

## برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات مورفولوژیکی گندم دوروم (*Triticum turgidum* L.) دیم با استفاده از روش دای آلل هیمن

داود صادق‌زاده اهری<sup>۱</sup>، پیمان شریفی<sup>۲\*</sup>، رحمت‌الله کریمی‌زاده<sup>۳</sup> و محتشم محمدی<sup>۳</sup>

۱- استادیار، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مراغه

۲- استادیار، گروه زراعت و اصلاح‌نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت، رشت

۳- استادیار، موسسه تحقیقات دیم کشور، گچساران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۳/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۱۲/۰۹)

### چکیده

به منظور بررسی اجزای ژنتیکی و نحوه توارث تعدادی از صفات مورفولوژیک، ۶ ژنوتیپ گندم دوروم دیم (چهل دانه، گردیش، زردک، سوریه ۱، و اها و Knd1149//68/ward) و بذور حاصل از تلاقی دای آلل کامل آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۲ تکرار در سال زراعی ۸۵-۱۳۸۴ در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه کشاورزی دیم مراغه کشت گردیدند. نتایج تجزیه دای آلل نشان داد که برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و تعداد پنجه بارور سهم واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت بیشتر بود. مقدار مثبت پارامتر F نشان داد که در والدین مورد استفاده فراوانی آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب بیشتر بود. مقدار درجه غالبیت نیز نشان‌دهنده غالبیت ناقص ژن‌ها در کنترل صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، تعداد پنجه بارور و وزن صد دانه و فوق غالبیت در کنترل طول پدانکل بود. تجزیه گرافیکی نشان داد که افزایش صفات عملکرد دانه، طول پدانکل، وزن صد دانه، تعداد دانه در غلاف و طول سنبله توسط ترکیبی از آلل‌های غالب و مغلوب کنترل می‌گردد. بالا بودن سهم اثر افزایشی برای عملکرد دانه نشان‌دهنده امکان‌پذیر بودن بهبود صفت مذکور در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. از آنجا که در بین والدین مورد مطالعه بیشترین مقدار عملکرد دانه مربوط به رقم گردیش (۱۰/۳۳ گرم در بوته) بود، این رقم می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی به‌عنوان والد تلاقی جهت نیل به لاین‌هایی با عملکرد و اجزای عملکرد بالا مورد استفاده قرار گیرد. همچنین بهره‌گیری از تلاقی Knd1149//68/ward × و اها با بیشترین میزان عملکرد در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، در برنامه‌های تولید هیبرید توصیه می‌شود.

**واژگان کلیدی:** اثر افزایشی، اثر غیر افزایشی، تجزیه گرافیکی، گندم دوروم، غالبیت

\* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: peyman.sharifi@gmail.com

## مقدمه

گندم دوروم، *Triticum turgidum* Var. durum، (2n=4x=28, AABB)، در ۳۰ میلیون هکتار از اراضی کشاورزی جهان کاشته می‌شود و حدود ۱۰ درصد از تولید جهانی گندم را به خود اختصاص می‌دهد (FAO, 2013). نتایج مطالعات نشان داده است که عملکرد و اغلب صفات مرتبط با آن از قبیل تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، ارتفاع گیاه، طول سنبله و مساحت برگ پرچم صفات کمی پیچیده ای هستند و توسط تعداد زیادی ژن کنترل شده و تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند (Verma and Srivastava, 2004)؛ از این رو شناخت چگونگی توارث و ارزیابی پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده این صفات در اصلاح آن‌ها از اهمیت زیادی برخوردار است. روش‌های مختلفی برای ارزیابی چگونگی عمل ژن‌های کنترل کننده صفات موجود است که تجزیه دای آلل به روش هیمن (Hayman, 1954 b) یکی از رایج‌ترین آن‌ها است.

مطالعات متعددی در زمینه چگونگی کنترل صفات مهم مورفولوژیکی در گندم به روش هیمن و همچنین تجزیه گرافیکی انجام پذیرفته است. وندا و هوشمند (Vanda and Houshmand, 2011) در تحقیقی نشان دادند که صفات تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه تحت کنترل اثرات فوق غالبیت ژن‌ها بودند. همچنین در مورد این صفات، اثرهای افزایشی و غالبیت ژنی دارای اهمیت بودند و در وراثت عملکرد دانه، اثر تلاقی‌های معکوس نیز معنی دار بود. حیدری و همکاران (Heidari et al., 2006) با بررسی ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در گندم نان با استفاده از تجزیه دای آلل نشان دادند که نوع عمل ژن در مورد تعداد دانه در سنبله اصلی غالبیت ناقص بوده ولی در ارتباط با عملکرد دانه در تک بوته و وزن هزار دانه، عمل ژن به صورت فوق غالبیت می‌باشد. سینگ و همکاران (Singh et al., 2004) با استفاده از یک آزمایش دای آلل نشان دادند که اثر غیر افزایشی ژن‌ها در نحوه توارث تعداد پنجه در بوته، وزن هزار دانه و

عملکرد دانه تک بوته گندم نان نقش مهم تری دارد. صادقی (Sadeghi, 2014) در تحقیقی با استفاده از تلاقی دای آلل و به روش هیمن نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه نقش داشتند، اما سهم اثرات افزایشی برای وزن هزار دانه بیشتر بود، در حالی که برای دو صفت دیگر سهم اثرات غیرافزایشی بیشتر بود. حبیب و خان (Habib and Khan, 2003) گزارش نمودند که عملکرد و اجزای عملکرد دانه گندم به میزان بسیار زیادی از اثرات افزایشی ژن‌ها تأثیرپذیر است. عبدالرحمان رشید و همکاران (Abdul Rehman Rashid et al., 2012) با استفاده از پنج رقم گندم نان و روش نیمه دای آلل نشان دادند که صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته به وسیله اثرات افزایشی و غالبیت نسبی کنترل می‌شوند و صفت وزن هزار دانه به وسیله فوق غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. صادقی و همکاران (Sadeghi et al., 2013) در تحقیقی نشان دادند که در گندم نان سهم اثر افزایشی در کنترل وزن هزار دانه، درصد پروتئین دانه، درصد رطوبت دانه، سختی بذر و حجم نان بیشتر و مقدار توارث پذیری خصوصی این صفات بالا بود. محمدی و خدامباشی امامی (Mohammadi and Khodambashi Emami, 2008) در تحقیقی با توجه به برآوردهای میانگین درجه غالبیت و نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی در گندم نان نشان دادند که عمل ژن برای طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، عملکرد دانه در بوته، طول سنبله اصلی، طول آخرین میانگره و وزن آخرین میانگره از نوع غالبیت نسبی بود. همچنین در تحقیقات دیگری چودری و همکاران (Chowdhry et al., 2005) و مالیک و همکاران (Malik et al., 2005) گزارش دادند که وزن هزار دانه و طول سنبله به وسیله اثر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. از طرف دیگر محمود و چودری (Mahmood and Chowdhry, 2002) گزارش کرده اند که در مورد وزن هزار دانه عمل ژن به صورت اثر افزایشی است. نتایج مطالعات برخی

مورد مطالعه قرار داشتند (جدول ۱). در سال زراعی ۸۵-۱۳۸۴ نتاج حاصله به همراه والدین (۳۶ تیمار) به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه کشاورزی دیم مراغه کشت گردیدند. هر کرت آزمایشی شامل ۴ خط کاشت به طول ۴ متر و فواصل خطوط ۲۰ سانتی‌متر بود.

ضمن انجام عملیات مربوط به مرحله داشت (وجین علف‌های هرز، استفاده از کود سرک به میزان ۲۰ کیلوگرم در هکتار در اوایل مرحله پنجه‌زنی و به هنگام اطمینان از وقوع بارندگی مناسب در منطقه)، اقدام به برداشت ۱۰ بوته تصادفی از هر کرت آزمایشی گردید و صفاتی چون تعداد پنجه بارور، عملکرد دانه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، طول پدانکل و وزن صد دانه یادداشت‌برداری شد.

جدول ۱- فهرست والدین مورد استفاده در انجام تلاقی دی‌آل

Table 1. List of parents in diallel cross			
شماره No.	ژنوتیپ Genotype	عادت رشد Growth habit	وضعیت اصلاحی Breeding Status
1	چهل دانه Chehel daneh	زمستانه Winter	رقم بومی Land race
2	گردیش Gerdish	زمستانه Winter	رقم بومی Land race
3	زردک Zardak	بینابین Facultative	رقم اصلاحی Improved cultivar
4	سوریه ۱ Syrian-1	بهاره Spring	لاین Line
5	واها Waha	بهاره Spring	رقم اصلاحی Improved cultivar
6	Knd1149// 68/ward	بینابین Facultative	لاین Line

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها به روش حداقل اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام گرفت. تجزیه واریانس برای داده‌ها با استفاده از نسخه ۹/۱ نرم‌افزار SAS (SAS, 2005) صورت گرفت. برای صفاتی با F معنی‌دار برای ژنوتیپ‌ها و نیز صادق بودن فرض‌های مدل، تجزیه دی‌آل به روش هیمن (Hayman, 1954 a) با استفاده از نرم‌افزار Dial 98 (Ukai, 2006) انجام شد. در این راستا، آزمون اثرات

پژوهشگران نشان می‌دهد که اثر غیرافزایشی و اثر فوق‌غالبیت در کنترل طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزار دانه دخالت دارند (Farooq et al., 2006; Nazeer et al., 2006). ناظر و همکاران (Rahim et al., 2011) در مطالعه‌ای در گندم نان نشان دادند که اثر افزایشی برای صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه بر سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار بود، اما در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و طول سنبله عمل غالبیت ژن‌ها نقش مهم‌تری داشت. ایشان همچنین وراثت پذیری خصوصی بالایی را برای تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله گزارش نمودند و برای صفات طول سنبله و عملکرد دانه فوق‌غالبیت و برای صفات تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله اثر افزایشی ژن و غالبیت ناقص را نشان دادند. ال حمدانی (Al-Hamdany, 2010) در مطالعه‌ای با استفاده از ۷ رقم گندم دوروم نشان داد که عملکرد دانه در این ارقام تحت کنترل عمل افزایشی ژن است. خان و همکاران (Khan et al., 2000) در یک تلاقی دی‌آل ۵ × ۵ در گندم نان نشان دادند که صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل و عملکرد دانه تحت کنترل عمل افزایشی ژن با غالبیت جزئی قرار دارد و حال آنکه تعداد پنجه بارور و وزن هزار دانه توسط عمل غالبیت ژن‌ها کنترل می‌شود.

تحقیق حاضر به منظور مطالعه صفات مورفولوژیکی و تعیین نوع عمل ژن، تعداد ژن‌های کنترل‌کننده و وراثت‌پذیری در ژنوتیپ‌های مورد بررسی و نتاج حاصل از تلاقی دی‌آل کامل آن‌ها طراحی و اجرا گردید.

### مواد و روش‌ها

در این پژوهش، به طور تصادفی از بین ارقام و لاین‌های آزمایشی گندم دوروم دیم موجود در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم مراغه، شش ژنوتیپ (شامل تعدادی لاین و رقم) انتخاب و برای تشکیل یک مجموعه دی‌آل، تمام تلاقی‌های ممکن در طول سال‌های زراعی ۸۳-۱۳۸۲ و ۸۴-۱۳۸۳ بین آن‌ها انجام شد. در انتخاب والدین از ژنوتیپ‌هایی استفاده شد که در دو دامنه متفاوت از صفات

مورد مطالعه برابر با ۳/۶۴ بوده و کمترین تعداد آن برابر با ۲/۵ و بیشترین میزان (۵ عدد) در برخی از هیبریدها و والدین مشاهده شد. میانگین طول سنبله در تمام ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برابر با ۶/۳۷ سانتی‌متر بود. تلاقی چهل دانه × گردیش با ۹/۷۷ و واه‌ها × سوریه ۱ با ۳/۸۲ سانتی‌متر طول سنبله به ترتیب دارای بیشترین و کمترین طول سنبله بودند. در هر سنبله به طور متوسط ۲۱/۷۳ دانه وجود داشت که کمترین تعداد (۱۰/۸۱) مربوط به والد زردک و بیشترین تعداد مربوط به دورگ واه‌ها × گردیش (۳۶/۵) بود. وزن صد دانه با دامنه‌ای از ۲/۱۸ گرم (زردک) تا ۸/۰۹ گرم (زردک × واه‌ها) دارای میانگین برابر با ۵/۱۸ گرم در تمام ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. کمترین میزان طول پدانکل مربوط به ژنوتیپ چهل دانه (۱۹/۵۱ سانتی‌متر) و بیشترین میزان آن مربوط به تلاقی واه‌ها × زردک (۳۶/۵ سانتی‌متر) بود. متوسط طول پدانکل در تمام ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برابر با ۲۸/۵ سانتی‌متر بود. متوسط عملکرد دانه در بوته برابر با ۴/۸۹ گرم (معادل ۴۸۹۰ کیلوگرم در هکتار) بود، که بیشترین میزان آن (۱۲/۱۳ گرم) مربوط به تلاقی Knd1149//68/ward × واه‌ها بود که نسبت به هر دو والد خود برتری معنی‌داری داشت. همچنین کمترین میزان عملکرد دانه در بوته مربوط به والد زردک (۰/۹۸) گرم در بوته بود.

ایستازی با استفاده از آزمون شیب خط رگرسیون کوواریانس نتاج با والد مشترک آن‌ها (Wr) روی واریانس ردیف‌ها (Vr) از شیب واحد انجام شد. همچنین، آزمون‌های یکنواختی  $Wr(i)+Vr(i)$  و  $Wr(i)-Vr(i)$  با استفاده از آزمون t به ترتیب برای آزمون اثرات غالبیت و ایستازی صورت گرفت (Mather, and Jinks, 1985). سپس پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات شامل سهم واریانس‌های افزایشی و غالبیت و درجه غالبیت هر یک از صفات و وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی با استفاده از روش هیمن (Hayman, 1954 b) با نرم‌افزار Dial 98 برآورد شدند.

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس، حاکی از وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و وزن صد دانه در سطح احتمال ۱ درصد و برای صفات طول پدانکل و تعداد پنجه بارور در سطح احتمال ۵ درصد بود (جدول ۲).

مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه با استفاده از روش حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) بیانگر وجود اختلاف بین والد‌ها و همچنین هیبریدهای حاصله بود (جدول ۳). متوسط تعداد پنجه بارور برای ژنوتیپ‌های

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در گندم دوروم

Table 2. Analysis of variance for some traits in durum wheat

منابع تغییرات SOV	درجه آزادی df	میانگین مربعات صفت (MS)					
		طول پدانکل Peduncle length	عملکرد دانه Grain yield	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	طول سنبله Spike length	تعداد پنجه بارور No. of fertile tiller	وزن صد دانه Hundred grain weight
تکرار Replication	1	64.77 <sup>ns</sup>	0.55 <sup>ns</sup>	1.53 <sup>ns</sup>	2.75 <sup>ns</sup>	1.38 <sup>ns</sup>	0.34 <sup>ns</sup>
ژنوتیپ Genotype	35	42.76*	19.41**	67.54**	3.34**	1.13*	4.39**
خطای آزمایشی Error	35	25.01	2.94	30.53	1.48	0.61	2.25
ضریب تغییرات (درصد) C.V (%)		17.54	35.09	25.42	19.06	21.59	28.96

<sup>ns</sup>, \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار، احتمال ۵ و ۱ درصد.

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۳- میانگین برخی از صفات کمی گندم دوروم در یک تلاقی دای‌آل کامل ۶ × ۶

Table 3. Means of some quantitative traits in a 6 × 6 complete diallel cross in durum wheat

ژنوتیپ Genotype	تعداد پنجه بارور No. of fertile tiller	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن هزار دانه (گرم) Hundred grain weight (g)	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	عملکرد دانه (گرم در بوته) Grain yield (g/plant)
1	4.00	6.96	19.90	5.11	19.51	4.82
1*2	5.00	6.55	13.40	3.18	27.17	1.75
1*3	4.50	7.32	23.05	5.66	36.58	7.35
1*4	4.50	6.21	17.85	4.75	35.92	3.82
1*5	4.00	7.72	28.60	6.47	29.33	7.95
1*6	4.00	7.23	19.91	5.07	25.50	4.05
2*1	5.00	9.77	22.00	5.67	35.83	6.22
2	4.00	7.75	30.15	6.80	35.33	10.33
2*3	4.50	7.33	24.90	5.75	23.00	9.56
2*4	3.50	6.72	26.95	6.91	24.08	6.53
2*5	3.50	6.71	36.50	5.33	32.85	7.59
2*6	4.50	5.47	14.20	3.23	32.33	1.25
3*1	3.00	6.97	31.24	6.56	28.08	9.21
3*2	3.50	7.34	25.00	7.08	34.75	6.02
3	4.50	4.20	10.81	2.18	24.42	0.98
3*4	3.50	4.87	14.00	3.72	22.50	1.80
3*5	3.50	7.29	24.90	6.70	36.50	6.83
3*6	3.00	5.68	19.00	4.48	31.63	2.55
4*1	4.00	6.68	18.10	4.89	25.50	3.61
4*2	3.50	4.92	14.27	3.01	23.42	1.51
4*3	2.50	5.58	24.10	5.45	24.67	4.97
4	3.50	4.06	16.87	3.44	24.33	2.13
4*5	2.50	3.82	20.93	3.28	23.32	1.72
4*6	3.00	4.62	19.90	3.97	23.33	2.22
5*1	2.50	7.93	18.71	5.32	30.51	2.29
5*2	3.50	6.22	18.43	4.79	27.00	2.99
5*3	2.50	7.33	28.75	8.09	29.21	5.73
5*4	2.50	5.60	20.00	5.14	25.83	2.53
5	2.50	5.59	18.30	3.82	28.17	1.68
5*6	4.00	8.16	26.70	7.63	31.25	12.13
6*1	3.50	6.66	21.63	4.39	30.17	3.25
6*2	3.50	6.77	31.10	7.56	31.84	10.04
6*3	4.00	5.94	23.75	6.01	27.00	7.11
6*4	3.00	5.17	14.70	3.58	31.68	1.57
6*5	3.50	5.12	19.43	4.88	24.33	2.94
6	5.00	7.12	24.40	6.65	29.00	8.90
Mean ±	3.64 ± 0.13	6.37 ± 0.22	21.73 ± 0.97	5.18 ± 0.25	28.5 ± 0.77	4.89 ± 0.52
LSD 5%	1.59	2.47	11.22	3.05	10.15	3.48

LSD 5%: حداقل اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد

۱: چهل‌دانه؛ ۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه‌۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward

LSD 5%: Least Significant Difference at 5% probability level

1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward

محمدی و خدامباشی امامی ( Mohammadi and Khodambashi Emami, 2008) نیز پس از حصول اطمینان از صادق بودن فرضیات مدل افزایشی- غالبیت اقدام به تجزیه داده‌ها با استفاده از روش گرافیکی نمودند. با توجه به نتایج آزمون فوق می‌توان چنین نتیجه گرفت که فرض‌های مدل افزایشی- غالبیت برای مواد اصلاحی مورد بحث صادق بوده و امکان انجام تجزیه دای‌آل به روش گرافیکی همین وجود داشت.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس دای‌آل بر اساس روش همین (Hayman, 1954) در جدول ۵ ارائه گردیده است. برای صفاتی که مدل افزایشی- غالبیت کفایت نمی‌نمود، تجزیه واریانس پس از حذف والد یا والدین مورد نظر انجام شد و لذا در جدول تجزیه واریانس فوق، درجه آزادی برای صفات مورد مطالعه متفاوت ارائه شده است. میانگین مربعات اثر افزایشی (a) برای تمام صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود. همچنین میانگین مربعات اثر غالبیت (b) برای صفات طول پدانکل، عملکرد دانه و وزن صد دانه معنی‌دار بود. معنی‌دار بودن b<sub>1</sub> بیانگر وجود غالبیت یک جهتی و وجود تفاوت بین میانگین والدین و نتاج است. همچنین معنی‌دار بودن b<sub>2</sub>، نشان‌دهنده بزرگ‌تر بودن پارامتر H<sub>1</sub> نسبت به H<sub>2</sub> است. معنی‌دار بودن b<sub>3</sub>، نشان می‌دهد که پارامتر ژنتیکی اثرات غیرافزایشی معنی‌دار می‌باشند. در مجموع اگر دو جز a و b هر دو معنی‌دار باشند، واریانس افزایشی و غالبیت در کنترل صفت سهیم هستند (Roy, 2000).

آزمون مقدماتی به روش جینکز و هیمن (Jinks and Hayman, 1953) نشان داد که شیب خط رگرسیون Wr (کواریانس نتاج هر ردیف با والدهای غیرمشترک) روی Vr (واریانس نتاج هر ردیف) برای صفات طول پدانکل و طول سنبله واجد اختلاف معنی‌دار با صفر و فاقد اختلاف معنی‌دار با ۱ بود، بنابراین برای این صفات فرضیات مدل کفایت می‌نمود (جدول ۴). برای سایر صفات ضریب رگرسیون فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر بود و لذا برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه والد اول (چهل‌دانه) و برای صفت تعداد پنجه بارور والدین ۱ و ۵ (واها) حذف شدند و پس از آن ضریب رگرسیون واجد اختلاف معنی‌دار با صفر و فاقد اختلاف معنی‌دار با ۱ شد؛ بنابراین می‌توان اظهار نمود که ژنوتیپ چهل‌دانه حاوی ژن‌های دارای اثرات اپیستاتیک برای صفات فوق بوده است که با حذف آن فرضیات تجزیه دای‌آل به روش همین فراهم شده است. همچنین بررسی آماره Wr-Vr پس از حذف والدین فوق، مطابق با نتایج آزمون شیب خط رگرسیون Wr روی Vr، نشان داد که این آماره برای هیچ‌کدام از صفات معنی‌دار نبود و لذا نشانگر عدم وجود اثرات اپیستاتیک در کنترل صفات فوق بود. همچنین آماره Wr+Vr برای تمام صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود. لذا پیش‌فرض‌های لازم برای تجزیه دای‌آل به روش همین که عمده آن‌ها عدم وجود اپیستازی یا اثرات متقابل ژن‌های غیرآلی کنترل‌کننده صفات در والدین مورد تلاقی است، صادق می‌باشد. در تطابق با نتیجه تحقیق حاضر، صادقی (Sadeghi, 2014) و

جدول ۴- آزمون ضرایب رگرسیون Wr روی Vr برای صفات مورد مطالعه در گندم دوروم

Table 4. Test of regression coefficients of Wr/Vr for studied traits in durum wheat

صفت	Character	b ± sb	H <sub>0</sub> : β=0, t value	H <sub>0</sub> : β=1, t value	Wr+Vr, t value	Wr-Vr, t value
طول پدانکل (سانتی‌متر)	Peduncle length (cm)	1.01 ± 0.34	2.99 *	-0.04 <sup>ns</sup>	3.71 *	1.54 <sup>ns</sup>
عملکرد دانه (گرم در بوته)	Grain yield (g/plant)	0.87 ± 0.19	4.65**	0.68 <sup>ns</sup>	4.19 **	-1.13 <sup>ns</sup>
تعداد دانه در سنبله	No. of grain per spike	0.81 ± 0.14	5.74 **	1.35 <sup>ns</sup>	3.56 *	-1.14 <sup>ns</sup>
طول سنبله (سانتی‌متر)	Spike length (cm)	0.58 ± 0.23	2.53 *	1.80 <sup>ns</sup>	3.90 *	-1.87 <sup>ns</sup>
تعداد پنجه بارور	No. of fertile tiller	0.74 ± 0.22	3.33 *	1.16 <sup>ns</sup>	3.62 **	-0.55 <sup>ns</sup>
وزن صد دانه (گرم)	Hundred grain weight (g)	0.77 ± 0.13	6.10 **	4.54 <sup>ns</sup>	3.91 *	0.81 <sup>ns</sup>

<sup>ns</sup>, \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۵- تجزیه واریانس دای‌آلل به روش هیمن برای صفات مورفولوژیک گندم دوروم

Table 5. Analysis of variance of diallel with Hayman method for morphological traits in durum wheat

منابع تغییرات SOV	درجه df	طول پدانکل Peduncle length (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	درجه df	عملکرد دانه Grain yield (g/plant)	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن صد دانه Hundred grain weight (g)	درجه df	تعداد پنجه بارور No. of fertile tiller
تکرار Replication	1	64.98 <sup>ns</sup>	2.93 <sup>ns</sup>	1	0.95 <sup>ns</sup>	5.33 <sup>ns</sup>	0.11 <sup>ns</sup>	1	0.28 <sup>ns</sup>
اثر افزایشی (a) Additive effect (a)	5	52.93 <sup>*</sup>	12.44 <sup>**</sup>	4	42.87 <sup>**</sup>	115.32 <sup>**</sup>	6.67 <sup>*</sup>	3	2.02 <sup>*</sup>
اثر غالبیت (b) Dominance effect (b)	15	38.48 <sup>*</sup>	1.75 <sup>ns</sup>	10	13.20 <sup>**</sup>	40.78 <sup>ns</sup>	5.56 <sup>*</sup>	6	0.73 <sup>ns</sup>
اثر غالبیت جهت‌دار (b <sub>1</sub> ) Directional dominance effect (b <sub>1</sub> )	1	42.99 <sup>ns</sup>	2.52 <sup>ns</sup>	1	0.021 <sup>ns</sup>	40.36 <sup>ns</sup>	4.66	1	1.76 <sup>ns</sup>
اثر تقارن ژن‌های غالب و مغلوب (b <sub>2</sub> ) Gene distribution among the Parents (b <sub>2</sub> )	5	60.38 <sup>**</sup>	3.09 <sup>*</sup>	4	25.10 <sup>**</sup>	89.843 <sup>*</sup>	9.76 <sup>*</sup>	3	0.85 <sup>ns</sup>
اثر باقیمانده اثرات غیرافزایشی (b <sub>3</sub> ) Effects of specific genes (b <sub>3</sub> )	9	25.82 <sup>ns</sup>	0.91 <sup>ns</sup>	5	6.83 <sup>*</sup>	1.61 <sup>ns</sup>	2.37 <sup>ns</sup>	2	0.04 <sup>ns</sup>
اثر متقابل عمومی (c) General interaction effect (c)	5	20.19 <sup>ns</sup>	1.99 <sup>ns</sup>	4	7.84 <sup>*</sup>	34.51 <sup>ns</sup>	3.26 <sup>ns</sup>	3	0.88 <sup>ns</sup>
اثر متقابل خصوصی (d) Reciprocal effect (d)	10	55.30 <sup>*</sup>	2.00 <sup>ns</sup>	6	35.55 <sup>**</sup>	145.42 <sup>**</sup>	7.33 <sup>**</sup>	3	0.63 <sup>ns</sup>
خطا Error	35	19.3	1.47	24	3.12	27.1	1.94	15	0.48

<sup>ns</sup>، \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

<sup>ns</sup>، \* and \*\*: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ژن‌ها در کنترل ژنتیکی عملکرد دانه مطابق و با نتایج سایر محققین ( Heidari *et al.*, 2006; Singh *et al.*, 2004; Sadeghi, 2014; Mohammadi and Khodambashi Emami, 2008 ) که عنوان نموده‌اند عمل غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت نقش مهم تری دارد در تضاد است. دلیل این امر می‌تواند ناشی از وجود تفاوت در والدین مورد مطالعه باشد. به‌طور کلی با در نظر گرفتن نتایج فوق و با توجه به نقش بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه، امکان انجام پروژه‌های مبتنی بر گزینش در بین نتایج وجود دارد. میانگین مربعات اثر غالبیت جهت‌دار (b<sub>1</sub>) برای هیچ کدام از صفات معنی‌دار نبود که حاکی از عدم وجود غالبیت جهت‌دار در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود، به این مفهوم که در نتیجه وجود غالبیت

بنابراین با توجه به توضیحات فوق، برای سه صفت اخیر قابلیت ترکیب عمومی والدین و خصوصی دورگ‌ها و برای سایر صفات فقط قابلیت ترکیب پذیری عمومی والدین معنی‌دار بود. این نتایج با یافته‌های محققین دیگر ( Heidari *et al.*, 2006; Nazeer *et al.*, 2011; Abdul Rehman Rashid *et al.*, 2012; Sadeghi, 2014; گزارش کردند عملکرد و اجزای عملکرد دانه در گندم توسط اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود، مطابقت دارد. برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و تعداد پنجه بارور سهم واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت بیشتر بود. این نتیجه با تحقیقات برخی از محققین ( Khan *et al.*, 2000; Mahmood and Chowdhry, 2002; Malik *et al.*, 2005; Al – Hamdany, 2010; ) مبنی بر نقش عمل افزایشی

معنی دار بودن انواعی از غالبیت برای هر کدام از صفات، تولید هیبریدهای دارای مقدار متوسطی از این صفات و استفاده از پدیده هتروزیس می‌تواند روش مناسبی در بهبود صفات مورد بررسی باشد. برای صفت عملکرد دانه معنی دار شدن میانگین مربعات اثرات معکوس (d)، نقش اثر تلاقی‌های معکوس به‌جز اثرات مادری را در کنترل این صفت نشان داده و به عبارتی تفاوت بین تلاقی‌های معکوس را در کنترل این صفت بیان می‌دارد. چون تعداد بسیار زیادی از صفات زراعی مهم از جمله عملکرد دانه توسط ژن‌های هسته‌ای، ژن‌های سیتوپلاسمی و اثر متقابل ژن‌های هسته‌ای - سیتوپلاسمی کنترل می‌شوند، تفاوت مشاهده شده در بین تلاقی‌های مستقیم و معکوس می‌تواند به ژن‌های سیتوپلاسمی، که در میتوکندری و کلروپلاست قرار دارند، و اثر متقابل ژن‌های هسته‌ای - سیتوپلاسمی نسبت داده شود (Shi et al., 1997).

نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی در جدول ۶ ارائه گردیده است. برای صفت عملکرد دانه هر سه جزء واریانس افزایشی (D)، واریانس غالبیت (H<sub>1</sub>) و همچنین شکل دیگر واریانس غیرافزایشی (H<sub>2</sub>) معنی‌دار بود. بیشتر بودن سهم واریانس افزایشی در مقایسه با دو جزء واریانس غیرافزایشی بیانگر نقش بیشتر اثر افزایشی در کنترل عملکرد دانه می‌باشد. مقدار درجه غالبیت  $(H_1/D) \times 0/5$  بالاتر از یک برای صفت طول پدانکل دلالت بر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها است. حال آن‌که کوچک تر بودن مقدار درجه غالبیت از یک برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، تعداد پنجه بارور و وزن صد دانه نشانگر نقش غالبیت ناقص ژن‌های عامل این صفات است. مقدار مثبت پارامتر F و همچنین برآورد نسبت ژن‌های غالب  $(kd/(kd+kr))$  برای صفات مورد مطالعه که تقریباً برابر با یک بودند، نشان داد در والدین مورد استفاده فراوانی آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب بیشتر است (Leng and Hong, 2004). مقادیر نسبت ژنتیکی برآورد شده  $(h_2/H_2)$  نشان داد که در کنترل ژنتیکی صفات طول سنبله و تعداد پنجه بارور

در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این صفات بین والدین و هیبریدهای حاصل از آن‌ها تفاوت وجود ندارد و این اثر برای نشان دادن وجود این تفاوت می‌باشد. این نوع از غالبیت همانند دو نوع دیگر می‌تواند در فرآیند تولید دورگ در گندم دوروم دیم مورد استفاده اصلاح‌گران قرار گیرد. طبق نظر شارما (Sharma, 1998) این جزء مقایسه بین F<sub>1</sub>ها و متوسط والدین را تعیین می‌کند و حاکی از غالبیت یک‌طرفه (جهت‌دار) بوده و متوسط هتروزیس را آشکار می‌سازد. همچنین اثر تقارن ژن‌های غالب و مغلوب (b<sub>2</sub>) برای صفات طول پدانکل، طول سنبله، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه معنی‌دار بود. یعنی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات در ارقام مورد مطالعه از تقارن برخوردار نبودند و به عبارتی پارامتر H<sub>1</sub> بزرگ‌تر از H<sub>2</sub> است (Roy, 2000) و در نتیجه والدین مورد مطالعه برای این صفات دارای تعداد متفاوتی از آلل‌های غالب و مغلوب هستند و از این رو والدین با تعداد بیشتر آلل‌های غالب و یا مغلوب برای هر کدام از صفات می‌توانند شناسایی شوند. آماره b<sub>2</sub> هتروزیس خاص وابسته به هر والد را نشان می‌دهد و معنی‌دار شدن آن به این مفهوم است که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین متفاوت بوده و توزیع نامتقارن ژن‌ها را نشان می‌دهد (Singh and Singh, 1992). باقیمانده اثرات ژنتیکی غیرافزایشی (b<sub>3</sub>)، که معادل ترکیب‌پذیری خصوصی در روش گریفینگ (Griffing, 1956) است، فقط برای عملکرد دانه معنی‌دار شد و بیانگر این است که اثرات غیرافزایشی برای این صفت معنی‌دار می‌باشند (Mather and Jinks, 1985). این پارامتر برای سایر صفات معنی‌دار نشد. اثر متقابل عمومی (c) نیز برای هیچ‌کدام از صفات به جزء عملکرد دانه معنی‌دار نبود، که نشان می‌دهد در کنترل ژنتیکی این صفت اثر مادری نقش دارد. اثر متقابل خصوصی (d) برای صفات طول پدانکل، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه معنی‌دار بود، که نقش اثر تلاقی‌های معکوس به‌جز اثرات مادری را در کنترل این صفات بیان می‌دارد. به طور کلی با توجه به



جدول ۶- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورفولوژیک گندم دوروم

Table 6. Estimation of genetic parameters for morphological traits in durum wheat

پارامترهای ژنتیکی Genetic parameters	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	عملکرد دانه (گرم در بوته) Grain yield (g/plant)	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	وزن صد دانه (گرم) Hundred grain weight (g)
واریانس افزایشی (D) Additive variance (D)	16.29 ± 18.76	17.91 ± 5.97	41.34 ± 28.31	1.75 ± 1.28	0.49 ± 0.53	3.42 ± 2.28
واریانس غالبیت (H <sub>1</sub> ) Dominance variance (H <sub>1</sub> )	25.14 ± 28.97	16.10 ± 7.13	32.49 ± 40.28	0.82 ± 1.69	0.35 ± 0.76	5.96 ± 3.51
شکل دیگر واریانس غیر افزایشی (H <sub>2</sub> ) Dominance variance (H <sub>2</sub> )	14.08 ± 18.47	9.78 ± 4.57	14.78 ± 25.56	0.32 ± 1.06	0.28 ± 0.58	3.69 ± 2.3
میانگین کوواریانس اثرات افزایشی و غالبیت (F) Relative frequency of dominant and recessive alleles (F)	23.41 ± 28.42	16.51 ± 7.56	42.53 ± 37.66	0.45 ± 1.62	0.19 ± 0.56	4.82 ± 3.19
درجه غالبیت (H <sub>1</sub> /D) 0.5 Average degree of dominance (H <sub>1</sub> /D)0.5	2.14 ± 1.09	0.94 ± 0.18	0.87 ± 0.41	0.68 ± 0.51	0.84 ± 0.93	0.91 ± 0.38
نسبت ژن‌های غالب (kd/(kd+kr)) Proportion of dominance genes (kd/(kd+kr))	0.78 ± 0.13	0.74 ± 0.04	0.79 ± 0.18	0.59 ± 0.19	0.61 ± 0.47	0.76 ± 0.06
تعداد فاکتورهای مؤثر (h <sup>2</sup> /H <sub>2</sub> ) Number of effective factors (h <sup>2</sup> /H <sub>2</sub> )	0.47 ± 2.69	0.13 ± 0.16	0.43 ± 29.76	1.23 ± 4.79	2.36 ± 5.59	0.32 ± 0.48
متوسط جهت غالبیت (h) Average direction of dominance (h)	3.45 ± 2.71	0.08 ± 1.06	3.59 ± 3.06	0.83 ± 0.64	-0.81 ± 0.25	1.22 ± 0.76
وراثت‌پذیری مربوط به والدین (D/(D+E)) Heritability by parents (D/(D+E))	0.56 ± 0.28	0.91 ± 0.04	0.75 ± 0.15	0.70 ± 0.17	0.67 ± 0.41	0.78 ± 0.19
وراثت‌پذیری عمومی (h <sup>2</sup> b) Broad-sense heritability (h <sup>2</sup> b)	0.30 ± 0.14	0.78 ± 0.07	0.47 ± 0.14	0.56 ± 0.10	0.51 ± 0.18	0.58 ± 0.12
وراثت‌پذیری خصوصی (h <sup>2</sup> n) Narrow-sense heritability h <sup>2</sup> n	0.11 ± 0.11	0.48 ± 0.09	0.32 ± 0.14	0.52 ± 0.09	0.36 ± 0.17	0.18 ± 0.11
نسبت ژن‌های دارای اثرات غالبیت و مغلوبیت (H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub> ) Proportion of dominance and recessive genes (H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub> )	0.14	0.15	0.11	0.10	0.20	0.15

ژنی کنترل کننده برای یک صفت می‌باشد (Roy, 2000). از آنجا که این نسبت برای تمام صفات مورد مطالعه کمتر از ۰/۲۵ بود، بنابراین فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در مکان‌های ژنی کنترل کننده این صفات مساوی نبود. میزان

حداقل دو گروه ژنی دخالت داشتند. در حالی که در سایر صفات این آماره نشان از وجود حداقل یک گروه ژنی عمده در کنترل توارث آن‌ها بود. نسبت H<sub>2</sub>/4H<sub>1</sub> بیانگر تقارن فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در تمام مکان‌های

صفات تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه توسط اثر غالبیت نسبی ژن‌ها کنترل می‌شود، وندا و هوشمند (Vanda and Houshmand, 2011) نشان دادند که صفات فوق تحت کنترل اثرات فوق غالبیت ژن‌ها بودند. از طرفی حیدری و همکاران (Heidari et al., 2006) نشان دادند که نوع عمل ژن در مورد تعداد دانه در سنبله از نوع غالبیت ناقص، ولی در ارتباط با عملکرد دانه تک بوته و وزن هزار دانه از نوع فوق غالبیت بود. همچنین محمدی و خدامباشی امامی (Mohammadi and Khodambashi Emami, 2008) نشان دادند که عمل ژن برای طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، عملکرد دانه در بوته، طول سنبله اصلی، طول آخرین میانگره و وزن آخرین میانگره از نوع غالبیت نسبی است. در مطالعات پژوهشگران دیگر (Farooq et al., 2006; Rahim et al., 2006) مشخص شد که اثر فوق غالبیت در کنترل ژنتیکی طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزار دانه دخالت دارند. دلیل تغییر نتایج تحقیق حاضر با نتایج تحقیقات سایر محققین می‌تواند به تفاوت در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تحقیقات مختلف باشد. والدین در طول خط رگرسیون بخصوص برای صفات طول پدانکل، طول سنبله و وزن صد دانه به صورت پراکنده قرار داشتند که بیانگر تنوع ژنتیکی و همچنین وجود ژن‌های غالب و مغلوب در والدین مورد مطالعه برای این صفات بود. نظر به این که والد سوریه ۱ برای صفات طول پدانکل، عملکرد دانه، تعداد پنجه بارور و وزن صد دانه نزدیک‌ترین والدین به مبدأ مختصات بود، دارای بیشترین وفور آل‌های غالب برای صفات مذکور بود. از طرف دیگر والد چهل دانه، برای صفت طول پدانکل، والد زردک برای صفات وزن صد دانه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه و همچنین والد Knd1149//68/ward برای تعداد پنجه بارور در دورترین نقطه از مبدأ مختصات قرار گرفتند، دارای بیشترین آل‌های مغلوب بودند. نتایج حاصل از نسبت‌های غالبیت که در جدول ۷ ارائه شده است، نیز مؤید این نکته است.

وراثت پذیری برای صفت عملکرد دانه تقریباً بالا (۰/۷۸)، برای طول پدانکل پایین (۰/۳۰) و برای سایر صفات متوسط برآورد گردید. برای صفت عملکرد دانه میزان وراثت‌پذیری عمومی ۰/۷۸ و وراثت‌پذیری خصوصی ۰/۴۸ و معنی‌دار برآورد گردید. برآورد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای این صفت نشان داد که عوامل محیطی در قالب واریانس محیطی تأثیر قابل توجهی بر صفت فوق گذاشته است و بعلاوه با توجه به میزان وراثت‌پذیری خصوصی، اثر افزایشی سهم عمده‌ای در واریانس ژنتیکی صفت عملکرد دانه در بوته داشته است. وراثت‌پذیری خصوصی برابر با ۰/۵۲ مؤید نقش اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل طول سنبله است. مان و شارما نیز (Mann and Sharma, 1995) وراثت‌پذیری متوسط تا بالائی را برای این صفت گزارش نمودند. ناظر و همکاران (Nazeer et al., 2011) وراثت‌پذیری خصوصی بالایی را برای تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله گزارش نمودند. اقبال و همکاران (Eqbal et al., 2007) و حیدری و همکاران (Heidari et al., 2006) نیز میزان بالایی از وراثت‌پذیری عمومی را در گندم گزارش نمودند.

تجزیه گرافیکی  $W_r$  روی  $V_r$  برای میانگین تمام صفات مطالعه شده در شکل‌های ۱ تا ۶ نشان داده شده است. برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، تعداد پنجه بارور و وزن صد دانه خط رگرسیون محور  $W_r$  و سهمی محدودکننده را در بخش مثبت قطع نمود و حال آنکه برای طول پدانکل این تقاطع در قسمت منفی یا به عبارتی زیر مبدأ مختصات قرار گرفت. این نشان می‌دهد که عمل ژن برای پنج صفت اول به صورت غالبیت نسبی ولی برای صفت طول پدانکل به شکل فوق غالبیت بود. دلیل عدم وجود بعضی از والدین در برخی از شکل‌ها، عدم کفایت مدل کامل و در نتیجه حذف یک یا چند والد و انجام تجزیه مجدد بر روی باقیمانده والدین می‌باشد. برخلاف نتیجه تحقیق حاضر که نشان می‌دهد

چهل دانه قرار داشتند. با توجه به اینکه رقم چهل دانه دارای کمترین طول پدانکل در بین والدین مورد مطالعه بود، می‌توان اذعان نمود که کوتاه بودن طول پدانکل توسط آل‌های مغلوب کنترل می‌شود.

شکل ۲ مربوط به کنترل ژنتیکی عملکرد دانه است و نشان می‌دهد که رقم زردک با کمترین عملکرد دانه (۰/۹۸ گرم در بوته) در بین والدین مورد مطالعه در دورترین نقطه و رقم گردیش با بیشترین عملکرد دانه در میانه خط، اما نزدیک به رقم زردک، قرار داشت و می‌توان نتیجه گرفت که افزایش و کاهش عملکرد دانه تحت تأثیر توأم آل‌های غالب و مغلوب است. لانک و همکاران (Lonc *et al.*, 1993) در تحقیقی به چنین نتیجه‌ای دست‌یافته بودند. نسبت‌های غالبیت (جدول ۷) نیز نشان می‌دهند که رقم سوریه ۱ دارای بیشترین آل‌های غالب و زردک دارای بیشترین آل‌های مغلوب بودند. خط رگرسیون محور  $W_T$  را در بالای مبدأ مختصات قطع کرده است، بنابراین عمل غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت مؤثر بوده است. برخی مطالعات قبلی نیز به عمل غالبیت نسبی ژن برای این صفت اشاره کرده‌اند (Zecevic Mohammadi and Khodambashi *et al.*, 1997

(Emami, 2008; Weber, 1991

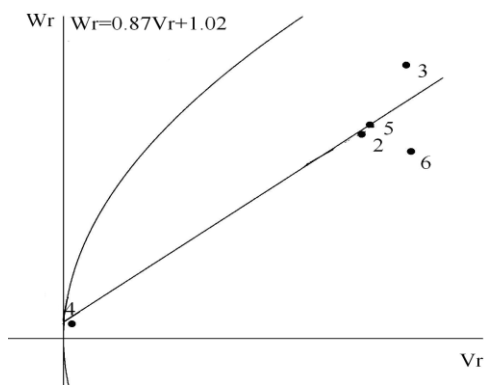
جدول ۷- برآورد نسبت‌های غالبیت برای صفات مورفولوژیک در گندم دوروم

Table 7. Estimation of dominance ratios for morphological traits in durum wheat

ژنوتیپ Genotype	طول پدانکل (سانتی‌متر) Peduncle length (cm)	عملکرد دانه (گرم در بوته) Grain yield (g/plant)	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	وزن صد دانه (گرم) Hundred grain weight (g)
چهل دانه Chehel daneh	0.26	-	-	0.99	-	-
گردیش Gerdish	0.54	0.71	0.81	0.71	0.92	0.93
زردک Zardak	0.79	0.63	0.20	0.01	0.65	0.3
سوریه ۱ Syrian-1	1.20	0.99	1.09	0.69	1.22	0.98
واها Waha	1.01	0.69	0.87	0.52	-	0.84
Knd1149//68/ward	0.94	0.69	0.97	0.69	0.01	0.79

ژنوتیپ‌های واقع در قسمت پایین خط رگرسیون دارای ژن‌های غالب بودند، زیرا نتایج مربوط به والدی که دارای ژن‌های غالب است، تقریباً یکنواخت بوده و ردیف مربوط به آن‌ها دارای حداقل واریانس می‌باشد (Kearsey and Pooni, 1996). این والد همچنین کمترین شباهت را با والد غیرمشترک دارد و در نتیجه نقطه مربوط به این والد در پایین خط رگرسیون قرار می‌گیرد (Mather and Jinks, 1985).

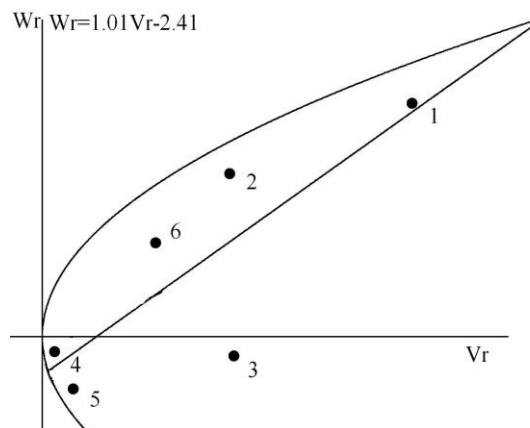
شکل ۱ مربوط به صفت طول پدانکل است و قرار گرفتن ارقام سوریه ۱ و چهل دانه در نزدیک‌ترین و دورترین نقطه از مبدأ مختصات بیانگر این است که این دو رقم به ترتیب حاوی بیشترین آل‌های غالب و مغلوب کنترل‌کننده این صفت بودند. ارقام گردیش، زردک و Knd1149//68/ward که در وسط مبدأ مختصات قرار داشتند، دارای ترکیبی از آل‌های غالب و مغلوب می‌باشند. هرچقدر نسبت غالبیت بیشتر باشد، بیانگر این است که تعداد آل‌های غالب در کنترل آن صفت بیشتر است. بیشترین و کمترین مقدار نسبت غالبیت برای طول پدانکل به ترتیب مربوط به والدین سوریه ۱ (۱/۲۰) و چهل دانه (۰/۲۶) بود که نشان می‌دهد بیشترین آل‌های غالب در والد سوریه ۱ و کمترین مقدار آن در والد



شکل ۲- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای عملکرد دانه در بوته (۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 2. Regression of  $Wr/Vr$  for grain yield per plant (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)

وضعیت حد واسط را داشتند. از آنجا که والدین چهل دانه، گردیش و Knd1149//68/ward دارای حداکثر طول سنبله بودند، می‌توان اظهار نمود که افزایش طول سنبله توسط ترکیبی از آل‌های غالب و مغلوب کنترل می‌شود (شکل ۴). برای این صفت خط رگرسیون محور  $Wr$  را در بالای مبدأ مختصات قطع کرده است، بنابراین عمل غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت مؤثر بوده است. محمدی و خدامباشی امامی (Mohammadi and Khodambashi, 2008) نیز عمل غالبیت نسبی ژن‌ها را در کنترل صفت طول سنبله گزارش نمودند، اما مان و شارما (Mann and Sharma, 1995) به عمل فوق غالبیت ژن‌ها برای این صفت اشاره کرده‌اند. در شکل ۵ همان‌طور که ملاحظه می‌گردد رقم Knd1149//68/ward (با نسبت غالبیت برابر با ۰/۰۱) با حداکثر تعداد پنجه بارور در دورترین نقطه نسبت به مبدأ مختصات قرار داشت و بیشترین آل‌های مغلوب را داشتند. محل تقاطع خط رگرسیون و محور  $Wr$  برای تعداد پنجه بارور در بوته بیانگر نقش غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت بود. این نتیجه در تطابق با نتایج عبدالرحمان رشید و همکاران (Abdul Rehman Rashid et al., 2012) و خان و همکاران (Khan et al., 2000) می‌باشد. از طرف



شکل ۱- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای طول پدانکل (۱: چهل دانه؛ ۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 1. Regression of  $Wr/Vr$  for peduncle length (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)

رقم زردک با کمترین تعداد دانه در سنبله در دورترین و رقم سوریه ۱ با تعداد متوسط دانه در نزدیک‌ترین نقطه از مبدأ مختصات واقع شده بودند که به ترتیب دارای بیشترین آل‌های غالب و مغلوب بودند. خط رگرسیون، محور  $Wr$  را در بالای مبدأ مختصات قطع کرده است، بنابراین عمل غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت مؤثر بوده است. در تطابق با نتیجه تحقیق حاضر، حیدری و همکاران (Heidari et al., 2006)، عبدالرحمان رشید و همکاران (Abdul Rehman Rashid et al., 2012) و ناظر و همکاران (Nazeer et al., 2011) غالبیت نسبی ژن‌ها را در کنترل تعداد دانه در سنبله گزارش نمودند.

بیشترین (۱/۰۹) و کمترین (۰/۲۰) میزان نسبت غالبیت نیز به ترتیب در والدین سوریه ۱ و زردک قرار داشتند. از طرفی رقم گردیش با بیشترین تعداد دانه در سنبله در میان قرار داشت. این نتیجه مبین کنترل ژنتیکی تعداد کمتر دانه در سنبله توسط آل‌های مغلوب و تعداد بیشتر دانه در سنبله توسط ترکیبی از آل‌های غالب و مغلوب می‌باشد (شکل ۳).

برای صفت طول سنبله، رقم چهل دانه دارای بیشترین ژن‌های غالب و زردک دارای بیشترین ژن‌های مغلوب بودند و چهار رقم دیگر از نظر ژن‌های غالب و مغلوب

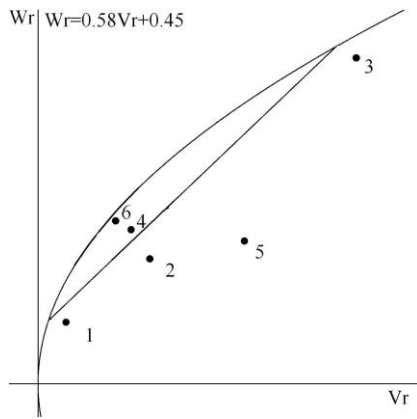
تعداد پنجه بارور بیشتر بود، می‌توان اظهار نمود که سهم اثر افزایشی در کنترل صفات فوق بیشتر از جزء غالبیت است و این صفات می‌توانند با استفاده از روش شجره‌ای و با استفاده از ژنوتیپ‌های فوق بهبود داده شوند. در حالی که برای دو صفت طول پدانکل و وزن صد دانه سهم اثر غالبیت بیشتر از اثرات افزایشی بود و هتروزیس برای اصلاح این صفات می‌تواند مؤثر باشد. البته در مورد صفت عملکرد دانه با توجه به معنی دار بودن نوعی از اثرات غیرافزایشی (b<sup>3</sup>) و همچنین ملاحظه هتروزیس در تعدادی از تلاقی‌ها با توجه به برتری محسوس هیبرید نسبت به والدین، تولید هیبریدهای دارای مقدار متوسطی از این صفت و استفاده از پدیده هتروزیس نیز می‌تواند روش مناسبی در بهبود آن باشد، هرچند هتروزیس در گیاه خودگشنی مثل گندم زیاد قابل توجه نیست. نتایج این تحقیق همچنین نشان داد که صفت طول پدانکل تحت تأثیر عمل فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارد. حال آن که صفات وزن صد دانه، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و تعداد پنجه بارور تحت تأثیر غالبیت جزء ژن‌های عامل این صفات می‌باشند. میزان وراثت‌پذیری برای دو صفت طول سنبله و عملکرد دانه متوسط برآورد شد که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی افزایشی و قابل تثبیت برای این صفات است و امکان تثبیت اثرات افزایشی ژن‌ها و در نتیجه‌گزینش در بین نتاج برای این صفات در مقایسه با سایر صفات بیشتر است. تجزیه‌گرافیکی نیز مؤید نتیجه فوق بود، به طوری که برای پنج صفت اخیر که خط رگرسیون، محور Wr و سهمی محدودکننده را در بخش مثبت قطع نمود، دلالت بر عمل غالبیت نسبی ژن‌های کنترل‌کننده داشت، ولی برای طول پدانکل این تقاطع در قسمت منفی یا به عبارتی زیر مبدأ مختصات قرار گرفت و نشان‌دهنده درجه‌ای از فوق غالبیت بود. نتایج حاصل از تجزیه‌گرافیکی بیانگر این است که در مواد اصلاحی مورد مطالعه بیشترین میزان صفات عملکرد دانه، طول پدانکل، وزن صد دانه، تعداد دانه در غلاف و طول سنبله مربوط به رقم گردیش بود و با توجه به اینکه این رقم

دیگر ارقام گردیش، زردک و سوریه ۱ با تعداد پنجه بارور کمتر به مبدأ مختصات نزدیک تر بودند و در نتیجه دارای آل‌های غالب بیشتر بودند؛ بنابراین می‌توان اظهار نمود که افزایش تعداد پنجه بارور توسط آل‌های مغلوب و کاهش آن توسط آل‌های غالب کنترل می‌شود.

پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون نشان داد که رقم زردک با کمترین میزان وزن صد دانه (۲/۱۸ گرم) و نسبت غالبیت (۰/۳) دورترین والد از محل تقاطع خط رگرسیون با محور Wr بود و دارای حداکثر تعداد ژن‌های مغلوب بود. برای این صفت خط رگرسیون محور Wr را در بالای مبدأ مختصات قطع کرده است، بنابراین عمل غالبیت نسبی ژن‌ها در کنترل این صفت مؤثر بوده است. برخلاف نتیجه حاضر سایر محققین ( Heidari et al.,

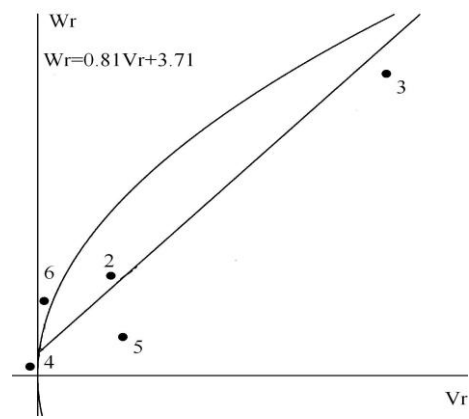
2006; Abdul Rehman Rashid et al., 2012; Farooq et al., 2006; Rahim et al., 2006 ) عمل فوق غالبیت ژن‌ها را در کنترل وزن صد دانه گزارش کردند. این تفاوت در نتایج حاصل از تحقیق حاضر و سایر تحقیقات می‌تواند ناشی از تفاوت در مواد ژنتیکی مورد مطالعه باشد. ارقام گردیش و Knd1149//68/ward با بیشترین وزن صد دانه و کمترین فاصله از محل مذکور، دارای حداکثر آل‌های غالب بودند (شکل ۶)؛ بنابراین می‌توان نتیجه گرفت کاهش وزن صد دانه با آل‌های مغلوب و افزایش آن با آل‌های غالب کنترل می‌شود.

از بررسی آزمون مقدماتی دای آل نتیجه گرفته شد که رقم چهل دانه حاوی ژن‌هایی با اثرات اپیستاتیک برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه بارور و وزن صد دانه بود. واریانس افزایشی برای تمام صفات و میانگین مربعات اثر غالبیت (b) برای صفات عملکرد دانه، طول پدانکل و وزن صد دانه معنی‌دار بود، لذا می‌توان نتیجه گرفت که در کنترل ژنتیکی تمام صفات مورد مطالعه اثر افزایشی و برای سه صفت اخیر علاوه بر اثر افزایشی، اثر غالبیت نیز نقش داشت؛ اما از آنجا که واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت در چهار صفت عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و



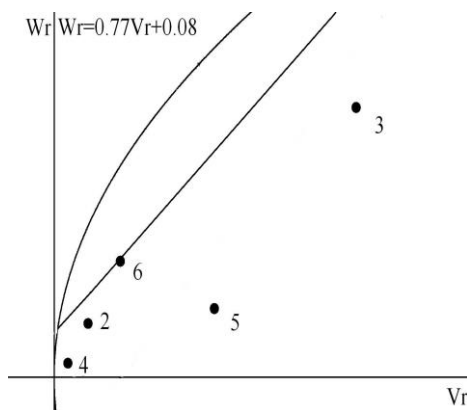
شکل ۴- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای طول سنبله (۱: چهل‌دانه؛ ۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 4. Regression of  $Wr/Vr$  for spike length (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)



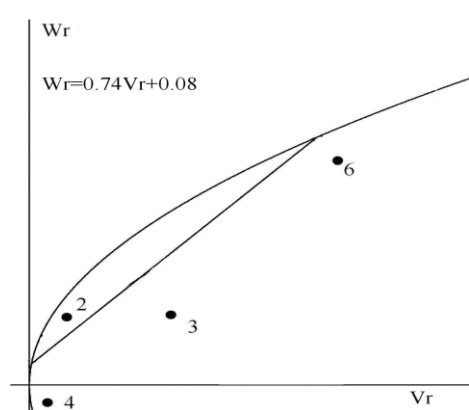
شکل ۳- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای تعداد دانه در سنبله (۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 3. Regression of  $Wr/Vr$  for number of grain per spike (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)



شکل ۶- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای وزن صد دانه (۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۵: واها؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 6. Regression of  $Wr/Vr$  for hundred grain weight (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)



شکل ۵- رگرسیون  $Wr$  بر روی  $Vr$  برای تعداد پنجه بارور (۲: گردیش؛ ۳: زردک؛ ۴: سوریه ۱؛ ۶: Knd1149//68/ward)

Figure 5. Regression of  $Wr/Vr$  for number of fertile tiller (1: Chehel daneh; 2: Gerdish; 3: Zardak; 4: Syrian-1; 5: Waha; 6: Knd1149//68/ward)

بیشترین میزان عملکرد (۱۲/۱۳ گرم در بوته) و واها × چهل‌دانه نسبت به متوسط والدین هتروزیس نشان دادند (داده‌ها درج نشده‌اند) و در آن‌ها میزان عملکرد دانه از متوسط عملکرد تمام ژنوتیپ‌ها بیشتر بود، امکان بهره‌گیری از این تلاقی‌ها جهت دستیابی به نتایج با عملکرد مناسب وجود دارد. از بین ارقام والدینی فوق، عملکرد دانه در ارقام زردک، Knd1149//68/ward و واها

برای تمام این صفات در حدود میانه قرار داشت، به نظر می‌رسد افزایش این صفات توسط ترکیبی از آلل‌های غالب و مغلوب کنترل گردد. رقم گردیش بومی استان اردبیل بوده و دارای تحمل مناسب نسبت به تنش سرما دارد (Nedjadsadeghi *et al.*, 2014). با توجه به اینکه تلاقی‌های مستقیم و معکوس چهل‌دانه × زردک و زردک × واها و همچنین تلاقی Knd1149//68/ward × واها با

اثرات افزایشی در ژرم پلاسما تحت بررسی در این پژوهش و اثر تجمعی در انتقال ژن‌ها به نسل بعد، می‌توان از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در راستای اهداف افزایش صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه در برنامه اصلاح گندم دوروم دیم استفاده نمود.

توسط آل‌های مغلوب و برای چهل‌دانه توسط اثرات اپیستاتیک کنترل می‌شود. همچنین از آنجا که هتروزیس مشاهده شده برای عملکرد دانه ناشی از غالبیت جزء است، امکان تولید لاین‌های هیبریدی که فراتر از والدین باشند، در این تلاقی‌ها وجود دارد. با توجه به وجود

## References

- Abdul Rehman Rashid, M., Salam Khan, A. and Iftikha, R.** (2012). Genetic studies for yield and yield related parameters in bread wheat. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, **12**(12): 1579-1583.
- Al-Hamdany, A.T.A.** (2010). Genetic analysis of F<sub>2</sub> Diallel crosses in durum wheat. *Mesopotamia Journal of Agriculture*, **38**:77-84.
- Chowdhry, M.A., Saeed, M.S., Khaliq, I. and Ahsan, M.** (2005). Combining ability analysis for some polygenic traits in a 5x5 diallel cross of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, **4**(4): 405-408.
- Eqbal, M., Nabavi, A., Salmon, D.F., Yang, R.C. and Spaner, D.** (2007). Simultaneous selection for early maturity, increased grain yield and elevated grain protein content in spring wheat. *Plant Breeding*, **126**: 244-250.
- FAO.** (2013). FAO annual statistics reports. <http://faostat.fao.org/site>.
- Farooq, J., Imran, H, Akhtar, S., Nausherwan, I.K. and Ghulam, A.** (2006). Combining ability for yield and its components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agriculture and Social Sciences*, **4**: 207-211.
- Griffing, B.** (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biology Science*, **9**: 463-493.
- Habib, I. and Khan, A.S.** (2003). Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, **2**: 1153-1154 (In Persian).
- Hayman, B.I.** (1954 a). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, **10**: 235-244.
- Hayman, B.I.** (1954 b). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, **39**: 789-809.
- Heidari, B., Rezai, A.M. and Mirmohammadi Maibody, S.A.M.** (2006). Diallel analysis for the estimation of genetic parameters for grain yield and grain yield components in bread wheat. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources*, **10**: 121-139 (In Persian).
- Jinks, J.L., and Hayman, B.I.** (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics and Cooperation Newsletter*, **27**: 48-54.
- Kearsey, M.L. and Pooni, H.S.** (1996). *The genetic analysis of quantitative traits*. Chapman and Hall, London, UK.
- Khan, A.S., Khan, M.K.R. and Khan, T.M.** (2000). Genetic analysis of plant height, grain yield and other traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Agriculture and Biology*, **2**: 129-132.
- Lonc, W., Kadlubiec, W. and Strugala, J.** (1993). Genetic determination of agronomy characters in F<sub>2</sub> hybrids of winter wheat. *Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej we Wroclawiu Rolnictwo*, **223**: 229-247.
- Leng, Y. and Hong, D.L.** (2004). Grain quality and genetic analysis of hybrids derived from different ecological types in Japonica rice (*Oryza sativa* L.). *Rice Science*, **11**: 165-170.

- Mahmood, N. and Chowdhry, M.A.** (2002). Ability of bread wheat genotypes to combine for high yield under varying sowing conditions. *Journal of Plant Genetics and Breeding*, **56**: 119-125.
- Malik, M.F.A., Iqbal, S. and Ali, S.** (2005). Genetic behavior and analysis of quantitative traits in five wheat genotypes. *Pakistan Journal Agricultural Resrarch*, **1(4)**: 313-315.
- Mann, M.S. and Sharma, S.N.** (1995). Genetics of yield, harvest index and related components in durum wheat. *Crop Improvement*, **22**: 38-44.
- Mather, K. and Jinks, J.L.** (1985). *Biometrical genetics*. Chapman and Hall, London, UK.
- Mohammadi, S. and Khodambashi Emami, M.** (2008). Graphical analysis for grain yield of wheat and its components using diallel crosses. *Seed and Plant Improvement Journal*, **24(3)**: 475-486 (In Persian).
- Nedjadsadeghi, L., Maali Amiri, R., Zeynali Kkanghah, H., Sadeghzadeh, B. and Ramezanpour, S.S.** (2014). Evaluation of some cold-induced responses in bread and durum wheat plants. *New Genetic*, **9 (3)**: 353-362 (In Persian).
- Nazeer, W., Farooq, J., Tauseef, M., Ahmed, S., Khan, M.A., Mahmood, K., Hussain, A., Iqbal, M. and Nasrullah, H.M.** (2011). Diallel analysis to study the genetic makeup of spike and yield contributing traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *African Journal of Biotechnology*, **10(63)**: 13735-13743.
- Rahim, M.A., Salam, A., Saeed, A. and Shakeel, A.** (2006). Combining ability for flag leaf area, yield and yield components in bread wheat. *Journal of Agricultural Research*, **44(3)**: 175-180.
- Roy, D.** (2000). *Plant Breeding Analysis and Exploitation of Variation*. Alpha Science International LTD, Oxford, UK.
- 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.
- Sadeghi, F., Deghani, H. Najafian, G. and Sarbourzeh Aghaei, M.** (2013). Estimation of gene action and genetic parameters for bread making quality attributes in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Seed and Plant Improvement Journal*, **29**:443- 465 (In Persian).
- SAS.** (2005). *User's Guide. Ver. 8*. SAS Institute Inc, Carolina, USA.
- Sharma, R.** (1998). *Statistical and Biometrical Techniques in Plant Breeding*. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi, IND.
- Shi, C.H., Zhu, J., Zeng, R.C. and Chen, G.L.** (1997). Genetic and heterosis analysis for cooking quality traits of Indica rice in different environments. *Theoretical and Applied Genetic*, **95**: 294-300.
- 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.
- Singh, R.P. and Singh, S.** (1992). Estimation of genetic parameters through generation means analysis in bread wheat. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, **52**:369-375.
- Srivastava, H.K.** (2002). Nuclear and cytoplasmic diversity in manifestation of disease control and gene pool conservation for sustainable crop productivity. *Journal of Sustainable Agriculture*, **21**: 47-72.
- Ukai, Y.** (2006). DIAL98. A package of progams for the analyses of a full and half diallel table with the methods by Hayman (1954), Griffing (1954) and others. Available from: <http://lbn.ab.a.u-tokyo.ac.jp/~ukai/dial98.html>.
- Vanda, M. and Houshmand, S.** (2011). Estimation of genetic structure of grain yield and related traits in durum wheat using diallel crossing. *Iranian Journal of Crop Science*, **13(1)**: 206-218. (In Persian).
- Verma, O.P. and Srivastava, H.K.** (2004). Genetic component and combining ability analyses in relation to heterosis for yield and associated traits using three diverse rice-growing ecosystems. *Field Crop Research*, **88**: 91-102.



- Weber, R.** (1991). Diallel analysis of useful traits of winter wheat. *Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej we Wroclawiu Rolnictwo*, **207**: 199-210.
- Zecevic, V., Knezevic, D., Pavlovic, M. and Micanovic, D.** (1997). Genetic analysis of yield components in winter wheat. *Genetika* **29**: 31-40.

## Estimation of Genetic Parameters of Morphological Traits in Rainfed Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.) using Diallel Method

Davoud Sadeghzadeh-Ahari<sup>1</sup>, Peyman Sharifi<sup>2,\*</sup>, Rahmatollah Karimizadeh<sup>3</sup> and Mohtasham Mohammadi<sup>3</sup>

1- Assistant Professor, Dry Land Agricultural Research Institute, Maragheh, Iran

2- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Islamic Azad University of Rasht, Rasht, Iran

3- Assistant Professor, Dry Land Agricultural Research Institute, Gachsaran, Iran

(Received: June 02, 2014 – Accepted: February 28, 2015)

### Abstract

To estimate the genetic components and the mode of inheritance for some morphological traits, six rainfed durum wheat genotypes (Chehel daneh, Gerdish, Zardak, Syrian-1, Waha and Knd1149//68/ward) and their complete diallel progenies were grown in a randomized complete blocks design with two replications in 2005-06 cropping season in Maragheh Dryland Agricultural Research Station. Results of diallel analysis revealed that additive variance were important for inheritance of grain yield, number of grain per spike, spike length and number of fertile tiller than dominance variance. The positive value of 'F', indicated that there were excess of dominant alleles in comparison to recessive ones in the parents for all of the studied traits. The average degree of dominance ( $H_1/D$ )<sup>0.5</sup> showed partial dominance for grain yield, number of grain per spike, spike length, 100 grains weight and number of fertile tiller and over-dominance for peduncle length. Graphic analysis indicated that increase of grain yield, number of grain per spike, spike length, 100 grains weight and number of fertile tiller were under the control of combination of recessive and dominance alleles. Predominance of additive effects for grain yield demonstrated that breeding methods based on selection may be advantageous in improving of this trait. The highest value of this trait relevant to Gerdish (10.33 g/plant), therefore this genotype can be used as cross parent in breeding programs for receiving to lines with high yield and yield components. The cross of Waha × Knd1149//68/ward with high value of GY and GCA for this trait can be used as a suitable cross for hybrid production.

**Keywords:** Additive gene effects, Non-additive gene effects, Dominance, Durum wheat, Graphic analysis

---

\* Corresponding Author, E-mail: peyman.sharifi@gmail.com