



## تحقیقات غلات

دوره نهم / شماره دوم / تابستان ۱۳۹۸ (۱۶۹-۱۷۷)

# تجزیه ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد ذرت در لاین‌ها و نتاج $F_2$ با استفاده از تجزیه دای آلل به روش گرافیکی هیمن

مهدی رحیمی<sup>\*۱</sup>

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۵/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۳/۱۹

### چکیده

به منظور برآورد عمل ژن‌ها و وراثت‌پذیری صفات عملکرد و اجزای عملکرد ذرت، نتاج  $F_2$  حاصل از تلاقی نیمه‌دی‌آلل پنج لاین S7 ذرت به همراه لاین‌های والدینی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات مورد مطالعه، عملکرد دانه و اجزای آن شامل تعداد بلال در بوته، تعداد دانه در بلال، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در ردیف، طول بلال و وزن صد دانه بود. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها، اختلاف معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد مطالعه در سطح احتمال یک درصد نشان داد. نتایج تجزیه و تحلیل گرافیکی هیمن نیز نشان داد که سهم آثار غیرافزایشی در کنترل بیش‌تر صفات، مهم‌تر از آثار افزایشی ژن‌ها بود. صفات تعداد بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه در بوته تحت کنترل اثر غالبیت ناقص ژن‌ها قرار داشتند، در حالی‌که سایر صفات مورد مطالعه توسط اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها کنترل شدند. وراثت‌پذیری خصوصی صفات نیز بین حداقل ۰/۰۳ برای صفت تعداد ردیف دانه تا حداکثر ۰/۵۰ برای وزن صد دانه متغیر بود. به این ترتیب، نتایج این تحقیق نشان داد که برای اصلاح صفات تعداد بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه در بوته می‌توان از هر دو روش گزینش و تولید هیبرید استفاده کرد، اما برای اصلاح سایر صفات در جمعیت مورد مطالعه، استفاده از پدیده هتروزیس و تولید هیبرید پیشنهاد می‌شود.

**واژه‌های کلیدی:** عمل ژن، غالبیت ناقص، فوق‌غالبیت، وراثت‌پذیری خصوصی

۱- استادیار، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی

صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

\* نویسنده مسئول: [mehdi83ra@yahoo.com](mailto:mehdi83ra@yahoo.com)

## مقدمه

ذرت (*Zea mays L.*) یکی از غلات مهم در ایران و جهان است و بعد از گندم، جو و برنج، به‌عنوان چهارمین غله مهم مطرح است. سطح زیر کشت ذرت در ایران در حدود ۱۳۹ هزار هکتار است که تولیدی در حدود یک میلیون تن دارد. متوسط عملکرد ذرت در هکتار حدود ۷۶۹۰ کیلوگرم است و در سبد غذایی ملی، مشارکت ۱/۳ درصدی دارد (Ahmadi et al., 2018). ذرت، علاوه بر اینکه در تغذیه انسان و دام استفاده می‌شود، به‌عنوان یک ماده اولیه برای صنعت نشاسته، روغن، پروتئین، الکل، شیرینی‌ها و اخیراً سوخت‌های زیستی نیز مورد استفاده قرار می‌گیرد (Reddy Yerva et al., 2016).

عملکرد، صفت کمی و پیچیده‌ای است که محیط تاثیر زیادی بر آن دارد و توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. با توجه به اینکه وراثت‌پذیری عملکرد پایین است، از این رو اصلاح مستقیم عملکرد عموماً با مشکلاتی همراه است، اما با شناخت ساختار ژنتیکی، وراثت‌پذیری و آثار ژن‌های مربوط به اجزای عملکرد مانند تعداد بلال، تعداد دانه و وزن هزار دانه که رابطه خوبی با عملکرد دارند، می‌توان در جهت افزایش عملکرد اقدام کرد (Hallauer et al., 2010).

روش تجزیه دی‌آلل به‌عنوان روشی مناسب و کارا از بین روش‌های مختلف تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات کمی جهت برآورد ساختار ژنتیکی و آثار ژن‌های صفات زراعی مورد توجه به‌نژادگران بوده است (Hallauer et al., 2010). روش گرافیکی هیمن یکی از روش‌های مختلف تجزیه دی‌آلل است که اطلاعات مفیدی در مورد پارامترهای ژنتیکی صفات کمی و وضعیت ژنتیکی والدین مورد مطالعه ارائه می‌دهد (Christie and Shattuck, 1992). در ابتدا این روش به‌وسیله جینکز و هیمن (Jinks and Hayman, 1953) معرفی و سپس توسط جینکز (Jinks, 1954) و هیمن (Hayman, 1954a, b; 1957; 1958; 1960) تکمیل شد.

در مطالعه‌ای که با تحلیل گرافیکی هیمن در ذرت انجام شد، صفت عملکرد دانه تحت کنترل اثر غالبیت قرار داشت، در حالی که صفت قطر دانه با غالبیت کامل ژن‌ها کنترل شد. همچنین دوره پر شدن دانه، تعداد دانه در ردیف، تعداد دانه در بلال، تعداد ردیف دانه، قطر بلال، عمق دانه و وزن هزار دانه تحت کنترل آثار افزایشی و غالبیت ناقص قرار داشتند (Khodarahmpour, 2011). در مطالعه دیگری در ذرت به روش هیمن، مشخص شد که تعداد ردیف دانه و عملکرد

دانه تحت کنترل اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها قرار داشتند و اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات عملکرد دانه، تعداد ردیف در بلال، عمق دانه و ارتفاع بوته نقش بیش‌تری داشت (Zare et al., 2011). همچنین، نتایج آزمایش دیگری با استفاده از روش تجزیه گرافیکی هیمن در ذرت نشان داد که برای بیش‌تر صفات از جمله تعداد ردیف دانه، وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته در دو شرایط نرمال و کمبود آب، آثار فوق‌غالبیت نقش بیش‌تری داشتند (Hussain et al., 2014). آسلا و همکاران (Aslam et al., 2015) نیز از تجزیه گرافیکی هیمن در نتاج دی‌آلل ذرت استفاده و گزارش کردند که صفات طول بلال، تعداد دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف و وزن صد دانه تحت کنترل آثار افزایشی بودند، در حالی که ارتفاع بوته و سطح برگ تحت کنترل آثار غیرافزایشی ژن‌ها قرار داشتند.

با توجه به اینکه تا کنون مطالعه‌ای در مورد نحوه کنترل ژنتیکی صفات عملکرد و اجزای عملکرد ذرت در منطقه ماهان کرمان انجام نشده است، بنابراین تحقیق حاضر اجرا شد که هدف از آن، بررسی اثر ژن‌ها، وراثت‌پذیری و نحوه کنترل عملکرد و اجزای آن در قالب یک طرح نیمه‌دی‌آلل ۵×۵ در نسل F<sub>2</sub> ذرت بود تا از نتایج حاصل بتوان روش‌های مناسب به‌نژادی را برای صفات مختلف انتخاب کرد و در راه تولید ارقام پرمحصول ذرت در منطقه ماهان کرمان گام مؤثری برداشت.

## مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق شامل پنج لاین S7-2، KSC704-S7-3، S7-5، KSC704-S7-7 و KSC704-S7-9 بود که از بین ۱۵ لاین اولیه انتخاب شدند. در ابتدا ۱۵ لاین ذرت در مرحله S6 در مزرعه ارزیابی و بر اساس تجزیه خوشه‌ای به سه گروه و پنج زیرگروه تقسیم شدند. از هر زیرگروه یک لاین و در مجموع پنج لاین انتخاب و به‌منظور بررسی نوع اثر ژن‌های کنترل‌کننده صفات زراعی، در قالب یک طرح نیمه‌دی‌آلل ۵×۵ با یکدیگر تلاقی داده شدند. کشت لاین‌ها و تلاقی‌های مستقیم بین آن‌ها برای تهیه دورگ‌های F1 در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان با طول جغرافیایی ۵۷ درجه و ۱۷ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ۱ دقیقه شمالی با ارتفاع ۲۰۲۰ متر بالاتر از سطح دریای آزاد انجام شد.

(Hayman, 1954b) برآورد شد. همچنین برای ارزیابی جهت غالبیت ژن‌ها نیز از ضریب همبستگی بین  $W_r+V_r$  و میانگین والدین استفاده شد (Hayman, 1954b). برای انجام تجزیه واریانس مقدماتی و روش هیمن از نرم‌افزار SAS (Makumbi *et al.*, 2018) استفاده شد.

### نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس هیمن برای صفات عملکرد و اجزای آن در جدول ۱ ارائه شده است. میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد مطالعه از نظر آماری در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار و حاکی از وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین لاین‌ها و هیبریدهای ذرت از نظر صفات مورد ارزیابی بود. نتایج آزمون مقدماتی روش جینکز-هیمن جهت بررسی وجود آثار اپیستازی بین ژن‌های کنترل کننده صفات مورد مطالعه نشان داد که شیب خط رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  برای صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری از یک نداشت و در مقابل اختلاف آن از صفر معنی‌دار بود. علاوه بر آن، آزمون  $W_r - V_r$  نیز برای این صفات غیرمعنی‌دار بود (جدول ۲). بنابراین، آثار اپیستازی ژن‌ها در کنترل این صفات وجود نداشت و می‌توان تجزیه و تحلیل گرافیکی دی‌آلل را به‌طور کامل برای آن‌ها انجام داد (جدول ۲).

اثر ساده ژنوتیپ به اجزای  $a$ ،  $b$ ،  $b_1$ ،  $b_2$  و  $b_3$  تفکیک شدند (جدول ۱). هر یک از اجزای ساده قابل آزمون روی برهمکنش هر جزء با تکرار و نیز اشتباه آزمایشی هستند که در این مطالعه هر دو آزمون انجام شد (جدول ۱). اثر ساده  $a$  برای همه صفات معنی‌دار بود (جدول ۱) که نشان داد آثار افزایشی در کنترل این صفات نقش دارند. اثر ساده  $b$  که در برگیرنده آثار غیرافزایشی است نیز برای همه صفات معنی‌دار بود (جدول ۱). اثر ساده  $b_1$  که بیانگر غالبیت جهت‌دار برای صفات است، برای همه صفات به‌جز صفات تعداد بلال و عملکرد دانه در بوته معنی‌دار بود که نشان دهنده تفاوت بین والدین و نتاج است. اثر ساده  $b_2$  نیز برای همه صفات معنی‌دار بود، به این معنی که فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب در والدین مربوطه یکسان نیست. لازم به ذکر است که معنی‌دار شدن اثر  $b_2$ ، بیانگر یکسان نبودن فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب در والدین است، در حالی‌که غیرمعنی‌دار شدن آن، یکسان بودن فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب را در والدین نشان می‌دهد.

در سال زراعی بعد (۹۶-۱۳۹۵) نتاج F<sub>1</sub> حاصل از تلاقی بین والدین (۱۰ هیبرید حاصل) خودگشن شدند تا نتاج F<sub>2</sub> تولید شوند. در سال زراعی سوم (۹۷-۱۳۹۶) والدین و نتاج F<sub>2</sub> حاصل از آن‌ها (۱۰ هیبرید) در مزرعه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند و صفات عملکرد و اجزای عملکرد شامل تعداد بلال در بوته، تعداد دانه در بلال (تعداد کل دانه‌های پر در بلال)، تعداد ردیف دانه (تعداد کل ردیف‌های موجود در یک بلال)، تعداد دانه در ردیف (تعداد کل دانه‌های پر موجود در هر ردیف بلال)، طول بلال (بر حسب سانتی‌متر)، وزن صد دانه (بر حسب گرم) و عملکرد دانه (وزن دانه‌های پر یک بوته بر حسب گرم) اندازه‌گیری و مورد ارزیابی قرار گرفتند.

داده‌های حاصل از والدین و نسل F<sub>2</sub> ابتدا بر اساس روش هیمن مورد تجزیه واریانس قرار گرفت و تجزیه و تحلیل گرافیکی به روش هیمن (Hayman, 1954b) وقتی انجام شد که ژنوتیپ‌ها معنی‌دار و اثر اپیستازی غیرمعنی‌دار بود. برای آزمون آثار اپیستازی و صادق بودن مفروضات روش هیمن از ضریب رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  استفاده شد و برای آزمون تفاوت معنی‌دار این ضریب از شیب واحد و صفر، آزمون  $t$  مورد استفاده قرار گرفت (Hayman, 1958). پارامترهای ژنتیکی شامل واریانس افزایشی (D)، واریانس غیرافزایشی ( $H_1$  و  $H_2$ ) و کوواریانس آثار افزایشی با غالبیت (F) نیز از روش رگرسیون پیشنهادی هیمن (Hayman, 1954b, 1958) برآورد شد و سپس شاخص‌های ژنتیکی مربوطه به‌صورت زیر محاسبه شدند. لازم به ذکر است که در صورت استفاده از نسل F<sub>2</sub> به‌جای F<sub>1</sub> به‌علت یک نسل خودگشتی بیش‌تر (F<sub>1</sub> به F<sub>2</sub>)، اثر غالبیت (h) و شاخص F به نصف مقدار کاهش می‌یابند (Jinks, 1956; Jinks and Perkins, 1970).

متوسط درجه غالبیت مکان‌های ژنی کنترل‌کننده هر صفت با رابطه (۱) برآورد شد (Hayman, 1954b, 1958):

$$\sqrt{\frac{H_1}{D}} \quad (1)$$

وراثت‌پذیری خصوصی ( $h_n^2$ ) صفات مورد مطالعه نیز از رابطه زیر محاسبه شد (Hayman, 1954b, 1958):

$$h_n^2 = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{2}H_2 - \frac{1}{2}F}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F + E} \quad (2)$$

نسبت ژن‌های غالب و مغلوب و نسبت ژن‌های دارای آثار مثبت و منفی در والدین بر مبنای روش هیمن

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ذرت با استفاده از روش هیمن

Table 1. Analysis of variance of the studied traits in maize using Hayman's method

Source of variations	df	Mean squares						
		No. of ear	No. of grain per row	No. of grain row	No. of grain per ear	Ear length	100-grain weight	Grain yield per plant
Replication	2	0.20 <sup>ns</sup>	8.28 <sup>**</sup>	8.62 <sup>**</sup>	67.49 <sup>ns</sup>	1.64 <sup>**</sup>	1.03 <sup>*</sup>	15855 <sup>ns</sup>
Genotype	14	0.914 <sup>***</sup>	46.76 <sup>***</sup>	18.22 <sup>***</sup>	24157.99 <sup>***</sup>	2.16 <sup>***</sup>	14.74 <sup>***</sup>	75817.08 <sup>***</sup>
a	4	1.08 <sup>***</sup>	15.224 <sup>***</sup>	25.59 <sup>***</sup>	28273.32 <sup>***</sup>	0.311 <sup>*</sup>	7.8 <sup>***</sup>	106821.8 <sup>**</sup>
b	10	0.8476 <sup>***</sup>	59.3683 <sup>***</sup>	15.27 <sup>***</sup>	22511.86 <sup>***</sup>	2.89 <sup>***</sup>	17.51 <sup>***</sup>	63415.19 <sup>**</sup>
b1	1	0.40 <sup>ns</sup>	12.84 <sup>***</sup>	8.71 <sup>##</sup>	38.68 <sup>ns</sup>	6.19 <sup>***</sup>	4.27 <sup>***</sup>	14648.89 <sup>ns</sup>
b2	4	1.1857 <sup>##</sup>	82.27 <sup>***</sup>	8.116 <sup>***</sup>	49852.89 <sup>***</sup>	2.39 <sup>***</sup>	20.47 <sup>***</sup>	99613.37 <sup>*</sup>
b3	5	0.6667 <sup>##</sup>	50.36 <sup>***</sup>	22.31 <sup>***</sup>	5133.68 <sup>***</sup>	2.65 <sup>***</sup>	17.79 <sup>***</sup>	44209.92 <sup>**</sup>
Error	28	0.20	0.384	0.479	30.82	0.122	0.204	11015.88

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively. Each term was tested against the interaction of term and replication.

<sup>#</sup> and <sup>##</sup>: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively. All terms were tested against the experimental error.

نسبت فاصله بیش‌تری از عدد ۰/۲۵ داشته باشد، به مفهوم نامتقارنی و غیریکنواختی بیش‌تر توزیع آل‌های غالب مثبت و منفی در والدین خواهد بود. در این مطالعه، این نسبت برای صفات تعداد بلال، تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در بلال، طول بلال، وزن صد دانه و عملکرد دانه به‌ترتیب ۰/۱۹، ۰/۲۰، ۰/۲۳، ۰/۲۲، ۰/۲۳، ۰/۱۸ و ۰/۲۰ بود که نشان‌دهنده متفاوت بودن نسبی توزیع ژن‌های غالب افزایشنده و کاهشنده در والدین برای همه صفات است. البته برای صفاتی که این نسبت نزدیک به ۰/۲۵ برآورد شده است (تعداد ردیف دانه و طول بلال با نسبت ۰/۲۳)، می‌توان گفت که توزیع آل‌های غالب در والدین تا حدود زیادی متقارن بوده است.

میانگین درجه غالبیت ( $\sqrt{\frac{H_1}{D}}$ ) نیز برای همه صفات مورد مطالعه بالاتر از یک برآورد شد که همانند نتایج تجزیه گرافیکی، نشان‌دهنده وجود آثار فوق‌غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفات بود. وراثت‌پذیری خصوصی صفات بر اساس مدل هیمن-جینکز برای صفات تعداد بلال، تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در بلال، طول بلال، وزن صد دانه و عملکرد دانه به‌ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۳، ۰/۳۳، ۰/۳۴، ۰/۵۰ و ۰/۳۱ برآورد شد که همانند سایر پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده، بیانگر نقش بیش‌تر آثار غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات است. بنابراین، پتانسیل انتخاب برای این صفات بالا نیست و برای اصلاح این صفات در جمعیت مورد مطالعه، روش‌های اصلاحی مبتنی بر دورگ‌گیری می‌توانند مفید باشند.

اثر ساده b<sub>3</sub> نیز برای همه صفات معنی‌دار بود که حاکی از اثر معنی‌دار ترکیب‌پذیری خصوصی ژنوتیپ‌ها است (جدول ۱). از میان اجزای جدول تجزیه واریانس هیمن، دو جزء a و b<sub>3</sub> که آثار افزایشی و غیرافزایشی را نشان می‌دهند، از همه مهم‌تر هستند و در همه صفات متفاوت بودند. از این‌رو، پارامترهای ژنتیکی و نمودار گرافیکی هر یک از صفات به‌صورت مجزا بررسی شدند (جدول ۲، شکل‌های ۱-۷).

برآورد شاخص‌های آماری و اجزای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در جدول ۲ ارایه شده است. شاخص D برای صفات تعداد بلال، طول بلال، وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته معنی‌دار و نشان‌دهنده نقش آثار افزایشی در کنترل این صفات بود. شاخص‌های H<sub>1</sub> و H<sub>2</sub> نیز برای همه صفات به‌جز تعداد بلال معنی‌دار بود و نقش آثار غیرافزایشی را در کنترل این صفات نشان داد. با توجه به معنی‌دار بودن شاخص‌های D، H<sub>1</sub> و H<sub>2</sub> برای صفات تعداد بلال، طول بلال، وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته، نقش هر دو نوع آثار افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفات مشخص شد. سایر صفات مورد مطالعه نیز فقط تحت کنترل آثار غیرافزایشی ژن‌ها قرار داشتند.

نسبت  $\frac{H_2}{4H_1}$  نیز که تخمینی از نسبت ژن‌های غالب با آثار افزایشنده (مثبت) به کاهشنده (منفی) را نشان می‌دهد، در بهترین حالت یعنی در حالت تقارن فراوانی‌های ژنی در والدین، ۰/۲۵ خواهد بود و در غیر این صورت، بیانگر متقارن نبودن آل‌های غالب مثبت و منفی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مربوطه در والدین است. به‌عبارت دیگر، هر چه این

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه در ذرت با استفاده از روش هیمن

Table 2. Genetic parameters of the studied traits in maize using Hayman's method

Genetic parameter*	No. of ear	No. of grain per row	No. of grain row	No. of grain per ear	Ear length	100-grain weight	Grain yield per plant
E	0.067 <sup>ns</sup>	0.38 <sup>ns</sup>	0.48 <sup>ns</sup>	11.09 <sup>ns</sup>	0.12 <sup>ns</sup>	0.09 <sup>ns</sup>	3779.50 <sup>ns</sup>
D	0.511 <sup>**</sup>	12.00 <sup>ns</sup>	4.49 <sup>ns</sup>	3441.27 <sup>ns</sup>	0.83 <sup>**</sup>	3.71 <sup>**</sup>	27850.68 <sup>*</sup>
F	0.53 <sup>ns</sup>	15.69 <sup>ns</sup>	6.20 <sup>ns</sup>	66.82 <sup>ns</sup>	0.42 <sup>ns</sup>	2.61 <sup>ns</sup>	24999.69 <sup>ns</sup>
H <sub>1</sub>	0.858 <sup>*</sup>	69.25 <sup>**</sup>	28.35 <sup>**</sup>	30445.92 <sup>**</sup>	1.92 <sup>**</sup>	16.38 <sup>**</sup>	77856.86 <sup>**</sup>
H <sub>2</sub>	0.661 <sup>ns</sup>	55.14 <sup>*</sup>	26.18 <sup>**</sup>	27093.91 <sup>**</sup>	1.75 <sup>**</sup>	11.51 <sup>**</sup>	62880.05 <sup>*</sup>
h	0.188 <sup>ns</sup>	1.26 <sup>ns</sup>	7.38 <sup>ns</sup>	8417.70 <sup>*</sup>	0.00 <sup>ns</sup>	3.71 <sup>*</sup>	31674.62 <sup>*</sup>
$\sqrt{\frac{H_1}{D}}$	1.30	2.40	2.51	2.97	1.52	2.10	1.67
$\frac{H_2}{4H_1}$	0.19	0.20	0.23	0.22	0.23	0.18	0.20
$\frac{\sqrt{4DH_1 + F}}{\sqrt{4DH_1 - F}}$	2.35	1.75	1.76	1.01	1.40	1.40	1.73
r	-0.55	0.08	0.81	0.78	-0.02	-0.48	-0.05
$\frac{h}{H_2}$	0.28	0.02	0.28	0.31	0.00	0.32	0.50
h <sub>n</sub> <sup>2</sup>	0.27	0.27	0.03	0.33	0.34	0.50	0.31
h <sub>b</sub> <sup>2</sup>	0.79	0.98	0.93	1.00	0.86	0.99	0.87
a	0.14	6.03	-3.68	-1424.76	-0.44	-0.49	9179.67
t <sup>2</sup>	1.53 <sup>ns</sup>	1.49 <sup>ns</sup>	0.82 <sup>ns</sup>	2.71 <sup>ns</sup>	-0.18 <sup>ns</sup>	2.55 <sup>ns</sup>	2.23 <sup>ns</sup>
Wr-Vr	0.06 <sup>ns</sup>	331.90 <sup>ns</sup>	44.75 <sup>ns</sup>	52402342.14 <sup>ns</sup>	0.20 <sup>ns</sup>	10.34 <sup>ns</sup>	360971569.42 <sup>ns</sup>

\*: E, environmental variance; D, additive variance; F, covariance of additive with dominance effects; H<sub>1</sub> and H<sub>2</sub>, dominance variances, h, dominance effect over all loci in heterozygous phase;  $\sqrt{H_1/D}$ , average degree of dominance;  $H_2/4H_1$ , proportion of dominance genes with increasing and decreasing effects;  $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$ , proportion of all genes with positive and negative effects in the parents; r, correlation between mid-parent (Y<sub>r</sub>) with Wr+Vr;  $h/H_2$ , number of gene blocks controlling the trait and exhibit dominance; h<sub>n</sub><sup>2</sup>, narrow sense heritability; h<sub>b</sub><sup>2</sup>, broad sense heritability; a, is intercept of regression line; t<sup>2</sup>, significant test of regression coefficient from one; Wr-Vr, analysis of variance for Wr-Vr over replications.

ns, \* and \*\*: Not-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

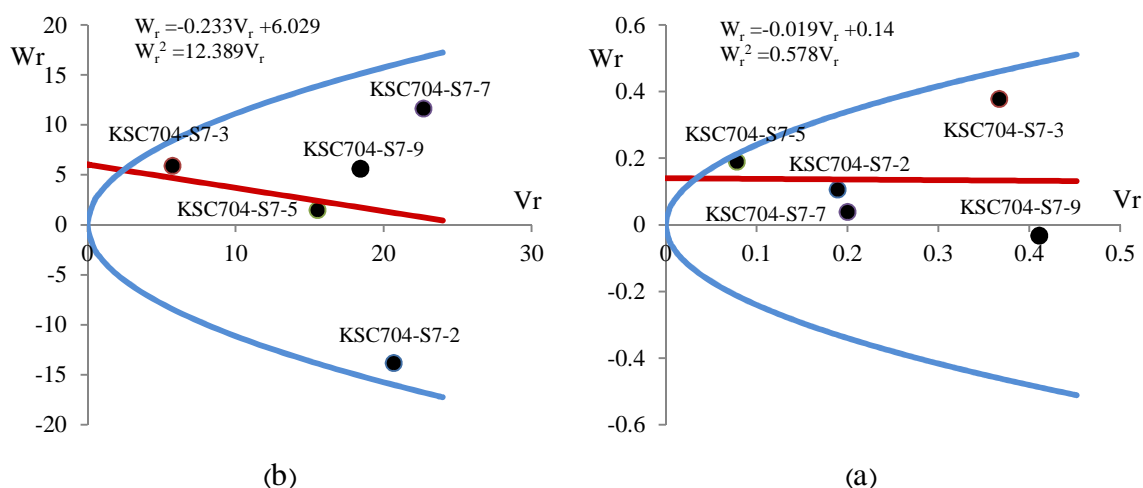
شاخص دیگر نسبت  $\frac{\sqrt{4DH_1 + F}}{\sqrt{4DH_1 - F}}$  بود که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین را ارزیابی می‌کند، به طوری که نسبت برابر با یک بیانگر یکسان بودن فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب در والدین و نسبت کم‌تر یا بیش‌تر از یک به ترتیب بیانگر فراوانی بیش‌تر ژن‌های مغلوب و غالب در والدین است. محاسبه نسبت  $\frac{\sqrt{4DH_1 + F}}{\sqrt{4DH_1 - F}}$  در این تحقیق نشان داد که در مجموع والدین برای همه صفات مورد مطالعه دارای آلل‌های غالب بیش‌تری بودند. در مطالعاتی که توسط محققین دیگر انجام شده است، نتایج مشابه و متفاوتی برای نوع عمل ژن‌های کنترل کننده

شاخص دیگر ارزیابی شده در این مطالعه، شاخص r بود که همبستگی بین والدین و Wr+Vr را ارزیابی می‌کند و نشان‌دهنده نحوه رفتار آلل‌های غالب کاهنده و افزایش‌دهنده است، به طوری که اگر این همبستگی منفی به دست آید، بیانگر کاهنده بودن آلل‌های غالب است و این‌ها موجب کاهش صفت خواهند شد، اما در صورتی که این همبستگی مثبت باشد، نشان‌دهنده افزایش‌دهنده بودن آلل‌های غالب است و موجب افزایش صفت خواهند شد. در این مطالعه، شاخص r (جدول ۲) برای صفات تعداد بلال، طول بلال، وزن صد دانه و عملکرد دانه، منفی بود و نشان داد که آلل‌های غالب، کاهنده بودند و بنابراین موجب کاهش صفت می‌شوند.

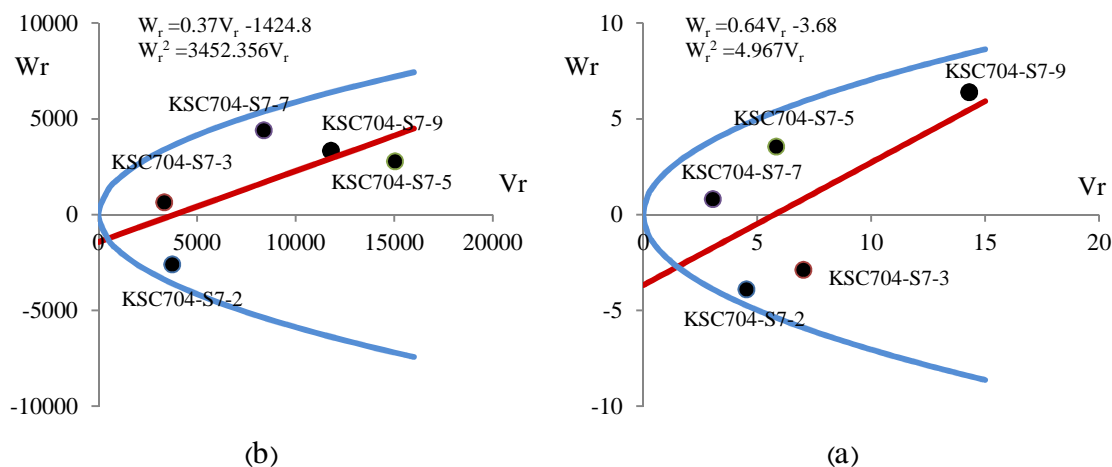
رگرسیون با محور  $W_r$  دارند، دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب و والدینی که دورترین فاصله را از این محل دارند، دارای بیش‌ترین آلل‌های مغلوب هستند. پراکنش والدین برای صفات تعداد بلال (شکل ۱-۱) و تعداد دانه در ردیف (شکل ۱-۲)، نشان داد که این صفات توسط اثر غالبیت ژن‌ها کنترل می‌شوند و بنابراین، تولید هیبرید روش مناسب برای اصلاح این صفات است. برای صفات تعداد ردیف دانه و تعداد دانه در بلال (شکل‌های ۲-۱ و ۲-۲) و نیز صفات طول بلال و وزن صد دانه (شکل‌های ۳-۱ و ۳-۲) خط رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  محور  $W_r$  را در قسمت منفی قطع کرد، به این معنی که این صفات تحت کنترل اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها قرار دارند.

این صفات گزارش شده است. زارع (Zare *et al.*, 2011) متفاوت از تحقیق حاضر، اثر افزایشی ژن‌ها را در کنترل صفات عمق دانه، تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف دانه و عملکرد دانه گزارش کرد که دلیل آن شاید به‌خاطر نوع والدین و نحوه توزیع آلل‌ها در آن‌ها و نیز محیط‌های متفاوت دو تحقیق باشد، اما، خدارحم‌پور (Khodarahmpour, 2011) و مرادی و چوگان (Moradi and Choukan, 2017) همانند این آزمایش، وجود فوق‌غالبیت ژن‌ها را در کنترل صفات تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف دانه و عملکرد دانه گزارش کردند.

پراکنش والدین برای صفات مورد مطالعه در شکل‌های ۱ تا ۴ ارایه شده است. با توجه به خط رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  والدینی که کم‌ترین فاصله را از محل برخورد خط



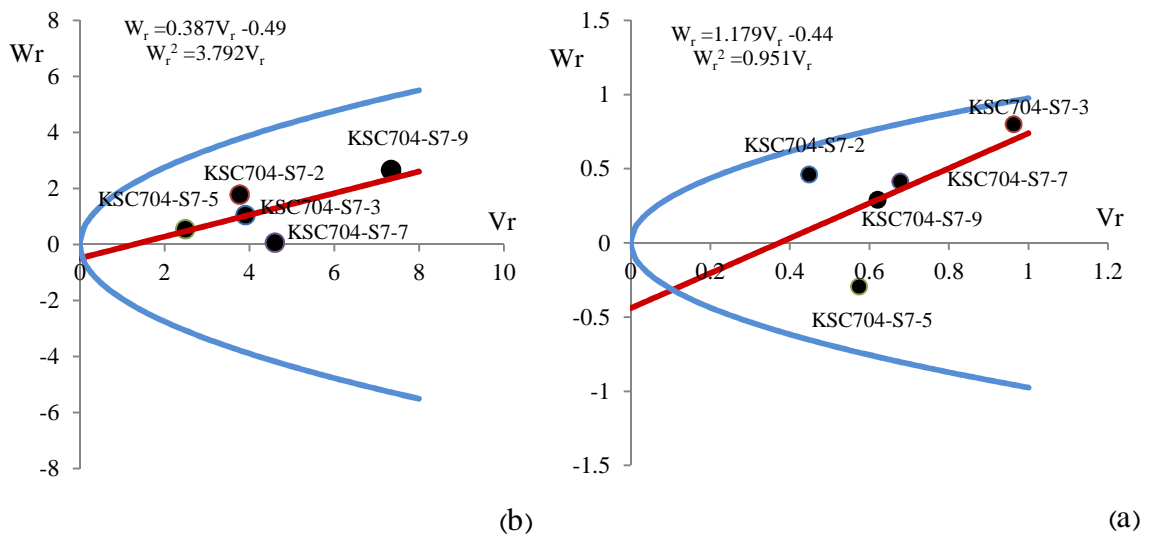
شکل ۱- نمودار  $W_r/V_r$  برای صفات تعداد بلال (a) و تعداد دانه در ردیف (b)  
Figure 1.  $W_r/V_r$  graph for number of ear (a) and number of grain per row (b)



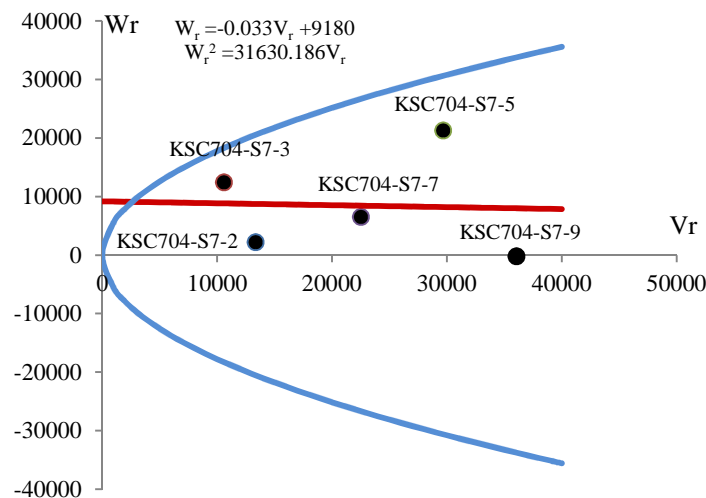
شکل ۲- نمودار  $W_r/V_r$  برای صفات تعداد ردیف دانه (a) و تعداد دانه در بلال (b)  
Figure 2.  $W_r/V_r$  graph for number of grain row (a) and number of grain per ear (b)

ژن‌ها کنترل می‌شوند، بنابراین برای افزایش و بهبود این صفات می‌توان از پدیده هتروزیس بهره برد. پراکنش والدین برای عملکرد دانه نیز نشان داد که خط رگرسیون قسمت مثبت محور  $W_r$  را قطع کرده است (شکل ۴). بنابراین، عملکرد دانه تحت کنترل آثار غالبیت ناقص ژن‌ها قرار دارد و بنابراین برای اصلاح آن، می‌توان ضمن تلاقی ژنوتیپ‌های برتر، از روش انتخاب نیز در نسل‌های اولیه در حال پیشرفت استفاده کرد. همچنین با توجه به کاهنده بودن آلل‌های غالب، می‌توان از والدین دارای آلل‌های مغلوب برای اصلاح عملکرد استفاده کرد.

پراکنش والدین در طول خط رگرسیون نشان داد که لاین KSC704-S7-7 برای صفت تعداد ردیف دانه، لاین KSC704-S7-3 برای صفت تعداد دانه در بلال و لاین‌های KSC704-S7-5 و KSC704-S7-2 برای صفات طول بلال و وزن صد دانه، نزدیک‌ترین والدین به محل برخورد خط رگرسیون با محور  $W_r$  هستند و از این‌رو، این ارقام دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب می‌باشند. با توجه به افزایش بودن آلل‌های غالب برای این صفات، می‌توان از این والدین برای افزایش این صفات در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد. از آنجایی که این صفات توسط آثار غالبیت



شکل ۳- نمودار  $W_r/V_r$  برای صفات طول بلال (a) و وزن صد دانه (b).  
Figure 3.  $W_r/V_r$  graph for ear length (a) and 100-grain weight (b)



شکل ۴- نمودار  $W_r/V_r$  برای صفت عملکرد دانه در بوته  
Figure 4.  $W_r/V_r$  graph for grain yield per plant

## نتیجه‌گیری کلی

و از جمله عملکرد و اجزای آن، به‌نظر می‌رسد که روش گزینش چندان موفقیت‌آمیز نباشد، بلکه بهتر است از پدیده هتروزیس استفاده کرد و والدین مورد نظر را جهت تولید هیبریدها تلاقی داد و در نهایت از روش گزینش در نسل‌های پیشرفته‌تر برای بهبود صفات استفاده کرد.

## سپاسگزاری

این پژوهش در قالب طرح پژوهشی شماره ۲۸۰۳ / ۹۷ با استفاده از اعتبارات پژوهشی پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان انجام شده است.

به‌طور کلی، نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که نحوه کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه، متفاوت و شامل آثار فوق‌غالبیت و غالبیت ناقص ژن‌ها بود. بنابراین، برای هر صفت باید راه‌کار و برنامه اصلاحی ویژه آن صفت را به‌کار برد. در بیش‌تر صفات مورد مطالعه، آثار فوق‌غالبیت سهم بیش‌تری در کنترل صفات داشتند. برآورد وراثت‌پذیری خصوصی صفات نیز نشان داد که بیش‌تر صفات مورد مطالعه وراثت‌پذیری خصوصی کم تا متوسط داشتند و بیش‌تر تحت کنترل آثار غیرافزایشی ژن‌ها بودند. بنابراین، برای اصلاح و بهبود ارزش ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از نظر این صفات

## References

- Ahmadi, K., Ebadzadeh, H. R., Abd-Shah, H., Kazimian, A. and Rafiei, M. 2018. Agricultural statistics of crop years 2016-17. Volume one: Crop production. Ministry of Jihad-e-Agriculture, Planning and Economics Affairs, Information and Communication Technology Center, Tehran, Iran. (In Persian).
- Aslam, M., Ikram, M., Maqbool, M. A. and Akbar, W. 2015. Assessment of genetic components for different traits in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Agricultural Research** 53: 1-10.
- Christie, B. and Shattuck, V. 1992. The diallel cross: Design, analysis, and use for plant breeders. In: Janick, J. (Ed.). Plant breeding reviews. John Wiley and Sons, Inc, USA. pp: 9-36.
- Hallauer, A. R., Carena, M. J. and Miranda Filho, J. B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. Springer Science and Business Media, New York, USA.
- Hayman, B. 1954a. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics** 10: 235-244.
- Hayman, B. 1954b. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics** 39: 789-809.
- Hayman, B. 1957. Interaction, heterosis and diallel crosses. **Genetics** 42: 336-355.
- Hayman, B. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. **Genetics** 43: 63-58.
- Hayman, B. 1960. The theory and analysis of diallel crosses. III. **Genetics** 45: 155-172.
- Hussain, M., Shah, K., Ghafoor, A., Kiani, T. and Mahmood, T. 2014. Genetic analysis for grain yield and various morphological traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and water stress environments. **The Journal of Animal and Plant Sciences** 24: 1230-1240.
- Jinks, J. L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. **Genetics** 39: 767-788.
- Jinks, J. L. 1956. The F<sub>2</sub> and backcross generations from a set of diallel crosses. **Heredity** 10: 1-30.
- Jinks, J. L. and Perkins, J. M. 1970. A general method for the detection of additive, dominance and epistatic components of variation. III. F<sub>2</sub> and backcross populations. **Heredity** 25: 419-429.
- Jinks, J. L. and Hayman, B. 1953. The analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Cooperation Newsletter** 27: 48-54.
- Khodarahmpour, Z. 2011. Genetic control of different traits in maize inbred lines (*Zea mays* L.) using graphical analysis. **African Journal of Agricultural Research** 6: 1661-1666.
- Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J. and Burgueño, J. 2018. SASHAYDIAL: A SAS program for Hayman's diallel analysis. **Crop Science** 58: 1605-1615.
- Moradi, M. and Choukan, R. 2017. Graphical analysis for grain yield related traits in maize (*Zea mays* L.) using diallel crosses under normal and water stress conditions. **Journal of Crop Breeding** 9: 149-157. (In Persian with English Abstract).
- Reddy Yerva, S., Sekhar, T. C., Allam, C. R. and Krishnan, V. 2016. Combining ability studies in maize (*Zea mays* L.) for yield and its attributing traits using Griffing's diallel approach. **Electronic Journal of Plant Breeding** 7: 1046-1055.
- Zare, M., Choukan, R., Bihamta, M. R., Majidi Heravan, E. and Kamelmanesh, M. M. 2011. Gene action for some agronomic traits in maize (*Zea mays* L.). **Crop Breeding Journal** 1: 133-141.





University of Guilan  
Faculty of Agricultural  
Sciences

**Cereal Research**  
Vol. 9, No. 2, Summer 2019 (169-177)

## **Genetic analysis of grain yield and its components of maize in lines and F<sub>2</sub> progenies using diallel analysis by Hayman's graphical approach**

**Mehdi Rahimi<sup>1\*</sup>**

Received: June 9, 2019

Accepted: August 19, 2019

### **Abstract**

To estimate gene action and heritability of yield and yield components of maize, F<sub>2</sub> progenies derived from half-diallel cross of five S<sub>7</sub> maize lines along with parental lines were assessed in a randomized complete block design with three replications at the Research Farm of Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran, in 2017-18. The studied traits were grain yield and its components including number of ear per plant, number of grain per ear, number of grain row, number of grain per row, ear length and 100-grain weight. Results of analysis of variance showed significant differences among genotypes for all studied traits at 1% probability level. The results of Hayman's graphical analysis also indicated that the contribution of non-additive gene effects was more important than additive effects in controlling most traits. Number of ear, number of grain per row and grain yield per plant were controlled by the incomplete dominance effects of genes, while the other traits were controlled by over-dominance effects. Broad sense heritability of the traits varied from 0.03 for number of grain row to 0.50 for 100-grain weight. The results of this study showed that both hybrid production and selection methods can be used to breed the number of ear, number of grain per row and grain yield per plant, but to breed the other traits in the studied population, the use of heterosis phenomenon and hybrid production is suggested.

**Keywords:** Gene action, Incomplete dominance, Narrow sense Heritability, Over-dominance

---

1. Assist. Prof., Dept. of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

\* Corresponding author: [mehdi83ra@yahoo.com](mailto:mehdi83ra@yahoo.com)