



Genetic analysis of grain yield and related traits in maize (*Zea mays* L.) using graphical diallel analysis

Zahra Erfani Moghadam^{1*}, Reza Fotovat², Ehsan Mohseni Fard³ and Victor Rodriguez⁴

1. Graduate Ph.D., Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran (* Corresponding author: zahra.erfanimoghadam@znu.ac.ir)
2. Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran
3. Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran
4. Professor, Member of the Genetics Group of the International Research Council of Spain (CSIC), Madrid, Spain

Comprehensive abstract

Introduction

The first step in breeding programs is accurate identification and sufficient knowledge of genetic parameters, including the type of gene action and the heritability of the studied trait. Development of high yielding lines and the identification of heterotic groups are the most important objectives of corn breeders. Also, determining the inbred lines of parents that create suitable hybrids is very valuable and can reduce the duration of the hybrid production program in corn. Graphic diallele analysis is one of the biometric methods of genetic analysis of quantitative and multigenic traits, the results of which can be very useful for improving traits within and between populations as well as producing hybrid varieties. The objective of this experiment was to investigate the genetic control of grain yield and related traits in maize inbred lines. The results of this study can be useful in selecting the most appropriate breeding method for the studied traits and producing high yielding maize hybrids in Zanjan region, Iran.

Materials and methods

To estimate the type of gene action, the number of genes, heritability and other genetic parameters controlling grain yield and its related traits in maize inbred lines, a 5×5 diallel crosses design was used. The parents and 20 hybrids derived from their crosses were evaluated in a randomized complete block design with three replications in the research field of Zanjan University, Zanjan province, Iran, in 2019. The studied traits were including plant height, ear length, number of grain rows in ear, number of grains per row, 300-grain weight, and grain yield. The genetic analysis of the data was done according to Hayman (1954) graphical approach.

Research findings

Estimating the genetic parameters showed both additive and non-additive gene effects in controlling the studied traits in this research. The results of graphical analysis also indicated the existence of over-dominance gene effects in controlling grain yield and its related traits. The alleles increasing the studied traits were of dominant type. Broad-sense heritability varied from 54% for 300-grain weight to 89% for ear length, and narrow-sense heritability ranged from 29% for 300-grain weight to 41% for number of grain rows per ear. Although high general heritability was estimated for most of the studied traits, which indicates the greater role of genetic factors and the relatively less influence of environmental factors in controlling the diversity of these traits, the existence of over-



dominance effect of genes and low narrow-sense heritability indicates that the selection of these traits in the early generations will not be successful. Therefore, the breeding methods based on hybridization and selection in advanced generations can be useful in improving and breeding the grain yield and its related traits in the studied maize inbred lines. Also, the use of EP80 inbred line which had the most number of dominant genes for controlling yield and its components may have promising results in improving these traits in breeding programs.

Conclusion

In total, the results of the current study regarding the type of gene action controlling grain yield and its components in the studied maize inbred lines showed the important role of the over-dominance effects of genes. Therefore, the most appropriate strategy for exploiting these genes and improving the population is to obtain hybrid varieties that provide the possibility of exploiting heterosis in the investigated parents. is to use the heterosis phenomenon and produce hybrid varieties.

Keywords: Gene action, Genetic parameters, Hayman's approach, Over-dominance

Received: January 21, 2023

Accepted: June 08, 2023

Cite this article:

Erfani Moghadam, Z., Fotovat, R., Mohseni Fard, E. and Rodriguez, V. 2023. Genetic analysis of grain yield and related traits in maize (*Zea mays* L.) using graphical diallel analysis. *Cereal Research*, 13(2), pp. 129-143.



تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته در ذرت با استفاده از تجزیه گرافیکی دای آل

زهرآ عرفانی مقدم^{۱*}، رضا فتوت^۲، احسان محسنی فرد^۳ و ویکتور رودریگز^۴

۱- دانش آموخته دکتری، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران (* نویسنده مسئول):

zahra.erfanimoghadam@znu.ac.ir

۲- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

۳- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

۴- استاد، عضو گروه ژنتیک شورای تحقیقات بین المللی اسپانیا (CSIC)، مادرید، اسپانیا

چکیده جامع

مقدمه: اولین گام در برنامه‌های به‌نژادی، شناخت دقیق و آگاهی کافی از پارامترهای ژنتیکی شامل نوع عمل ژن‌ها و نحوه وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه است. توسعه لاین‌های با عملکرد بالا و شناسایی گروه‌های هتروژیک، از جمله مهم‌ترین اهداف اصلاح کنندگان ذرت محسوب می‌شوند. همچنین، تعیین لاین‌های اینبرد والدینی که هیبریدهای مناسبی ایجاد می‌کنند، بسیار ارزشمند است و می‌تواند مدت زمان برنامه تولید هیبرید در ذرت را کاهش دهد. تجزیه و تحلیل گرافیکی دای آل یکی از روش‌های بیومتریکی تجزیه ژنتیکی صفات کمی و چندژنی است که نتایج حاصل از آن می‌تواند جهت بهبود صفات داخل جمعیت‌ها، بین جمعیت‌ها و نیز تولید واریته‌های هیبرید بسیار مفید باشد. هدف از انجام این آزمایش، ارزیابی نحوه کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته به آن در لاین‌های اینبرد ذرت بود. نتایج حاصل از این مطالعه می‌تواند در انتخاب مناسب‌ترین روش به‌نژادی صفات مورد مطالعه و تولید هیبریدهای با عملکرد بالا در منطقه زنجان مفید باشد.

مواد و روش‌ها: به‌منظور برآورد نوع عمل ژن، تعداد ژن‌ها، وراثت‌پذیری و دیگر پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده عملکرد دانه و صفات وابسته به آن در لاین‌های اینبرد ذرت، از تلاقی‌های دای آل ۵×۵ استفاده شد. والد‌ها و ۲۰ هیبرید حاصل از تلاقی آن‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه زنجان در سال ۱۳۹۸ مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع بوته، طول بلال، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در ردیف، وزن ۳۰۰ دانه و عملکرد دانه بودند. برای تجزیه و تحلیل ژنتیکی داده‌ها از روش گرافیکی هیمن استفاده شد.

یافته‌های تحقیق: بررسی پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در این تحقیق، تأثیر توأم اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها را در کنترل صفات مورد مطالعه نشان داد. نتایج تجزیه گرافیکی نیز بیانگر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل صفات بود. آل‌های افزاینده صفات مورد بررسی از نوع غالب بودند. دامنه تغییرات وراثت‌پذیری عمومی از ۵۴ درصد برای وزن ۳۰۰ دانه تا ۸۹ درصد برای طول بلال و وراثت‌پذیری خصوصی از ۲۹ درصد برای وزن ۳۰۰ دانه تا ۴۱ درصد برای تعداد ردیف دانه متغیر بود. اگرچه وراثت‌پذیری عمومی بالایی برای بیش‌تر صفات مورد مطالعه برآورد شد که نشان دهنده نقش بیش‌تر عوامل ژنتیکی و تأثیر نسبتاً کم عوامل محیطی در کنترل تنوع این صفات بود، اما وجود اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها و وراثت‌پذیری خصوصی کم بیانگر آن است که انتخاب برای این صفات در نسل‌های اولیه موفقیت‌آمیز نخواهد بود. بنابراین در بهبود و اصلاح عملکرد و صفات

وابسته به آن در لاین‌های ذرت مورد مطالعه، روش‌های اصلاحی مبتنی بر دورگ‌گیری و انتخاب در نسل‌های پیشرفته می‌تواند مفید باشد. همچنین، استفاده از لاین EP80 که دارای بیش‌ترین تعداد ژن‌های غالب برای کنترل صفات عملکرد و اجزای آن بود، می‌تواند نتایج امیدوار کننده‌ای در بهبود این صفات در برنامه‌های به‌نژادی داشته باشد.

نتیجه‌گیری: در مجموع نتایج حاصل از این آزمایش در مورد نوع عمل ژن‌های کنترل کننده عملکرد دانه و صفات وابسته به آن در لاین‌های ذرت مورد مطالعه نشان دهنده نقش قابل توجه اثر فوق غالبیت ژن‌ها بود. بنابراین، مناسب‌ترین راهکار برای بهره‌برداری از آن و اصلاح جمعیت، به‌دست آوردن ارقام هیبرید است که امکان بهره‌برداری از هتروزیس را در والدین مورد بررسی فراهم می‌کند.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، روش هیمن، عمل ژن، فوق غالبیت

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۱/۰۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۳/۱۸

نحوه استناد به این مقاله:

عرفانی مقدم، زهرا، فتوت، رضا، محسنی‌فرد، احسان و رودریگرز، ویکتور. ۱۴۰۲. تجزیه ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته در ذرت با استفاده از تجزیه گرافیکی دای‌آل. *تحقیقات غلات*، ۱۳(۲): ۱۴۳-۱۲۹.

مقدمه

ذرت (*Zea mays* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است که از نظر سطح زیرکشت، بعد از گندم و برنج، مقام سوم دنیا را به خود اختصاص داده است. سطح زیرکشت 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). به دلیل مصارف متعدد ذرت، افزایش تولید این محصول اهمیت زیادی دارد. از مطمئن‌ترین راه‌های افزایش تولید، افزایش عملکرد در واحد سطح از طریق بهبود پتانسیل ژنتیکی ارقام این گیاه است. افزایش عملکرد از طریق به‌نژادی، کارآمدترین و پایدارترین روش می‌باشد (Moosavi et al., 2018). جهت طراحی و اجرای یک برنامه به‌نژادی مفید و مؤثر، آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه، میزان تأثیر عوامل محیطی و اثر متقابل عوامل ژنتیکی و محیطی ضروری است (Hallauer et al., 2010).

توسعه لاین‌های با عملکرد بالا و شناسایی گروه‌های هتروتیپ از جمله مهم‌ترین اهداف اصلاح‌کنندگان ذرت محسوب می‌شود. یکی از روش‌های شناخته شده جهت دستیابی به این هدف، استفاده از تلاقی‌های دای آلل است. تلاقی‌های دای آلل عموماً جهت بررسی تنوع ژنتیکی و مطالعه نوع عمل ژن‌ها در صفات کمی استفاده می‌شود. نتایج حاصل از تجزیه‌های دای آلل جهت بهبود صفات داخل و بین جمعیت‌ها و نیز تولید واریته‌های هیبرید با ارزش می‌باشد (Viana et al., 1999). همچنین، تعیین لاین‌های اینبرد والدینی که هیبریدهای مناسبی ایجاد می‌کنند، بسیار ارزشمند است و یکی از مراحل کاهش مدت زمان برنامه تولید هیبرید در ذرت می‌باشد (Betran et al., 2003).

نتایج مطالعه نحوه کنترل ژنتیکی صفات مختلف ذرت به روش هیمن نشان داد که اثرات غیرافزایشی اهمیت بیشتری در توارث و کنترل ژنتیکی صفات ارتفاع بوته، طول بلال و عملکرد دانه در ذرت داشتند (Irshad-ul-Karim et al., 2010). کریم و همکاران (Haq et al., 2018) با تجزیه دای آلل گزارش کردند که صفات ارتفاع بوته، وزن ۱۰۰۰ دانه و عملکرد دانه تحت کنترل اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها بودند. در را و همکاران (Derera et al., 2008) نیز نتایج مشابهی را برای

عملکرد و اجزای عملکرد ذرت بیان کردند. زمانی و همکاران (Zamani et al., 2019) در ارزیابی نتایج حاصل از تلاقی نیمه دای آلل پنج لاین اینبرد ذرت بیان کردند که اثرات افزایشی و غیرافزایشی هر دو در کنترل صفات تعداد دانه در ردیف، تعداد ردیف در بلال، طول بلال، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه در بوته نقش داشتند. همچنین برآورد وراثت‌پذیری عمومی بالا و وراثت‌پذیری خصوصی متوسط برای این صفات، نشان دهنده امیدبخش بودن مواد ژنتیکی مورد مطالعه برای اصلاح و بهبود صفات بود. بیگم و همکاران (Begum et al., 2018) در بررسی هیبریدهای به‌دست آمده از تلاقی هفت والد اینبرد ذرت بیان کردند که در همه صفات مورد مطالعه توسط روش هیمن، واریانس غالبیت بیش‌تر از واریانس افزایشی بود.

مصطفوی و همکاران (Mostafavi et al., 2010) با بررسی نحوه عمل ژن‌ها بر اساس میانگین درجه غالبیت با استفاده از تلاقی‌های دای آلل نشان دادند که صفات عملکرد دانه و طول بلال توسط ژن‌هایی با اثر فوق غالبیت و وزن هزار دانه توسط ژن‌هایی با اثر غالبیت نسبی کنترل می‌شوند. همچنین آنها بیان کردند که عملکرد دانه و اجزای عملکرد توسط آثار افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. وجود آثار افزایشی ژن‌ها می‌تواند جهت گزینش مستقیم مواد آزمایشی و بهبود صفات مورد نظر امیدبخش باشد. وجود آثار غیرافزایشی نیز می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر دورگ‌گیری سودمند باشد. در مطالعه دیگری با استفاده از تجزیه دای آلل کامل در ذرت مشخص شد که در کنترل صفات تعداد ردیف دانه در بلال، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه در بوته، ژن‌های با اثر فوق غالبیت نقش داشتند (Hussain et al., 2014). لی و رازدان (Lay and Razdan, 2017) نیز با استفاده از روش گرافیکی هیمن در ذرت گزارش کردند که صفات طول بلال، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در ردیف، وزن صد دانه و عملکرد دانه تحت کنترل اثرات فوق غالبیت ژن‌ها قرار داشتند. مساوات و همکاران (Mosavat et al., 2019) با انجام تلاقی‌های دای آلل در ۱۰ لاین اینبرد ذرت گزارش کردند که مقدار کم‌تر وراثت‌پذیری خصوصی و مقدار بیش‌تر واریانس غالبیت در صفات ارتفاع بوته، تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه بیانگر اهمیت بیش‌تر اثر غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفات بود. بنابراین در اصلاح این صفات نقشی برای عمل گزینش نمی‌توان قائل شد و باید از روش‌های مبتنی بر

قبل از تجزیه داده‌ها، نرم‌ان بودن خطای آزمایشی با استفاده از روش کولموگروف-اسمیرنوف (Chakravarti *et al.*, 1967) و فرض همگنی واریانس‌های درون تیماری با استفاده از آزمون‌های بارتلت، لون و اوبرین بررسی شد (Valizadeh and Moghadam, 2001). سپس تجزیه واریانس داده‌های حاصل از والدین و نسل F_1 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. تجزیه و تحلیل گرافیکی به روش هیمن (Hayman, 1954) وقتی انجام شد که اثر ژنوتیپ‌ها معنی‌دار و اثر اپیستازی غیرمعنی‌دار بود. برای آزمون اثر اپیستازی و صادق بودن مفروضات روش هیمن از ضریب رگرسیون W_r روی V_r و برای آزمون تفاوت معنی‌دار این ضریب از شیب واحد و صفر از آزمون t استفاده شد (Hayman, 1958). سپس پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات شامل واریانس افزایشی (D)، واریانس غیرافزایشی (H_1 و H_2)، کوواریانس آثار افزایشی با غالبیت (F)، نوع عمل ژن، فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب، تعداد ژن‌های کنترل کننده، ضریب همبستگی بین میانگین والدین (Y_r) و ($W_r + V_r$) و وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برآورد شدند. تجزیه واریانس مقدماتی و تجزیه دای‌آلل به روش هیمن با استفاده از برنامه SASHAYDIALL (Makumbi *et al.*, 2018)، در نرم‌افزار SAS انجام شد.

نتایج و بحث

با توجه به اینکه تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای همه صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود، بنابراین تجزیه و تحلیل ژنتیکی و بررسی نحوه توارث صفات مورد مطالعه به روش دای‌آلل امکان‌پذیر شد. نتایج آزمون مقدماتی روش جینکز-هیمن (Jinks and Hayman, 1953) نشان داد که شیب خط رگرسیون W_r روی V_r برای بیش‌تر صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری از یک نداشت و در مقابل اختلاف آن‌ها از صفر معنی‌دار بود و علاوه بر این، آزمون W_r-V_r نیز برای این صفات معنی‌دار نبود. به این ترتیب، اثر اپیستازی ژن‌ها در کنترل این صفات وجود نداشت و می‌توان تجزیه و تحلیل گرافیکی دای‌آلل را برای آن‌ها انجام داد. اما در برخی صفات به‌علت وجود اثر اپیستازی ژن‌ها، فرضیات تجزیه هیمن صادق نبود و در نتیجه بر اساس پیشنهاد جینکز (Jinks, 1954)، برخی از والد‌ها از آزمایش حذف و محاسبات آماری روی بقیه ژنوتیپ‌ها انجام شد. برای این منظور، از نمودار حاصل از تجزیه گرافیکی هیمن استفاده

دورگ‌گیری استفاده کرد. برآورد نوع عمل ژن‌ها نیز نشان داد که تولید دورگ‌هایی با عملکرد بالاتر از والدین با استفاده از ارقام مورد مطالعه امکان‌پذیر است.

هدف از انجام این پژوهش، بررسی نحوه کنترل ژنتیکی عملکرد دانه و صفات وابسته به آن در لاین‌های اینبرد ذرت بود. نتایج حاصل از این مطالعه می‌تواند در انتخاب مناسب‌ترین روش به‌نژادی صفات مورد مطالعه و همچنین تولید هیبریدهای با عملکرد بالا در منطقه زنجان مفید باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این آزمایش شامل لاین‌های اینبرد دندان اسبی (Dent corn) A661 و A637 و ذرت بلوری (Flint corn) EP42 و EP80 دریافت شده از شورای تحقیقات بین‌المللی اسپانیا (CSIC) و همچنین لاین دندان اسبی MO17 دریافت شده از بخش تحقیقات ذرت و گیاهان علوفه‌ای مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج بودند. این پنج لاین اینبرد همراه با ۲۰ هیبرید حاصل از تلاقی دای‌آلل آن‌ها مجموعاً ۲۵ ژنوتیپ را تشکیل دادند که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در بهار سال ۱۳۹۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان مورد ارزیابی قرار گرفتند.

زمین مزرعه آزمایشی در فصل پائیز شخم زده شد و در اوایل اسفند عملیات دیسک و تسطیح زمین انجام شد. هر کرت آزمایشی شامل دو خط یک متری با فاصله ۵۰ سانتی‌متر و فاصله بین بوته‌های ۲۰ سانتی‌متر بود. با پایان یافتن عملیات تهیه بستر، کود سوپرفسفات به‌میزان ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار به‌طور یکنواخت در مزرعه پخش شد. همچنین ۴۰۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره که یک‌سوم آن قبل از کاشت و مابقی به‌عنوان سرک در دو مرحله (مرحله اول زمان ساقه رفتن و مرحله دوم قبل از گل‌دهی) استفاده و هم‌زمان با آن آبیاری انجام شد. در طول دوره رشد، محلول‌پاشی کود میکرو نیز در دو نوبت انجام شد. فواصل آبیاری بر حسب نیاز گیاه و دمای محیط اغلب حدود ۸-۶ روز در نظر گرفته شد. وجین علف‌های هرز نیز به‌صورت دستی انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول بلال (سانتی‌متر)، تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در ردیف، وزن ۳۰۰ دانه (گرم) و عملکرد دانه (گرم در متر مربع) بودند.

جهت غالبیت را نشان می‌دهد. بر این اساس، برای این صفت آل‌های افزایشنده، غالب بودند. بنابراین با توجه به افزایشنده بودن آل‌های غالب برای ارتفاع بوته، می‌توان از والد‌های EP80، A661 و MO17 برای افزایش این صفت در برنامه‌های به نژادی استفاده کرد. نسبت h^2/H_2 نشان داد که حداقل سه ژن یا گروه ژنی در کنترل ارتفاع بوته نقش دارند. وراثت‌پذیری خصوصی و عمومی این صفت به ترتیب ۰/۳۴۲ و ۰/۷۴ محاسبه شد. اختلاف زیاد برآورد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی، سهم بیشتر آثار غیرافزایشی و وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها را در کنترل ژنتیکی ارتفاع بوته نشان داد که با نتایج حاصل از برآورد میانگین درجه غالبیت نیز مطابقت داشت.

طول بلال

بررسی اجزای ژنتیکی طول بلال، مشارکت هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها را در کنترل این صفت نشان داد، اما برآورد کم‌تر مقدار D از دو جزء دیگر، بیانگر اهمیت بیشتر اثر غیرافزایشی ژن‌ها بود. درجه غالبیت ۱/۴۳ برای طول بلال نیز نشان داد که کنترل این صفت تحت تأثیر اثر فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارد (جدول ۱). نتایج مشابهی توسط رامنه و همکاران (Rameeh *et al.*, 2000) مبنی بر نقش آثار غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفت طول بلال گزارش شد، و چوکان و همکاران (Choukan *et al.*, 2016) و بیگم و همکاران (Begum *et al.*, 2018) نیز نقش هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها را در کنترل ژنتیکی این صفت دخیل دانستند. رادا (Radha, 2014) و رحیمی (Rahimi, 2019) نیز دریافتند که این صفت عمدتاً توسط ژن‌هایی با اثر فوق غالبیت ژن‌ها کنترل می‌شود. پراکندگی والد‌ها در طول خط رگرسیون (شکل ۲)، نشان داد که لاین‌های EP80 و EP42 نزدیک‌ترین والد‌ها به محل تقاطع خط رگرسیون با محور W_T بودند و بنابراین حداکثر تعداد ژن‌های غالب را برای کنترل طول بلال داشتند. محل قرار گرفتن دو لاین A661 و MO17 نیز شباهت ژنتیکی زیاد آن‌ها را از نظر این صفت نشان داد. در مقابل، والد A637 با بیش‌ترین فاصله از محل تقاطع خط رگرسیون، دارای حداکثر تعداد ژن‌های مغلوب بود.

پارامتر $H_2/4H_1$ تخمینی از نسبت ژن‌های غالب با آثار افزایشنده (مثبت) به کاهشنده (منفی) را نشان می‌دهد. در حالت تقارن فراوانی‌های ژنی در والدین، این نسبت

والدی که نسبت به خط رگرسیون پراکندگی زیادی داشت، حذف شد. به این ترتیب، پس از حذف والد A661 برای وزن ۳۰۰ دانه و والد A637 برای تعداد دانه در ردیف و انجام مجدد آزمون‌های مقدماتی، فرضیات روش هیمین برقرار و امکان نتیجه‌گیری و تفسیر معتبر ژنتیکی برای این صفات نیز فراهم شد. برآورد شاخص‌های آماری و اجزای ژنتیکی کنترل کننده هر یک از صفات مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

ارتفاع بوته

برآورد معنی‌دار اجزای ژنتیکی در ارتفاع بوته، نقش هر دو نوع آثار افزایشی و غالبیت ژن‌ها را در کنترل این صفت نشان داد. همچنین، برآورد کم‌تر مقدار D از دو جزء دیگر (H_1 و H_2) نشان دهنده اهمیت بیشتر آثار غیرافزایشی نسبت به آثار افزایشی در کنترل این صفت بود (جدول ۱). بررسی ناحیه تماس خط رگرسیون با محور W_T نیز بیانگر وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت بود (شکل ۱). بنابراین، مناسب‌ترین راه‌کار جهت بهبود و اصلاح ارتفاع بوته ژنوتیپ‌های ذرت مورد مطالعه، استفاده از پدیده هتروزیس و تولید ارقام هیبرید است. بوردالو و همکاران (Bordallo *et al.*, 2005) و مساوات و همکاران (Mosavat *et al.*, 2019) نیز همانند این آزمایش، به نقش مهم ژن‌های با هر دو نوع آثار افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ارتفاع بوته اشاره کردند، و اسلام و همکاران (Aslam *et al.*, 2015) و چوکان و همکاران (Choukan *et al.*, 2016) نیز برای این صفت، سهم آثار غیرافزایشی ژن‌ها را بیشتر از آثار افزایشی گزارش کردند. زارع و همکاران (Zare *et al.*, 2011) نیز در بررسی نحوه عمل ژن‌های ارتفاع بوته ذرت با استفاده از تجزیه دای آل نشان دادند که توسط ژن‌هایی با اثر فوق غالبیت کنترل می‌شود که با نتایج مطالعه حاضر مطابقت داشت.

بررسی محل قرارگیری لاین‌های مورد مطالعه در طول خط رگرسیون (شکل ۱) نشان داد که لاین‌های EP80، A661 و MO17 که در پایین خط رگرسیون و نزدیک به یک‌دیگر قرار گرفتند، شباهت ژنتیکی زیادی با هم داشتند و حاوی حداکثر ژن‌های غالب برای کنترل ارتفاع بوته بودند. بررسی نسبت $(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$ نیز نشان داد که فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب در والدین برای این صفت یکسان است. علامت ضریب همبستگی بین میانگین والد مشترک هر ردیف (Y_T) و (W_T+V_T),

و زمانی و همکاران (Zamani *et al.*, 2019) نیز برای طول بلال وراثت‌پذیری خصوصی پایینی گزارش کردند.

تعداد ردیف دانه

بررسی پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در کنترل صفت تعداد ردیف دانه، تأثیر توأم آثار افزایشی و غالبیت را در کنترل این صفت نشان داد. دهقانپور (Dehghanpour, 2014) نیز با استفاده از تلاقی‌های دای‌آل گزارش کرد که هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل تعداد ردیف دانه در ذرت دخالت داشتند. در پژوهش‌های دیگر، به نقش بیش‌تر اثر افزایشی (Zare *et al.*, 2010) و یا اثر غیرافزایشی (Moradi and Choukan, 2017) ژن‌ها در کنترل این صفت اشاره شده است. برآورد درجه غالبیت $(\sqrt{H_1}/D)$ و نیز توجه به موقعیت خط رگرسیون W_r روی V_r (شکل ۳) نشان داد که نوع عمل ژن در این صفت به‌صورت فوق غالبیت است که با نتایج حسین و همکاران (Hussain *et al.*, 2014) مطابقت داشت. پراکنش والدین در طول خط رگرسیون نیز نشان داد که لاین EP80 دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب برای صفت تعداد ردیف دانه در بلال بود.

برابر با ۰/۲۵ است، در حالی که مقادیر بیش‌تر یا کم‌تر از ۰/۲۵، بیانگر عدم تقارن آل‌های غالب مثبت و منفی ژن‌های کنترل کننده صفت مربوطه در والدین است. این نسبت برای طول بلال در این مطالعه برابر با ۰/۲۲ بود و توزیع نسبتاً نامتقارن ژن‌های غالب افزایشی و کاهشنده در والدین برای این صفت را نشان داد. همچنین نتایج نشان داد که فراوانی ژن‌های غالب نسبت به مغلوب در والدین بیش‌تر بود. علامت جبری پارامتر F نیز این نتیجه را تأیید می‌کند. ضریب همبستگی W_r+V_r و Y_r نیز بیانگر اثر افزایشی آل‌های غالب بود و بنابراین، استفاده از لاین‌های EP42 و EP80 موجب افزایش این صفت در نتایج تلاقی‌ها می‌شود. نسبت h^2/H_2 نشان داد که حداقل دو تا سه ژن یا گروه ژنی با درجه‌ای از غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی طول بلال (۰/۸۸۸) بیانگر نقش بیش‌تر عوامل ژنتیکی نسبت به عوامل محیطی در کنترل این صفت بود و وراثت‌پذیری خصوصی پایین این صفت (۰/۳) نشان داد که گزینش در نسل‌های اولیه اصلاحی، بازده ژنتیکی مطلوبی نخواهد داشت. مصطفوی و همکاران (Mostafavi *et al.*, 2010)

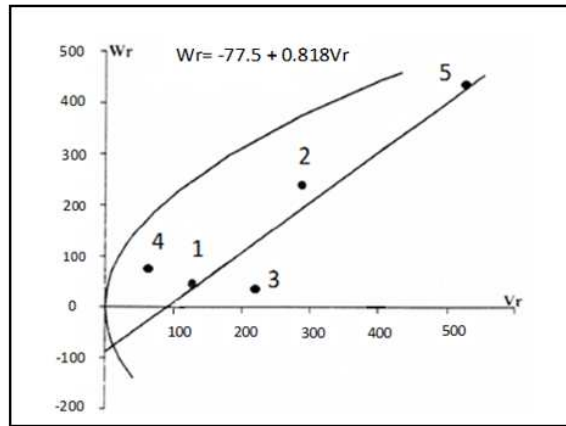
جدول ۱- پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه در تلاقی‌های دای‌آل ذرت با استفاده از روش هیمن

Table 1. Genetic parameters of the studied traits in diallel crosses of maize using Hayman's approach

Genetic parameter [†]	Plant height	Ear length	No. of grain row	No. of grain per row	300-grain weight	Grain yield
b	0.818	0.682	0.581	0.769	0.98	0.825
D	349.607*	15.459*	41.289*	6.371*	116.457*	3251.634*
H ₁	726.167*	31.598*	104.712*	11.288*	283.425*	19511.347*
H ₂	752.937*	27.791*	95.108*	10.927*	244.743*	17164.159*
h ²	2383.09*	66.949*	257.007*	33.323*	810.407*	43360.528*
F	≈ 0 ^{ns}	12.19 ^{ns}	≈ 0 ^{ns}	1.715 ^{ns}	16.323 ^{ns}	≈ 0 ^{ns}
E	122.821*	1.317 ^{ns}	13.092*	1.06*	110.105*	2446.512*
$\sqrt{H_1}/D$	1.441	1.43	1.592	1.331	1.56	2.449
H ₂ /4H ₁	0.259	0.22	0.227	0.242	0.216	0.22
$(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$	1	1.762	1	1.225	1.094	1
r	-0.919	-0.959	-0.758	-0.969	-0.986	-0.995
h ² /H ₂	3.165	2.409	2.702	3.05	3.311	2.526
h _n ²	0.342	0.3	0.408	0.398	0.288	0.293
h _b ²	0.74	0.888	0.79	0.832	0.542	0.743

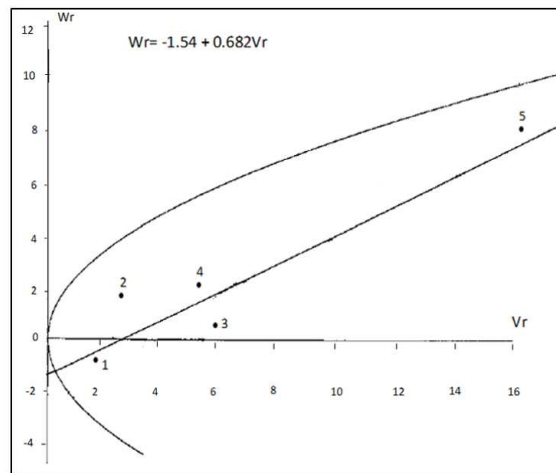
^{ns}, * and ** Not-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

[†] b, regression coefficient; D, Additive variance; H₁ and H₂, Dominance variance; h², Dominance effect; F, covariance between additive and dominance effects; E, Environmental variance; $\sqrt{H_1}/D$, The average degree of dominance; H₂/4H₁, the ratio of genes with positive and negative effects in parents; $(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$, the ratio of dominant and recessive genes in parents; r, correlation coefficient between W_r+V_r and Y_r ; h²/H₂, the number of gene groups with dominant effect controlling the trait; h_n², narrow-sense heritability; h_b², broad-sense heritability.



شکل ۱- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت ارتفاع بوته

Figure 1. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for plant height. The numbers 1-5 are the parental maize inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

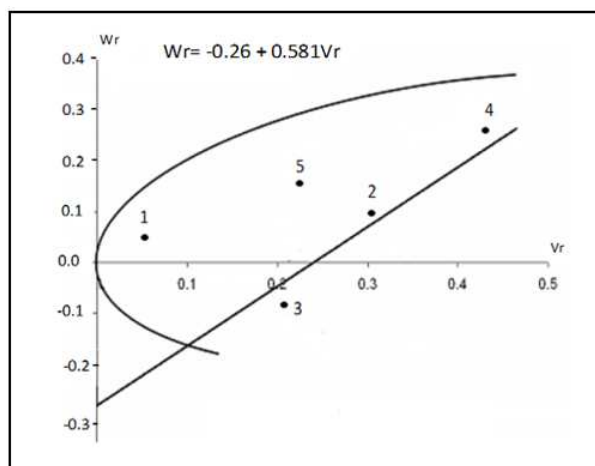


شکل ۲- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت طول بلال

Figure 2. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for ear length. The numbers 1-5 are the parental maize inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

نقش دارد. وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی این صفت به ترتیب ۰/۷۹ و ۰/۴۰۸ برآورد شد. بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی بیانگر نقش بیشتر تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع محیطی و نیز ادغام اثرمتقابل ژنوتیپ و محیط در جامعه مورد نظر از لحاظ این صفت است. وراثت‌پذیری خصوصی پایین نیز نشان می‌دهد که گزینش در نسل‌های اولیه جهت بهبود این صفت مناسب نیست و بهتر است گزینش به نسل‌های پیشرفته‌تر موقوف شود تا همراه با افزایش سهم اثر افزایشی ژن‌ها، بازده ژنتیکی گزینش نیز افزایش یابد (Dorri et al., 2015).

نسبت $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$ برای تعداد ردیف دانه برابر با یک به دست آمد (جدول ۱) که بیانگر فراوانی یکسان آلل‌های غالب و مغلوب در والدین است. در مقابل، زمانی و همکاران (Zamani et al., 2019) با استفاده از تلاقی نیمه دای آلل پنج لاین ذرت بیان کردند که لاین‌های مورد مطالعه از نظر تعداد ردیف در بلال دارای آلل‌های غالب بیشتری نسبت به آلل‌های مغلوب بودند. علامت جبری پارامتر F نیز مؤید این نتیجه است. علامت جبری ضریب همبستگی $(W_r + V_r)$ و Y_r حاکی از افزایش بودن آلل‌های غالب است. نسبت h^2/H_2 نشان داد که حداقل دو ژن یا گروه ژنی در کنترل این صفت



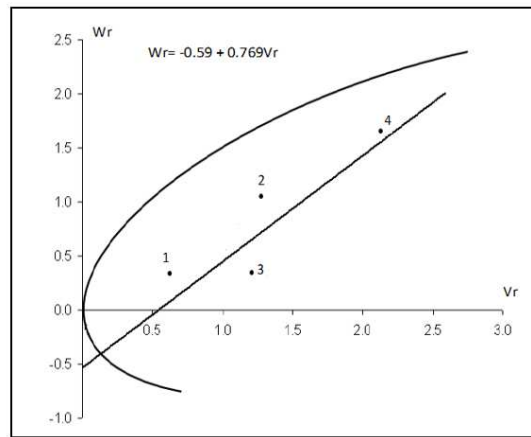
شکل ۳- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت تعداد ردیف دانه در بلال
Figure 3. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for No. of grain rows per ear. The numbers 1-5 are the parental maize inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

تعداد دانه در ردیف

نتایج نشان داد که هر دو جزء واریانس افزایشی و غالبیت برای صفت تعداد دانه در ردیف معنی‌دار بودند که بیانگر نقش و اهمیت هر دو نوع اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت بود. محققان زیادی به اهمیت اثرات افزایشی و غیرافزایشی در توارث صفت تعداد دانه در ردیف در مطالعات خود اشاره کرده‌اند (Choukan *et al.*, 2007; Hussain *et al.*, 2014; Mosavat *et al.*, 2019). آزمون مقدماتی مدل جینکز-هیمن برای این صفت پس از حذف والد A637 حاکی از آن بود که ضریب رگرسیون W_r روی V_r به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک بود. همچنین، خط رگرسیون W_r روی V_r محور W_r را در قسمت منفی قطع کرد که بیانگر نقش اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل تعداد دانه در ردیف بود (شکل ۴). خدا رحم‌پور (Khodarahmpour, 2011) نیز نوع عمل ژن برای این صفت را فوق غالبیت گزارش کرد. اما رحیمی (Rahimi, 2019) با استفاده از تلاقی نیمه دای آلل پنج لاین ذرت به روش هیمن، گزارش کرد که تعداد دانه در ردیف تحت کنترل اثر غالبیت ناقص ژن‌ها قرار داشت.

بررسی محل قرار گرفتن والد‌های مورد مطالعه در طول خط رگرسیون نشان داد که اینبرد لاین EP80 دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب برای این صفت است.

برآورد نسبت $H_2/4H_1$ برای صفت تعداد دانه در ردیف حاکی از متفاوت بودن نسبی توزیع ژن‌های غالب مثبت و منفی در کلیه مکان‌های ژنی در والدین بود. علامت جبری F و برآورد نسبت ژن‌های غالب به مغلوب در والدین $(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$ نیز نشان داد که لاین‌های مورد مطالعه دارای آلل‌های غالب بیش‌تری نسبت به آلل‌های مغلوب برای کنترل تعداد دانه در ردیف هستند. چوکان و همکاران (Choukan *et al.*, 2008) و زمانی و همکاران (Zamani *et al.*, 2019) نیز نتایج مشابهی گزارش کردند. علامت جبری ضریب همبستگی بین $(W_r + V_r)$ و Y_r برای این صفت منفی بود و نشان داد که آلل‌های افزایشی در کنترل تعداد دانه در ردیف، غالب هستند. برآورد نسبت h^2/H_2 نیز نشان داد که حداقل سه ژن یا گروه ژنی با درجه‌ای از غالبیت در کنترل ژنتیکی صفت تعداد دانه در ردیف نقش دارند. وراثت‌پذیری عمومی برای این صفت نسبتاً بالا بود (۰/۸۳۲) که نشان دهنده پایین بودن واریانس محیطی و همچنین اهمیت واریانس ژنتیکی در مقایسه با واریانس محیطی است، اما وراثت‌پذیری خصوصی آن نسبتاً پایین (۰/۳۹۸) بود و نشان می‌دهد که برای اصلاح این صفت، روش گزینش در نسل‌های اولیه چندان موفقیت‌آمیز نخواهد بود.



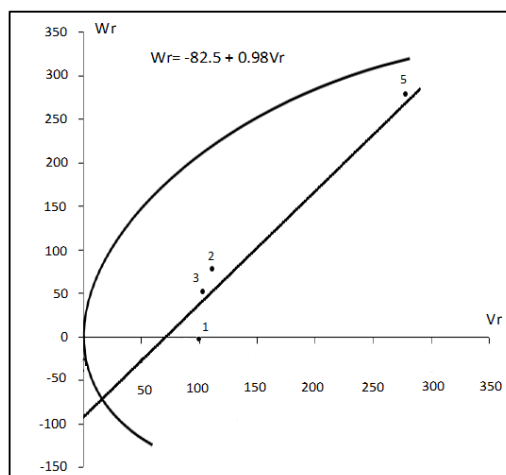
شکل ۴- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت تعداد دانه در ردیف
Figure 4. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for No. of grains per row. The numbers 1-5 are the parental inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

وزن ۳۰۰ دانه

خط رگرسیون نیز نشان داد که لاین EP80، نزدیک‌ترین والد به محل تقاطع خط رگرسیون با محور W_r بود و بنابراین حداکثر تعداد ژن‌های غالب را برای این صفت داشت، در حالی‌که لاین A637 دارای بیش‌ترین تعداد ژن‌های مغلوب بود. نسبت $H_2/4H_1$ برای وزن ۳۰۰ دانه کوچک‌تر از ۰/۲۵ بود (۰/۲۱۶) که بیانگر عدم تقارن ژنی برای آلل‌های مثبت و منفی در والدین است (جدول ۱). برآورد نسبت $(\sqrt{4DH_1} + F)/(\sqrt{4DH_1} - F)$ نشان داد که لاین‌های مورد مطالعه از نظر وزن ۳۰۰ دانه دارای آلل‌های غالب بیش‌تری هستند. علامت ضریب همبستگی بین والدین (Y_r) و ($W_r + V_r$) نیز که بیانگر نحوه رفتار آلل‌های غالب است، برای صفت وزن ۳۰۰ دانه منفی بود که بیانگر اثر افزایشی آلل‌های غالب است. نسبت h^2/H_2 نشان داد که حداقل سه ژن یا گروه ژنی با درجه‌ای از غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. وراثت‌پذیری عمومی وزن ۳۰۰ دانه ۰/۵۴۲ برآورد شد که بیانگر نقش یکسان عوامل ژنتیکی و محیطی در کنترل این صفت بود. وراثت‌پذیری خصوصی این صفت نیز (۰/۲۸۸) بود که نشان دهنده سهم بیش‌تر اثر غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت و حاکی از پیچیده بودن کنترل ژنتیکی وزن ۳۰۰ دانه بود. بنابراین، گزینش ژنوتیپ‌ها برای اصلاح این صفت در نسل‌های اولیه، از راندمان پائینی برخوردار خواهد بود. زمانی و همکاران (Zamani *et al.*, 2019) نیز وراثت‌پذیری خصوصی پائینی برای وزن ۳۰۰ دانه گزارش کردند.

آزمون ضریب رگرسیون W_r روی V_r جهت بررسی مفروضات مدل جینکز-هیمن برای صفت وزن ۳۰۰ دانه با وجود تمام والدین معنی‌دار بود، اما پس از حذف والد A661 این ضریب رگرسیون به‌ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار از صفر و یک بود. بنابراین حذف این والد و حذف اثر متقابل ژن‌های آن با سایر والد‌ها در تلاقی‌های مربوطه باعث شد که فرضیات مدل هیمن برقرار شوند. با توجه به معنی‌دار بودن پارامترهای D ، H_1 و H_2 برای وزن ۳۰۰ دانه، نقش آثار افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفت مشخص شد. در مطالعاتی که توسط سایر محققین انجام شده است نتایج مشابه و متفاوتی در این زمینه گزارش شده است. اسلام و همکاران (Aslam *et al.*, 2015) اثر افزایشی ژن‌ها را در کنترل این صفت گزارش کردند، در حالی‌که بیگم و همکاران (Begum *et al.*, 2018) اظهار داشتند که برای این صفت نقش اثر غیرافزایشی ژن‌ها بیش‌تر از اثر افزایشی بود. روهمان و همکاران (Rohman *et al.*, 2019) همانند این آزمایش نقش آثار افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها را در کنترل صفت وزن ۱۰۰۰ دانه گزارش کردند. دلیل تفاوت نتایج، احتمالاً ناشی از متفاوت بودن والدین مورد مطالعه، نحوه توزیع آلل‌ها در آن‌ها و نیز محیط‌های متفاوت آزمایشات می‌باشد.

خط رگرسیون W_r روی V_r محور W_r را در قسمت منفی قطع کرد (شکل ۵). بنابراین این صفت تحت تأثیر اثر فوق غالبیت ژن‌ها قرار دارد. پراکندگی والد‌ها در طول

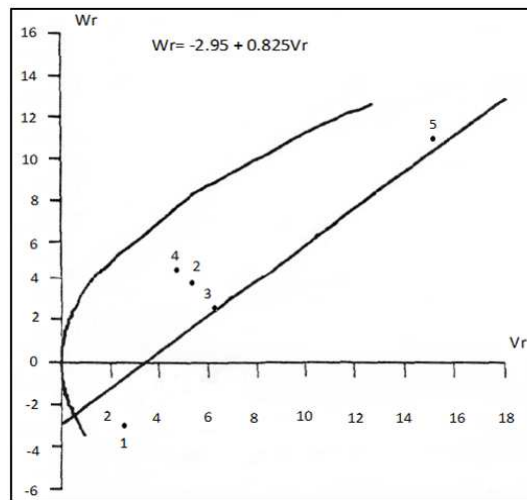


شکل ۵- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت وزن ۳۰۰ دانه
Figure 5. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for 300-grain weight. The numbers 1-5 are the parental inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

عملکرد دانه

واریانس‌های افزایشی و غالبیت برای عملکرد دانه معنی‌دار بودند که بیانگر نقش مهم هر دو نوع اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت بود. مرادی و مجیدی (Moradi Majidi, 2016) و روهمان و همکاران (Rohman *et al.*, 2019) با استفاده از تلاقی‌های دای‌آل لاین‌های ذرت اظهار داشتند که عملکرد دانه توسط ژن‌های با اثر افزایشی و غیرافزایشی کنترل می‌شود که مشابه نتایج به‌دست آمده از آزمایش حاضر است. در مقابل، زارع و همکاران (Zare *et al.*, 2010) و بیگم و همکاران (Begum *et al.*, 2018) برای این صفت، نقش اثر غیرافزایشی ژن‌ها را بیشتر از اثر افزایشی گزارش کردند. برآورد میانگین درجه غالبیت ($\sqrt{H_1/D}$) بیشتر از یک برآورد شد که همانند نتایج تجزیه گرافیکی نشان دهنده وجود اثر فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل این صفت بود. نقش اثر فوق غالبیت در رابطه با عملکرد دانه ذرت به دفعات توسط محققین متعددی گزارش شده است (Radha, 2014; Moradi and Choukan, 2016; Lay and Razdan, 2017; Mosavat *et al.*, 2019). بنابراین با توجه به نتایج تجزیه گرافیکی هیمن و نقش بیش‌تر آثار فوق غالبیت در کنترل عملکرد دانه، استفاده از پدیده هتروزیس و تولید ارقام هیبرید برای بهبود و اصلاح لاین‌های مورد مطالعه ذرت پیشنهاد می‌شود. بررسی محل قرارگیری لاین‌ها در طول خط رگرسیون نشان داد که والد EP80 دارای حداکثر تعداد ژن‌های

غالب و والد A637 با بیش‌ترین فاصله از محل تقاطع خط رگرسیون با محور W_r دارای حداکثر ژن‌های مغلوب بود. همچنین، لاین‌های MO17، EP42 و A661 شباهت ژنتیکی زیادی از لحاظ عملکرد دانه با یکدیگر داشتند (شکل ۶). نسبت $(\sqrt{4DH_1 + F})/(\sqrt{4DH_1 - F})$ برابر با یک برآورد شد که بیانگر فراوانی یکسان آل‌های غالب و مغلوب در والدین برای عملکرد دانه است. وجود همبستگی منفی بین میانگین والدین (Y_r) و پارامتر $(W_r + V_r)$ نیز نشان داد که آل‌های غالب در جهت افزایش ارزش صفت عمل می‌کنند. برآورد نسبت h^2/H_2 برای عملکرد دانه نشان داد که حداقل دو گروه ژنی در کنترل ژنتیکی این صفت نقش دارند. وراثت‌پذیری خصوصی و عمومی برای این صفت به ترتیب ۰/۲۹۳ و ۰/۷۴۳ برآورد شد. مقدار بالای وراثت‌پذیری عمومی بیانگر اهمیت واریانس ژنتیکی است. در مقابل، وراثت‌پذیری خصوصی صفت پیچیده‌ای مانند عملکرد دانه، همان‌طور که پیش‌بینی می‌شد، بسیار کم بود که این موضوع به دلیل سهم بیش‌تر آثار غیرافزایشی نسبت به افزایشی است. وراثت‌پذیری خصوصی در واکنش صفات به گزینش در سطح اینبرد لاین‌ها دخالت دارد. وراثت‌پذیری خصوصی به دلیل اینکه منعکس کننده نسبت واریانس افزایشی به واریانس ژنتیکی است، در پیشبرد گزینش از اهمیت فراوانی برخوردار است. نتایج مشابهی توسط دنباس و همکاران (Debnath *et al.*, 1989) و دهقانپور (Dehghanpour, 2014) نیز گزارش شده است.



شکل ۶- خط رگرسیون W_r روی V_r همراه با پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون برای صفت عملکرد دانه
 Figure 6. Regression line of W_r on V_r along with distribution of parents along the regression line for grain yield. The numbers 1-5 are the parental inbred lines: 1. EP80, 2. EP42, 3. MO17, 4. A661, 5. A637.

دانه و عملکرد دانه، دارای حداکثر تعداد ژن‌های غالب بودند و بنابراین می‌توانند به‌عنوان منبع مناسبی در جهت بهبود و اصلاح این صفات مد نظر قرار گیرند.

تضاد منافع

نویسنده (گان) تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسنده (گان) اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و یا ارسال و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تا کنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسنده (گان) با چاپ این مقاله به صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که هر دو نوع اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات مورد مطالعه نقش داشتند. نتایج گرافیکی تجزیه همین، نقش اثر غالبیت ژن‌ها را در کنترل صفات نشان داد. علاوه بر این، برآورد وراثت‌پذیری خصوصی صفات نشان داد که صفات مورد مطالعه وراثت‌پذیری خصوصی متوسطی داشتند که می‌تواند به‌دلیل سهم مؤثر آثار غیرافزایشی نسبت به آثار افزایشی ژن‌ها باشد. به این ترتیب، می‌توان گفت که گزینش در نسل‌های اولیه جهت اصلاح و بهبود ارزش ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از لحاظ این صفات از جمله عملکرد و اجزای آن، چندان موفقیت‌آمیز نیست، بلکه می‌بایست از پدیده هتروزیس بهره گرفت و والدین مورد نظر را جهت تولید هیبریدها تلاقی داد و یا گزینش ژنوتیپ‌ها را در نسل‌های پیشرفته‌تر انجام داد. به هر حال، با توجه به اینکه لاین‌ها تصادفی انتخاب نشدند، بنابراین نتایج این آزمایش قابل تعمیم به سایر ژنوتیپ‌ها نیست و فقط در مورد لاین‌های مورد آزمایش کاربرد دارد. همچنین بررسی محل قرارگیری لاین‌ها در طول خط رگرسیون نشان داد که لاین‌های EP80، A661 و MO17 برای صفت ارتفاع بوته، دو لاین EP42 و EP80 برای طول بلال، و لاین EP80 برای صفات تعداد ردیف دانه، تعداد دانه در ردیف، وزن ۳۰۰

References

- Ahmadi, K., Ebadzadeh, H.R., Abd-Shah, H., Kazimian, A. and Raffei, M. 2018. Agricultural statistics of crop years 2016-17. Volume one: Crop production. Information and Communication Technology Center, Ministry of Jihad-e-Agriculture, Tehran, Iran. [In Persian].
- Aslam, M., Sohail, Q., Maqbool, M.A., Zaman, Q.U. and Bano, S. 2015. Combining ability analysis and genetic inheritance of salt tolerance indicators in maize (*Zea mays*) following diallel mating design. *International Journal of Agriculture and Biology*, 17(3), pp. 523-530. <https://doi.org/10.17957/IJAB/17.3.14.472>.
- Begum, S., Alam, S., Omy, S., Amiruzzaman, M. and Rohman, M. 2018. Inheritance and combining ability in maize using a 7×7 diallel cross. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 10(9), pp. 239-248. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0750>.
- Betran, F., Ribaut, J., Beck, D. and De Leon, D.G. 2003. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. *Crop Science*, 43(3), pp. 797-806. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.7970>.
- Bordallo, P. do N., Pereira, M.G. Junior, A.T. do A. and Gabriel, A.P.C. 2005. Diallel analysis of sweet and regular corn genotypes for agronomic characters and total protein content. *Horticultura Brasileira*, 23(1), pp. 123-127. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362005000100026>.
- Chakravarti, I.M., Laha, R.G. and Roy, G. 1967. Handbook of Methods of Applied Statistics. Techniques of Computation, Descriptive Methods, and Statistical Inference. Volume 1. John Wiley and Sons. pp. 392-394.
- Choukan, R., Abtahi, H. and Majidi Hervan, E. 2007. Genetic analysis of different traits in maize using diallel cross analysis. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 8(4), pp. 343-356. [In Persian]. <https://dori.net.dor/20.1001.1.15625540.1385.8.4.5.0>.
- Choukan, R., Mostafavi, K., Bihamta, M.R., Majidi Heravan, E. and Taeb, M. 2008. Genetic control of different traits in corn lines (*Zea mays* L.) using graphical analysis. *Seed and Plant Journal*, 24(1), pp. 117-128. [In Persian]. <https://doi.org/10.22092/SPIJ.2017.110782>.
- Choukan, R., Mostafavi, K., Taeb, M., Behimta, M.R. and Majidi Hervan, E. 2016. Genetic potential evaluation of Iranian corn inbred lines using Griffing diallel and AMMI model. *Journal of Plant Production Science*, 6(2), pp. 13-24. [In Persian].
- Debnath, S.C., Sarker, K.K. and Singh, D. 1989. Combining ability estimates in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Agriculture Researches*, 9(1), pp. 37-42.
- Dehghanpour, Z. 2014. Diallel analysis of grain yield, number of kernel rows per ear and number of kernels per row in early maturity maize hybrids. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 15(4), pp. 355-366. [In Persian]. <https://dori.net.dor/20.1001.1.15625540.1392.15.4.5.9>.
- Derera, J., Tongoona, P., Vivek, B.S. and Laing, M.D. 2008. Gene action controlling grain yield and secondary traits in southern African maize hybrids under drought and non-drought environments. *Euphytica*, 162, pp. 411-422. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9582-4>.
- Dorri, P., Khavari Khorasani, S., Valizadeh, M. and Taheri, P. 2015. Investigation the heritability and gene effects on yield and some agronomic traits of maize (*Zea mays* L.). *Plant Genetic Researches*, 1(2), pp. 33-42. [In Persian]. <https://doi.org/10.29252/pgr.1.2.33>.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J. and Miranda Filho, J.D. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. Springer, New Yourk. <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0>.
- Hayman, B.I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10(2), pp. 235-244. <https://doi.org/10.1093/genetics/43.1.63>.
- Hayman, B.I. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43(1), pp. 63-85. <https://doi.org/10.1093/genetics/39.6.789>.
- Hussain, M., Shah, K.N., Ghafoor, A., Kiani, T.T. and Mahmood, T. 2014. Genetic analysis for grain yield and various morphological traits in corn (*Zea mays* L) under normal and water stress environments. *The Journal of Animal and Plant Sciences*, 24(4), pp. 1230-1240.
- Irshad-ul-Haq, M., Ajmal, S.U., Munir, M. and Gulfaraz, M. 2010. Gene action studies of different quantitative traits in maize. *Pakistan Journal of Botany*, 42(2), pp. 1021-1030.
- Jinks, J.L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics*, 39(6), pp. 767-788. <https://doi.org/10.1093/genetics/39.6.767>.
- Jinks, J.L. and Hayman, B.I. 1953. The analysis of diallele crosses. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, 27, pp. 48-54.

- Karim, A.N.M.S., Ahmed, S., Akhi, A.H., Amiruzzaman, M. and Karim, A.N.M.A. 2018.** Diallel analysis and estimation of heterosis in single cross maize hybrids. *Journal of Bioscience and Agriculture Research*, 18(2), pp. 1512-1520. <https://doi.org/10.18801/jbar.180218.186>
- Khodarahmpour, Z. 2011.** Genetic control of different traits in maize inbred lines (*Zea mays* L.) using graphical analysis. *African Journal of Agricultural Research*, 6, pp. 1661-1666.
- Lay, P. and Razdan, A. 2017.** Genetic analysis of grain yield and its components of maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(7), pp. 1366-1372. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.607.163>.
- Makumbi, D., Alvarado, G., Crossa, J. and Burgueno, J. 2018.** SASHAYDIAL: A SAS program for Hayman's diallel analysis. *Crop Science*, 58(4), pp. 1605-1615. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.01.0047>.
- Moosavi, S.S., Ghanbari, F., Abdollahi, M.R., Kiani, A.R. and Mosavat, S.A. 2018.** Evaluation of heritability and genetic parameters of grain yield and important agronomic traits in maize (*Zea mays* L.) lines using generations mean analysis method. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 20(2), pp. 93-107. [In Persian]. <https://dorl.net.dor/20.1001.1.15625540.1397.20.2.1.6>.
- 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(22), pp. 149-157. [In Persian]. <https://doi.org/10.29252/jcb.9.22.149>.
- Moradi, M. and Majidi Hervan, E. 2016.** Genetic analysis for grain yield of maize and its related physiological traits using diallel crosses under normal and drought stress. *Journal of Applied Crop Breeding*, 4(1): 153-165. [In Persian].
- Mosavat, S.A., Mazahery-Laghab, H., Soltanloo, H. and Choukan, R. 2019.** Estimated combining ability and gene action in selected maize (*Zea mays* L.) lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 21(1), pp. 1-15. [In Persian]. <https://doi.org/10.29252/abj.21.1.1>.
- Mostafavi, K., Choukan, R., Taeb, M., Majidi Heravan, E. and Bihamta, M.R. 2010.** Genetic study of yield and related traits in corn (*Zea mays* L) using graphical diallel analysis. *Iranian Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 6(3), pp. 19-26. [In Persian].
- Radha, R.K. 2014.** Diallel analysis for different horticultural traits in bitter melon (*Momordica charantia* L.) using Hayman's numerical and graphical approach. *Tropical Plant Research*, 1(2), pp. 60-64.
- Rahimi, M. 2019.** Genetic analysis of grain yield and its components of maize in lines and F2 progenies using diallel analysis by Hayman's graphical approach. *Cereal Research*, 9(2), pp. 169-177. [In Persian]. <https://doi.org/10.22124/C.2019.13798.1505>.
- Rameeh, V., Rezaie, A.M. and Arzani, A. 2000.** Estimation of genetic parameters for yield and its components in inbred lines of corn by the method of in diallele crosses. *Journal of Water and Soil Science*, 4(2), pp. 95-103. [In Persian]. <https://dorl.net.dor/20.1001.1.24763594.1379.4.2.8.3>.
- Rohman, M.M., Omy, S.H., Begum, S., Rahman, M.A., Hossain, M.G., Hoque, M.M. and Amiruzzaman, M. 2019.** Genetic action and potence ratio of maize in an 8×8 diallel cross growing under saline condition. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 11(1), pp. 17-25. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0783>.
- Valizadeh, M. and Moghadam, M. 2001.** Experimental Designs in Agriculture 1. Parivar Publications, Tabriz. [In Persian].
- Viana, J.M.S., Cruz, C.D. and Cardoso, A.A. 1999.** Theory and analysis of partial diallel crosses. *Genetics and Molecular Biology*, 22, pp. 591-599. <https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000401>.
- Zamani Farsi, M., Rahimi, M., Abdoli Nesab, M. and Baghizadeh, A. 2019.** Graphical estimation of the genetic control of grain yield and its components in S7 corn lines under normal and water deficit conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 12(4), pp. 1049-1061. [In Persian]. <https://doi.org/10.22077/escs.2019.1751.1401>.
- Zare, M., Choukan, R., Bihamta, M.R. and Majidi Hervan, E. 2010.** Estimate of genetic parameters and general and specific combining abilities in maize using a diallel design. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 12 (3), pp. 318-332. [In Persian]. <https://dorl.net.dor/20.1001.1.15625540.1389.12.3.8.9>.
- 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.). *Journal of Crop Breeding*, 1(2), pp. 133-141. [In Persian]. <https://doi.org/10.22092/CBJ.2011.100363>.