداد
Parameter	گیاه (سانتی متر)	کپسول (سانتی متر)	کپسول (سانتی متر)	کپسول (سانتی متر)	کپسول (گرم)	برگ	برگ (سانتی متر)	شاخه فرعی	در کپسول	کپسول
	Plant height (cm)	Height to first capsule (cm)	Capsule width (cm)	Capsule length (cm)	Capsule weight (gr)	Leaf number	Leaf length (cm)	Number of auxiliary branches	Seed per capsule	Number of capsules
$H_1-H_2$	0	0	0.13	6.16	0.03	44.98	0.58	1.21	70.01	-0.01
$\sqrt{(H_1/D)}$	0.00	0.00	3.57	1.84	0.35	0.57	0.65	2.45	2.83	0.07
$H_2/(4H_1)$	0.00	0.00	0.21	0.19	0.21	0.23	0.18	0.22	0.21	0.26
$(\sqrt{(4DH_1)+F})/(\sqrt{(4DH_1)-F})$	0.00	0.00	1	1	1	1	1.40	1.04	1.61	1.43
$r\bar{Y}_r, (W_r + V_r)$	0.62	-0.15	0.23	-0.81	-0.56	-0.68	-0.67	0.34	-0.64	0.63
$h^2/H_2$	0.00	0.02	0.29	2.02	0.05	0.13	0.52	0.01	0.005	0.00
$h_b^2$	0.47	0.98	0.99	0.99	0.99	0.98	0.99	0.92	0.99	0.99
$h_n^2$	0.47	0.98	0.34	0.57	0.95	0.85	0.85	0.33	0.24	0.96
$((1/2)F)^2/D(H_1-H_2)$	0	0	0.54	0.03	0.03	0.013	0.11	0.01	0.33	-0.75

ادامه جدول ۶

Continued table 6

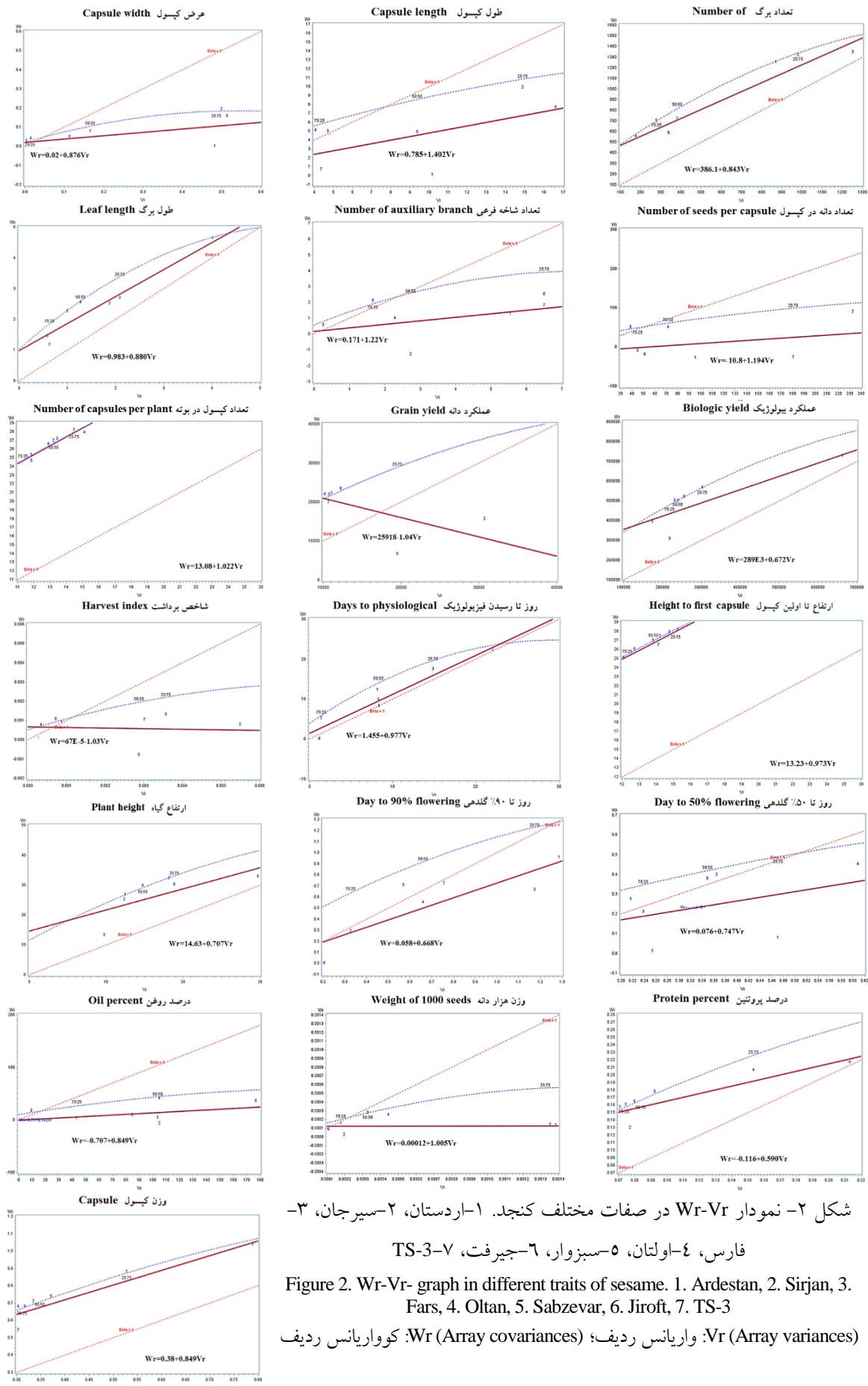
پارامتر	عملکرد	عملکرد	شاخص	روز تا رسیدن	روز تا ۹۰	روز تا ۵۰	وزن	درصد روغن	درصد	عملکرد
Parameter	دانه (گرم)	بیولوژیک (گرم)	برداشت	فیزیولوژیک	درصد گلدهی	درصد گلدهی	هزاردانه (گرم)	(درصد)	پروتئین (درصد)	دانه (گرم)
	Grain yield (gr)	Biologica l yield (gr)	Harvest index	Days to physiological maturity	Days to 90 % flowering	Days to 50 % flowering	1000-seed weight (gr)	Oil percent (%)	Protein percent (%)	Grain yield (gr)
$H_1-H_2$	4259.44	50099.85	0.0006	2.38	0.3	-0.01	0.0002	14.1	0.01	-0.01
$\sqrt{(H_1/D)}$	0.82	0.53	2.53	0.88	1.21	1.30	2.98	4.24	0.51	1.30
$H_2/(4H_1)$	0.21	0.21	0.23	0.22	0.21	0.25	0.22	0.24	0.22	0.25
$(\sqrt{(4DH_1)+F})/(\sqrt{(4DH_1)-F})$	1.40	1.33	1.08	1.45	1.22	1	1	1	1	1
$r\bar{Y}_r, (W_r + V_r)$	-0.36	0.73	-0.64	-0.82	0.14	-0.37	0.15	-0.15	0.27	-0.37
$h^2/H_2$	0.06	0.01	0.08	1.20	0.00	0.17	0.14	0.28	0.003	0.17
$h_b^2$	0.99	0.99	0.99	0.97	0.92	0.79	0.99	0.99	0.99	0.79
$h_n^2$	0.74	0.88	0.30	0.68	0.57	0.42	0.36	0.17	0.89	0.42
$((1/2)F)^2/D(H_1-H_2)$	0.19	0.12	0.03	0.28	0.06	0	0	0	0	0



جدول ۷- والدین دارای بیشترین آلل غالب و بیشترین آلل مغلوب

Table 7. Parents with the most dominant and the most recessive allele

صفات Traits	والد دارای بیشترین آلل غالب Parent with the most dominant allele	والد دارای بیشترین آلل مغلوب Parent with the most recessive allele
ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant height (cm)	3	5
ارتفاع تا اولین کپسول (سانتی‌متر) Height to first capsule (cm)	4	1
عرض کپسول (سانتی‌متر) Capsule width (cm)	3	5
طول کپسول (سانتی‌متر) (Capsule length (cm)	7	6
وزن کپسول (گرم) Capsule weight (gr)	7	3
تعداد برگ Leaf number	1	3
طول برگ (سانتی‌متر) Leaf length (cm)	7	2
تعداد شاخه فرعی Number of auxiliary branches	3	6
تعداد دانه در کپسول Seed per capsule	6	2
تعداد کپسول Number of capsules	5	4
عملکرد دانه (گرم) (Grain yield (gr)	5	2
عملکرد بیولوژیک (گرم) (Biological yield (gr)	4	3
شاخص برداشت Harvest index	4	2
روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	6	2
روز تا ۹۰ درصد گلدهی flowering Days to 90	6	1
روز تا ۵۰ درصد گلدهی flowering Days to 50	7	4
وزن هزاردانه (گرم) (gr) seed weight 1000	2	1
درصد روغن (درصد) (%) Oil percent	3	6
درصد پروتئین (درصد) (%) Protein percent	2	6



شکل ۲- نمودار  $Wr-Vr$  در صفات مختلف کنجد. ۱- اردستان، ۲- سیرجان، ۳-

فارس، ۴- اولتان، ۵- سبزووار، ۶- جیرفت، ۷- TS-3-7

Figure 2.  $Wr-Vr$ - graph in different traits of sesame. 1. Ardestan, 2. Sirjan, 3. Fars, 4. Oltan, 5. Sabzevar, 6. Jiroft, 7. TS-3

$Vr$  (Array variances)؛ واریانس ردیف؛  $Wr$  (Array covariances): کوواریانس ردیف



بود و کارهای اصلاحی در این زمینه نتیجه‌بخش خواهد بود. همچنین با توجه به آن‌که ژنوتیپ‌های فارس، اولتان و TS-3 بیشترین آلل‌های غالب را داشتند؛ بنابراین توصیه می‌شود که در مطالعات آتی به این سه ژنوتیپ توجه بیشتری معطوف گردد. در مطالعه کنونی بهترین دورگ از تلاقی بین ژنوتیپ‌های سبزوار و سیرجان به‌دست آمد و توصیه می‌شود در این زمینه مطالعات بیشتری صورت گیرد تا بتوان از بین این دورگ‌ها یک رقم اصلاحی را معرفی نمود. آنچه مسلم است این است که مطالعه کنونی اولین گزارش در زمینه تلاقی ارقام کنجد می‌باشد و با توجه به میزان بالای واردات روغن به کشور، می‌طلبد تا در پژوهش‌های بیشتر زمینه برای اصلاح این گیاه روغنی در کشور فراهم شده تا ضمن معرفی ارقام با عملکرد دانه و روغن بالا به کشاورزان، وابستگی کشور به واردات روغن را کمتر نمود.

اجزای آن هم اجزای افزایشی و هم غالبیت نقش دارد و بسته به نوع صفت می‌توان از گزینش صفات مطلوب و یا دورگ‌گیری بهره جست و صفات مدنظر را بهبود بخشید. وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی بالا برای اکثر صفات (به‌غیر از درصد روغن با وراثت‌پذیری خصوصی پایین) نشان‌دهنده امیدبخش بودن مواد ژنتیکی مورد مطالعه در مطالعات آتی را دارد؛ بنابراین می‌توان از بین این مواد ژنوتیپ‌های برتر را برای شرایط آب و هوایی بیرجند انتخاب نمود.

با توجه به آن‌که در کنترل ژنتیکی صفت عملکرد و صفات مرتبط با آن در کنجد هم اثرات افزایشی و هم اثرات غیرافزایشی دخالت داشتند؛ بنابراین با گزینش والدین و ایجاد دورگ‌های برتر و به‌طور خاص با دورگ‌گیری نژادهای بومی و محلی و انتخاب دورگ برتر می‌توان به بهبود عملکرد در کنجد با استفاده از بهبود صفت عملکرد و اجزای آن امیدوار

## References

- Abatchoua, A.** (2021). Variability and diallel analysis of seed protein content in sesame (*Sesamum indicum* L.). *The 38<sup>th</sup> International Conference on Drug Discovery and Drug delivery system and 24<sup>th</sup> Global Congress on Biotechnology and 26th World Congress on Biotechnology*, Webinar. University of Ngaoundere, Cameroon.
- Abd Elaziz, G.B. and Ghareeb, Z.E.** (2018). Gene action and combining ability for seed yield and its components in eight Sesame genotypes diallel crosses. *Journal of Plant Production*, **9(8)**: 695-702.
- Abdelfadeel, A.A.B.** (2021). Combining ability and heterosis estimates using diallel analysis for seed yield and its components in some Sesame genotypes (*Sesamum indicum* L.). M.Sc. Thesis, University of Gezira, Gezira State, Sudan.
- Abdel-Gawad, N.M., Ashmawy, F. and El-Taweel, A.M.S.A.** (2002). A statistical genetic analysis for main sesame characters. *Egyptian Journal of Plant Breeding*, **6(2)**: 87-100.
- Ahmed, S.B.M. and Adam, S.I.** (2014). Combining ability for yield and yield components in six parents and their 15 F<sub>1</sub> hybrids of sesame (*Sesamum indicum* L.) in half diallel mating design. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, **6(12)**: 179-184.
- Aladji Abatchoua, M.M.I., Noubissié, T.J.B., Njintang, Y.N., Nguimbou, R.M. and Bell, J.M.** (2015). Diallel analysis of seed oil content in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of Global Biosciences*, **4(3)**: 1735-1746.
- Alege, G.O. and Mustapha, O.T.** (2013). Assessment of genetic diversity in Nigerian sesame using proximate analysis. *Global Journal of Bioscience and Biotechnology*, **2(1)**: 57-62.
- Ammar, S.E.M.M.** (1999). Genetic nature of yield and yield components in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Zagazig Journal of Agriculture Research*, **26(1)**: 1-10.
- Ammar, S.E.M.M.** (2004). Combining ability and heterosis in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Zagazig Journal of Agriculture Research*, **31(2)**: 457-472.
- Anyanga, W.O., Rubaihayo, P., Gibson, P. and Okori, P.** (2016). Combining ability and gene action in sesame (*Sesamum indicum* L) elite genotypes by diallel mating design. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, **8(11)**: 250-256.
- Arnon, D.I.** (1975). Physiological principles of dryland crop production in physiological aspects of dryland farming. In: Gupta, U.S., Ed., *Physiological Aspects of Dryland Farming*, Oxford Press, Oxford, UK.

- Aye, M., Win, S. and Hom, N.H.** (2018). Combining ability and heterosis studies in sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes. *International Journal of Advanced Research*, **6(2)**: 1220-1229.
- Bakheit, B.R. and Mahdy, E.E.** (1987). Gene action in the inheritance of earliness and some morphological traits in sesame. *Assiut Journal of Agricultural Science*, **18(1)**: 175-188.
- Bakheit, B.R., El- Shimy, A.A., Sedeck, F.S. and Ismail, A.A.** (2000). Triple test cross analysis in four sesame crosses (*Sesamum indicum* L.). Yield – Yield components and wilt infection. *Acta Agronomica Hungarica*, **48**: 363-371.
- Chatchaval, M.** (1989). *Inheritance of Yield and Yield Components in Sesame*. Kasetsart Univ., Bangkok, TH.
- Coulman, K.D., Liu, Z., Hum, W.Q., Michaelides, J. and Thompson, L.U.** (2005). Whole sesame is as rich a source of mammalian lignin precursors as whole flaxseed. *Nutrition and Cancer*, **52**:156-165.
- Daba, C., Ayana, A., Zeleke, H. and Wakjira, A.** (2017). Combining ability for seed yield and agronomic traits of sesame genotypes (*Sesamum indicum* L.) from Western Ethiopia. *Ethiopian Journal of Crop Science*, **5(1)**: 61-77.
- Dabholkar, A.R.** (1992). *Elements of Biometrical Genetics*. Concept Publishing Company, New Delhi, IND.
- Dhillon, B.S., Tyagi, R.K., Saxena, S. and Aggrawal, A.** (2004). *Plant Genetic Resources: Oilseed and Cash Crops*. Narosa Publishing House, New Delhi, IND.
- EL-Ahmer, B.A., Sheref, S.A., Shabana, R. and EL-Shakhess, S.A.M.** (1996). Gene action and heritability estimates in some sesame (*Sesamum indicum* L.) crosses. *Egyptian Journal of Agricultural Research*, **74(2)**: 371-381.
- El-Bramawy, M.A.S. and Shaban, W.I.** (2007). Nature of gene action for yield, yield components and major diseases resistance in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Research Journal of Agriculture and Biological Sciences*, **3**: 821-826.
- El-Shakhess, S.A.M.** (2003). Heterosis and inbreeding depression in sesame. *Egyptian Journal of Plant Breeding*, **7(1)**: 487-506.
- FAO.** (2023). FAOSTAT database, Food and Agriculture Organization of the United Nation, Rome, Italy, Available at <http://faostat3.fao.org>.
- Gami, R.A., Chauhan, B.B. and Patel, R.N.** (2020). Hayman's diallel analysis for yield and attributing traits in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, **11(2)**: 359-366.
- Ghada, B.A.** (2004). Comparative studies on the efficiency of diallel and triple test analysis in sesame (*Sesamum indicum* L.). Ph.D. Thesis, Agronomy Department, Faculty of Agriculture, Assiut University, Assiut, Egypt.
- Hayman, B.I.** (1954a). The analysis of diallel tables. *Biometrics*, **10**: 235-244.
- Hayman, B.I.** (1954b). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, **39**: 789-809.
- HobAllah, A.A.** (2000). Estimates of heterosis, combining ability and type of gene action for yield and its sesame (*Sesamum indicum*, L.). *Journal of Agricultural Science*, **25(11)**: 6627-6642.
- HobAllah, A.A., Kandil, A.A. and Dalia, M.N.K.** (2001). Diallel analysis for studying heterosis, combining ability and nature of gene action in sesame (*Sesamum indicum* L.). *The Second Plant Breeding Conference*, Assiut University, Assiut, Egypt.
- Irani-Taklae, S.K., Farzaneh, S., Tobeh, A. and Zeinalzadeh-Tabrizi, H.** (2019). Study of yield and yield components of sincere promising lines in Moghan climate. 2<sup>th</sup> International and 6<sup>th</sup> National Conference on Organic and Conventional Agriculture. Mohagheg Ardabili University, Ardabil, Iran.
- Ismail, S., Ahmad Khan, F., Mubarak, S. and Kanwal, B.** (2020). Heterosis in relation to combining ability studies in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of Genetics, Genomics and Plant Breeding*, **4(2)**: 68-75.
- Jinks, J.L. and Hayman, B.I.** (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics Newsletter*, **27**: 48-54.
- Kabi, M., Baisakh, B., Dash, M., Tripathy, S.K., Sahu, S. and Pani-grahi, K.K.** (2021). Gene action and combining ability study in sesame. *Plant Archives*, **21(1)**: 1810-1818.
- Kjeldahl, J.** (1883). Neue methode zur bestimmung des sticks offs in organischen körpern. new method for the determination of nitrogen in organic substances. *Journal of Analytical Chemistry*, **22(1)**: 366-383.
- Lavanya, M.S., Kumar, S.T., Krishnan, J.G., Kumar, N.S., Eswaran, R. and Anandan, A.** (2006). Genetic analysis for seed yield and its component characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Research on Crops*, **7(2)**: 471-473.
- Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J. and Burgueño, J.** (2018). SASHAYDIALL: A SAS program for Hayman's diallel analysis. *Crop Science*, **58**: 1605-1615.

- Mather, K. and Jinks, J.L.** (1982). *Biometrical genetics: The study of continuous variation*. Printed in Great Britain at the University Press, Cambridge, UK.
- Mustafa, H.S.B., Hasan, E.U., Ali, Q., Anwar, M., Aftab, M. and Mahmood, T.** (2015). Selection criteria for improvement in sesame (*Sesamum indicum* L.). *American Journal of Experimental Agriculture*, **9(4)**: 1-13.
- Napit, S. and Arjaria, A.** (2016). Nature of gene action for yield and yield components in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Remarking an Analisation*, **1(4)**: 27-29.
- Narkheda, B.N. and Kumar, T.S.** (1991). Genetics of seed yield and yield components in sesame. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities*, **16**: 193-195.
- Pawar, A.K. and Monpara, B.A.** (2016). Breeding for components of earliness and seed yield in sesame. *Plant Gene and Trait*, **7(1)**: 1-7.
- Rahimi, M.** (2021). Genetic analysis of biochemical and physiological traits using Haymen's graphical approach in lines and F<sub>2</sub> progenies of Maize (*Zea mays* L.). *Plant Genetic Researches*, **7(2)**: 1-12 (In Persian).
- Rahimi Darabad, J., Rashidi, V., Shahbazi, H., Moghaddam Vahed, M. and Khalilvand, E.** (2021). Genetic analysis of agronomic traits of Barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars under salinity stress using diallel cross. *Plant Genetic Researches*, **7(2)**: 83-96 (In Persian).
- Ramesh, S., Sherif, R.A., Rao, A.M. and Gangappa, E.** (1998). Simplified triple test cross analysis in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Crop Research Hisar*, **15(2-3)**: 212-217.
- Ramesh, S., Sheriff, R.A., Rao, A.M., Savithrammd, D.L. and Madhusudan, K.** (1995). Generation mean analysis in sesame. *Crop Improvement*, **22**: 237-240.
- Ranganatha, A.R.G.** (2013). *Improved Technology for Maximizing Production of Sesame*. Indian Council of Agricultural Research, Jabalpur, IND.
- Rathod, S., Ghodke, M., Mehetre, S. and Kalpande, H.** (2021). Diallel analysis for yield and contributing traits in Sesame (*Sesamum indicum* L.). *The Pharma Innovation Journal*, **10(8)**: 34-38.
- Reddy, C.D.R., Ramachandraiah, D., Haripriya, S. and Reddy, K.S.** (1992). Combining ability and heterosis for seed oil and yield in sesame. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities*, **17**: 78-81.
- Reddy, V.A., Parimala, K. and Rao, P.V.R.** (2015). Exploitation of hybrid vigour in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Electronic Journal Plant Breeding*, **6(1)**: 125-129.
- Saravanan, T., Kumar, T.S. and Ganesan, J.** (2000). Genetic of earliness characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Sesame and Safflower Newsletter*, **15**: 14-18.
- Sedeck, F.S. and Wafaa, W.M.S.** (2013). Estimates of gene action and interrelationships among yield characters in diallel crosses of Sesame (*Sesamum Indicum*, L.). *Assiut journal of agricultural science*, **44(3)**: 15-31.
- Soxhlet, F.** (1879). Die gewichtsanalytische Bestimmung des Milchlffettes. *Polytechnisches Journal*, **232**: 461-465.
- Suganthi, S.** (2018). Estimation of genetic parameters in sesame (*Sesamum indicum* L.) through diallel analysis. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, **7(1s)**: 2665-2667.
- Swain, D., Mahapatra, J.R. and Kar, U.C.** (2001). Nature of gene action for and yield components in sesame (*Sesamum. indicum* L.). *Sesame and Safflower Newsletter*, **16**: 36-38.
- Thirugnanakumar, S., Senthilkumar, N., Eswaran, R., Anandan, A., Ganesan, J. and Thangavelu, S.** (2006). Breeding concepts ascertained from experiments on sesame (*Sesamum indicum* L.). *Research on Crops*, **7(1)**: 229-237.
- Tripathi, A., Bisen, R., Ahirwal, R.P., Paroha, S., Sahu, R. and Ranganatha, A.R.G.** (2014). Study on genetic divergence in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm based on morphological and quality traits. *International Journal of Biosciences*, **8(4)**: 1387- 1391.
- Tripathy, S.K., Mishra, D.R., Dash, G.B., Senapati, N., Mishra, D., Nayak, P.K., Mohanty, S.K., Dash, S., Pradhan, K., Swain, D., Mohapatra, P.M., Panda, S. and Mohanty, M.R.** (2016a). Combining ability analysis in Sesame (*Sesamum indicum* L.). *International Journal of Biosciences*, **9(3)**: 114-121.
- Tripathy, S.K., Mishra, D.R., Mohapatra, P.M., Pradhan, K.C., Mishra, D., Mohanty, S.K., Dash, S., Reshmi Raj, K.R., Swain, D., Mohanty, M.R. and Panda, S.** (2016b). Genetic analysis of seed yield in sesame (*Sesamum indicum* L.). *International Journal of Agricultural Science*, **6(9)**: 1128-1132.
- Vekaria, D.M., Dobariya, K.L., Rajani, C.J. and Patel, M.B.** (2015). Nature and magnitude of gene action and genetic components of variation for yield and yield contributing characters in F<sub>2</sub> generation of sesame (*Sesamum indicum* L.). *International Journal of Biosciences*, **10(2)**: 857-861.
- Walters, D.E. and Morton, J.R.** (1978). On the analysis of variance of a half diallel table. *Biometrics*, **34**: 91-94.