ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۶
صفحه ۱۰۰ - ۹۱

برآورد پارامترهای ژنتیکی و قابلیت‌های ترکیب‌پذیری در تلاقی‌های دای‌آلل F_3 گندم

Estimation of Genetic Parameters and Combining Abilities in F_3 Wheat Diallel Crosses

مجیب الرحمان سپاهی[۱]، بهرام حیدری*[۱]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، ایران

Sepahi M[1], Heidari B*[1]

1- Msc student, Associate Proffesor, Department of Plant Breeding, College of Ariculture, Shiraz University, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: bheidari@shirazu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱۲/٤ - تاریخ پذیرش: ۹۵/٦/۲۸)

چکیده

این پژوهش به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و بررسی وراثت‌پذیری برخی از صفات مورفولوژیک و اجزای عملکرد گندم با استفاده از طرح تلاقی‌های دای‌آلل یک‌طرفه پنج رقم والدینی (کراس عدل، چمران، مرودشت، شیراز، داراب ۲) انجام شد. پس از تولید نسل‌های F_1 و F_2، نتاج F_3 تلاقی‌ها به همراه والدین آن‌ها در سال زراعی ۹۲-۹۱ مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی به تعداد روز تا سنبله‌دهی (۰/۹۷) و کم‌ترین آن به وزن هزار دانه (۰/۷٦) تعلق داشت. بر اساس نتایج مدل جینکز- هیمن و نتایج تجزیه و تحلیل نموداری، نوع عمل ژن برای ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی و عملکرد دانه به‌صورت غالبیت نسبی و برای درصد شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه از نوع فوق غالبیت بود. در تجزیهٔ گریفینگ، اثرات GCA و SCA برای همه صفات معنی‌دار شد. نسبت میانگین مربعات GCA به SCA برای روز تا گلدهی معنی‌دار بود که بیانگر سهم بالای اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت و کارایی بالای انتخاب در به‌نژادی زودرسی است. رقم کراس عدل برای وزن هزار دانه (۲/۸٤**) و عملکرد دانه (۸/۵۵**) بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی را داشت. بر اساس اثر SCA، کراس‌عدل × مرودشت برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه و شیراز × مرودشت برای وزن هزار دانه، عملکرد دانه و درصد شاخص برداشت بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی را نشان دادند. بنابراین با استفاده از رقم کراس عدل و نتاج حاصل از تلاقی‌های با SCA مناسب می‌توان کارایی انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی گندم برای عملکرد دانه را افزایش داد. هم‌چنین، می‌توان از ارقام داراب ۲ و چمران با داشتن اثر GCA منفی در به‌نژادی برای زودرسی و نیمه پاکوتاهی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی

جینکز- هیمن
دای‌آلل
عملکرد دانه
گریفینگ
گندم
F_3

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

مقدمه

جهت به‌کارگیری ارقام یا تلاقی‌های مناسب در برنامه‌های به‌نژادی عملکرد دانه و سایر صفات اقتصادی در گیاهان، برآورد قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ارقام و تلاقی‌ها ضروری به نظر می‌رسد. علاوه بر قابلیت‌های ترکیب‌پذیری، آگاهی از نوع عمل ژن‌های کنترل کننده صفات، فراوانی آلل‌ها در ارقام مورد بررسی، تعداد تقریبی ژن‌ها و وراثت‌پذیری نقش زیادی در تعیین، طراحی و انتخاب روش‌های به‌نژادی مناسب در گیاهان زراعی دارد. برای دستیابی به این اهداف طرح‌های ژنتیکی متنوعی نظیر طرح‌های کارولینای شمالی، تجزیه میانگین نسل‌ها و طرح تلاقی-های دای آلل پیشنهاد شده‌است. طرح تلاقی‌های دای‌آلل یکی از طرح‌های ژنتیک بیومتری است که در کوتاه‌ترین زمان امکان برآورد و مطالعه بیشترین پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات در گیاهان را فراهم می‌نماید (Hayman 1954 a, b; Jiang et al. 1994). در تجزیه دای‌آلل علاوه بر امکان برآورد قابلیت‌های ترکیب پذیری، اطلاعاتی نظیر نوع عمل ژن‌های کنترل کننده صفات، توزیع آلل‌های غالب و مغلوب، وراثت‌پذیری و واریانس-های افزایشی و غالبیت به دست می‌آید. تئوری و نحوه تجزیه تلاقی‌های دای‌آلل عمدتا توسط Hayman (1954 a, b)، Hallauer et (2011), Jinks (1954), Jinks and Hayman (1953) al. و Griffing (1956 a, b) تشریح شده‌است. در مطالعه Heidari et al. (2006) به‌منظور برآورد میزان قابلیت ترکیب‌پذیری، نوع عمل ژن، قابلیت‌های توارث و دیگر پارامترهای ژنتیکی از تلاقی-های دای‌آلل ۹ ژنوتیپ گندم استفاده کردند. در مطالعه آن‌ها میانگین درجه غالبیت برای تعداد دانه در سنبله اصلی و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی از نوع غالبیت نسبی و برای عملکرد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع بوته، شاخص برداشت و وزن هزار دانه از نوع فوق غالبیت گزارش شد (Heidari et al. 2006). در یک مطالعه، Gill et al. (1984) گزارش کردند که آثار GCA والدین در تجزیه تلاقی‌های دای‌آلل در نسل‌های F_1 تا F_5 از تطابق مناسبی برخوردار بودند و نتایج تجزیه گریفینگ از نظر تطابق در نسل‌های مختلف بهتر از نتایج تجزیه گرافیکی جینکز-هیمن بود. Tahmasebi et al. (2007) با بررسی تلاقی‌های دای آلل یکطرفه در هشت رقم گندم نشان دادند که صفات ارتفاع بوته، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله در هر دو شرایط آبیاری مطلوب و تنش خشکی و صفت تعداد سنبلچه در سنبله در شرایط تنش خشکی، تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها می‌باشد. هم-چنین صفات تعداد پنجه بارور و عملکرد بوته در هر دو آزمایش آبیاری و تنش خشکی تحت کنترل اثر فوق غالبیت بودند. در یک مطالعه به‌منظور برآورد خصوصیات ژنتیکی عملکرد دانه و صفات مرتبط در گندم دوروم از تلاقی دای‌آلل کامل هفت ژنوتیپ استفاده شد و نتایج نشان داد که رقم Prion-1 دارای بیش‌ترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات وزن دانه در سنبله، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله، تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه تک بوته و شاخص برداشت و دارای کمترین قابلیت ترکیب-پذیری عمومی برای ارتفاع بوته و روز تا گلدهی بود (Vanda and Houshmand 2011).

در بررسی برخی از صفات کمی در ارقام گندم نان مشخص شد که در محیط‌های واجد تنش و بدون تنش خشکی نحوه عمل ژن و برآورد پارامترهای ژنتیکی بسیار متفاوت است و به‌همین دلیل برای بهبود هر یک از صفات مورد بررسی در دو محیط مختلف راهبردهای اصلاحی متفاوتی باید ارایه شود (Chowdhry et al. 1992). Javaid et al. (2001) با بررسی چهار رقم گندم در تلاقی نیم دای‌آلل دریافتند که تنوع ژنتیکی معنی‌داری برای صفات شمار روز تا گلدهی، شمار روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در بوته، عملکرد دانه در بوته و وزن هزار دانه وجود داشت. لذا، با توجه به اهمیت برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات درتعیین راهبردها و برنامه‌های به‌نژادی گندم، این مطالعه به منظور برآورد قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی ارقام و خصوصی تلاقی‌ها، وراثت‌پذیری و تعیین نوع عمل ژن-های کنترل کننده صفات در تلاقی‌های نسل F_3 دای‌آلل انجام شد.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی شیراز در فصل زراعی ۹۲-۱۳۹۱ انجام شد. آزمایش به‌صورت طرح بلوک-های کامل تصادفی در شرایط آبیاری مطلوب با سه تکرار صورت گرفت. هر ژنوتیپ در چهار خط دو متری کشت شد. در هر خط ۲۰ عدد بذر کاشته شد. مقدار ۷۵ کیلوگرم در هکتار کود نیتروژن

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار فسفر در زمان کاشت به خاک مزرعه افزوده شد. علف‌های هرز از طریق وجین دستی در همه مراحل رشد گیاه و مبارزه شیمیایی کنترل شد و در اوایل رشد ساقه مقدار ۷۵ کیلوگرم نیتروژن به‌صورت سرک در مزرعه استفاده شد.

جدول ۱- ارقام والدینی و تلاقی‌های دای‌آلل تولید کنندهٔ نسل F_3 در ارقام گندم

رقم	کراس عدل (۱)	مرودشت (۲)	چمران (۳)	شیراز (٤)	داراب۲ (٥)
کراس عدل (۱)	کراس عدل	۱×۲	۱×۳	۱×٤	۱×٥
مرودشت (۲)		مرودشت	۲×۳	۲×٤	۲×٥
چمران (۳)			چمران	۳×٤	۳×٥
شیراز (٤)				شیراز	٤×٥
داراب ۲ (٥)					داراب ۲

از پنج رقم گندم ۱۰ تلاقی دای‌آلل یک طرفه به‌دست آمد و از بوته‌های نسل F_3 برای تجزیه و تحلیل دای‌آلل استفاده شد (جدول۱). ارقام والدینی شامل شیراز، چمران، داراب ۲، کراس عدل و مرودشت بودند. رقم شیراز از تلاقی رقم آزادی با یک لاین خارجی در سال ۱۳٦۸ به‌دست آمد و دارای تیپ رشد بهاره بوده و اغلب در مناطق معتدل کشور سازگاری دارد. کشت این رقم در استان‌های اصفهان، فارس، خراسان و بخش‌هایی از استان‌های کرمان، سیستان و بلوچستان و یزد توصیه می شود (Saeidi 2005). رقم داراب ۲، رقمی زودرس و بهاره که مبدا آن مکزیک (مرکز بین المللی سیمیت) است و تا حدودی مقاوم به زنگ زرد و قهوه‌ای است و بیش‌تر در استان‌های فارس، کرمانشاه، ایلام، خوزستان و بوشهر کشت می‌شود (Saeidi 2005). رقم مرودشت رقمی زودرس بهاره و متحمل به شوری و خشکی است و بیشتر در مناطق معتدل و نیمه گرمسیری کشت می‌شود (Saeidi 2005). رقم چمران رقمی زودرس، دارای تیپ رشد بهاره و مخصوص مناطق گرم است که بیش‌تر در جنوب، غرب و جنوب شرق ایران کشت می‌شود (Samei 2004).

تاریخ گل‌دهی با شمارش تعداد روز از زمان آبیاری اول در زمان کاشت تا زمان ۵۰ درصد گل‌دهی در هر کرت محاسبه شد. ارتفاع بوته (سانتی‌متر) در مزرعه و در مراحل پس از گرده‌افشانی اندازه‌گیری شد. عملکرد دانه (گرم در مترمربع) با جدا کردن بذرهای موجود در مساحت برداشت شده و توزین آن‌ها اندازه‌گیری شد. تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله (گرم)، در ۱۰ سنبله در هر کرت از هر ژنوتیپ به‌دست آمد. برای محاسبه شاخص برداشت در گندم، عملکرد بیولوژیک (گرم در مترمربع) با کف بر کردن بوته‌ها از سطح خاک و توزین نمونه صورت گرفت. شاخص برداشت به‌صورت نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک محاسبه شد. وزن هزار دانه برای هر رقم و تلاقی‌های دای‌آلل با شمارش و توزین دانه‌ها محاسبه شد.

تجزیه واریانس هر صفت بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۱۵ ژنوتیپ و سه تکرار انجام شد. در صورت معنی‌دار بودن میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها از روش دوم مدل ثابت (I) گریفینگ (Griffing 1956b) برای برآورد قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی والدها و خصوصی تلاقی‌های نسل F_3 استفاده شد. تجزیهٔ واریانس تلاقی‌های دای‌آلل برای برآورد واریانس‌های افزایشی و غالبیت انجام شد. آزمون آثار قابلیت ترکیب عمومی ($\mathbf{g_i}$) و خصوصی ($\mathbf{S_{ij}}$) با استفاده از آزمون t انجام شد (Sharma and Singh 1982; Sharma 2006). به‌منظور بررسی اهمیت نسبی میانگین مربعات قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی از نسبت قابلیت ترکیب بر اساس پیشنهاد بیکر (Baker 1987) و به‌صورت فرمول زیر استفاده شد.

$$\text{Baker ratio} = \frac{2MS_{GCA}}{2MS_{GCA} + MS_{SCA}}$$

به‌منظور بررسی توزیع پراکنش آلل‌های غالب و مغلوب در ارقام والدینی و تعیین نوع عمل ژن‌های کنترل کننده صفات از مدل جینکز- هیمن (Jinks and Hayman 1953; Hayman 1954 a, b) استفاده شد. بدین‌ترتیب که ابتدا واریانس هر والد (Vr) و کواریانس آن با والد غیر مشترک (Wr) محاسبه شد. در تجزیه نموداری، با ترسیم خط رگرسیون Wr روی Vr علاوه بر بررسی صادق بودن فرضیات مدل دای‌آلل، فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در ارقام و نوع عمل ژن برای صفات بر اساس موقعیت ارقام والدینی در سهمی محدود کننده و نوع عمل ژن بر اساس محل قطع محور Wr توسط خط رگرسیون تعیین شد (Hayman 1954a). وراثت‌پذیری عمومی (h_n^2) و خصوصی (h_b^2) بر اساس روش Mather and Jinks (1971) و Mather and Poysa (1983)

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

با استفاده از پارامترهای ژنتیکی به‌دست آمده از نتایج تجزیه جینکز- هیمن به‌صورت زیر برآورد شد.

$$h^2_b = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{8}H_1 - \frac{1}{16}H_2 - \frac{1}{4}F}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{8}H_1 - \frac{1}{16}H_2 - \frac{1}{4}F + E}$$

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

در فرمول‌های فوق D، اثر افزایشی، H_1 و H_2 آثار غالبیت ژن‌ها و F کوواریانس آثار افزایشی و غالبیت و مرتبط با فراوانی نسبی آلل‌های غالب و مغلوب است. هم‌چنان که نسل‌های پیشرفته تولید می‌شود مقدار H_1 یا به‌عبارتی جز غالبیت کاهش می‌یابد به‌نحوی که در نسل F_2 مقدار آن $\frac{1}{16}$ مقدار H_1 در نسل F_1 است و در H=0.0، تنوع ژنتیکی فقط با جز افزایشی ژن‌ها مرتبط است (Gill et al. 1984). تجزیه و تحلیل آماری و ژنتیکی داده‌ها در نرم‌افزارهای SAS، Diallel (D2) و Excel انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ارتفاع بوته به روش گریفینگ نشان داد که میانگین مربعات GCA و SCA در سطح احتمال یک‌درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲). بنابراین، استنباط می‌شود هر دو آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت نقش داشتند. چنین نتیجه‌ای در تحقیقات دیگران نیز گزارش شده‌است (Singh et al. 1986; Heidari et al. 2006; Iqbal et al. 2006; Zare-kohan and Heidari 2014). معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA نشان داد که تفاوت معنی‌داری در سهم اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت وجود نداشت. قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی ارقام و خصوصی تلاقی‌های دای‌آلل برای ارتفاع بوته در جدول‌های ۳ و ٤ آمده است. بیش‌ترین میزان قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی مربوط به رقم کراس عدل بود که نشان دهنده پتانسیل بالای آن در تلاقی با سایر ژنوتیپ‌ها برای افزایش ارتفاع بوته در این آزمایش بود. بزرگترین GCA و منفی در رقم داراب ۲ و چمران مشاهده شد که بیانگر پتانسیل بالای این ارقام برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی برای تولید ارقام نیمه پاکوتاه است. بالاترین قدرت قابلیت ترکیب خصوصی در تلاقی کراس‌عدل × مرودشت مشاهده شد. کمترین میزان قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی نیز در تلاقی مرودشت × چمران به‌دست آمد. بنابراین، می‌توان در نتاج حاصل از این تلاقی گیاهان نیمه پاکوتاه را جهت استفاده در ادامه برنامه‌های به‌نژادی گندم انتخاب نمود. نتایج تجزیه مقدماتی جینکز-هیمن و آزمون معنی‌داری (آزمون t) ضرایب رگرسیون Wr روی Vr برای همه صفات با صفر تفاوت معنی‌دار و با یک تفاوت غیر معنی‌دار داشت. بنابراین فرضیات مدل جینکز-هیمن برای همه صفات صادق بود و به حذف والد یا تبدیل داده‌ها برای تصدیق و برآورده شدن فرضیات نیاز نبود. به‌ترتیب توزیع والدین اطراف خط رگرسیون در محور Wr و Vr (شکل ۱) و سهمی محدود کننده برای ارتفاع بوته نشان می‌دهد که والدینی که فاصله بیشتری از مبدا مختصات دارند، آلل‌های مغلوب بیشتر و والدینی که نزدیک مبدا مختصات قرار می‌گیرند، آلل‌های غالب بیشتری دارند. در شکل ۱، بیش‌ترین فاصله از مبدأ مربوط به والد رقم مرودشت و کم‌ترین فاصله مربوط به والد رقم چمران داراب ۲ و شیراز است. بنابراین، استنباط می‌شود رقم مرودشت بیش‌ترین آلل مغلوب برای ارتفاع بوته را داشت. ارقام چمران و داراب ۲ نیز دارای بیش‌ترین آلل غالب برای ارتفاع بوته بودند. با توجه به اثر GCA منفی این دو رقم در تجزیهٔ گریفینگ و موقعیت آن‌ها در تجزیه نموداری هیمن (شکل ۱) استنباط می‌شود، در این صفت پاکوتاهی ارقام توسط ژن‌های غالب کنترل می‌شود. با توجه به محل تقاطع خط رگرسیون در قسمت مثبت محور Wr درجه غالبیت برای این صفت غالبیت نسبی برآورد شد. نتایج مشابهی در تحقیقات دیگر نیز گزارش شده‌است (Lonc and Zalewski 1991; Hassani et al. 2005; Mohammadi et al. 2008; Zare-kohan and Heidari 2012). مقایسهٔ آمارهٔ F و آمارهٔ $\frac{\sqrt{(0.25H_1D)+F}}{\sqrt{(0.25H_1D)-F}}$ نشان داد که فراوانی آلل‌های مغلوب در کنترل ژنتیکی ارتفاع بوته بیشتر از آلل‌های غالب است (جدول ۵).

معنی‌دار بودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA بیانگر سهم بیشتر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل تنوع این صفت است (جدول ۲).

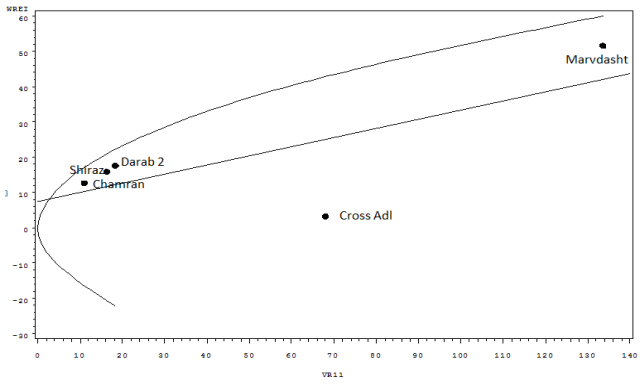
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

جدول۲- میانگین مربعات ژنوتیپ، قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) و وراثت‌پذیری صفات در نسل F_3 تلاقی‌های دای‌آلل ارقام گندم

صفت	میانگین مربعات (MS)				وراثت پذیری خصوصی	وراثت پذیری عمومی
	ژنوتیپ	GCA	SCA	GCA/SCA		
ارتفاع بوته	۱۶۲/۳۶**	۳۱۲/۲۰**	۱۰۲/۴۲*	۳/۰۵	۰/۱۲	۰/۹۷
روز تا گلدهی	۱۲۰/۲۷**	۲۸۵/۶۵**	۶۴/۹۲**	۴/۴۰*	۰/۴۸	۰/۹۹
تعداد دانه در سنبله	۲۲۶/۹۹**	۲۶۵/۱۳**	۲۱۱/۷۲**	۱/۲۵	۰/۵۸	۰/۹۸
وزن هزار دانه	۴۰/۲۴**	۵۸/۲۳**	۳۳/۰۴**	۱/۷۶	۰/۱۸	۰/۹۸
عملکرد دانه	۱۰۰۳/۲۴**	۱۹۶۸/۱۲**	۶۱۷/۲۷**	۳/۱۹	۰/۴۱	۰/۹۹
شاخص برداشت	۰/۰۰۲۴**	۰/۰۰۲۱**	۰/۰۰۲۵**	۰/۰۸	۰/۱۲	۰/۹۹

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح پنج و یک درصد.



شکل ۱- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدودکننده برای ارتفاع بوته.

جدول۳- قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی در والدین تلاقی‌های دای‌آلل تولید کنندهٔ نسل F_3 ارقام گندم.

والد	ارتفاع بوته	روز تا گلدهی	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	شاخص برداشت
کراس عدل	۶/۲۴**	۴/۳۸*	-۲/۸۲*	۲/۸۴**	۸/۵۵**	۰/۰۰۴
مرودشت	۰/۴۴	۱/۰۹	-۰/۰۲	-۰/۰۱	۵/۰۳*	۰/۰۰۹*
چمران	-۲/۶۸**	-۴/۸۶**	-۳/۶۲**	-۰/۷۴*	۵/۱۸*	-۰/۰۱۴**
شیراز	-۰/۳۸	۱/۲۹*	۵/۳۰**	-۱/۴۱**	-۳/۳۳	۰/۰۰۸*
داراب۲	-۳/۶۱**	-۱/۹۰*	۱/۱۸	-۰/۶۷*	-۱۵/۴۴**	-۰/۰۰۷*

* و **: معنی‌دار در سطح پنج و یک درصد.

جدول ۴- قابلیت‌های ترکیب‌پذیری خصوصی در نسل‌های پیشرفته تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم

صفت/تلاقی	کراس عدل× مرودشت	کراس عدل × چمران	کراس عدل ×داراب	کراس عدل × شیراز	مرودشت× چمران	مرودشت× شیراز	مرودشت× داراب	چمران× شیراز	چمران× داراب	شیراز× داراب
ارتفاع بوته	۱۴/۶۷**	-۳/۱۴*	-۰/۴۶	۱/۱۷*	-۵/۱۴**	-۰/۹۸	-۱/۶۵*	۰/۹۳	-۰/۰۴	۳/۷۵**
روز تا گلدهی	-۶/۲۵**	-۴/۶۳**	۳/۰۷*	۰/۸۹	-۳/۳۵*	-۳/۱۶*	۵/۳۷**	-۰/۵۴	۱/۳۵	-۵/۱۶**
تعداد دانه در سنبله	۱۰/۵۳**	۰/۵۷	۴/۶۴*	-۴/۷۴*	۲/۷۹	-۲/۳۵	۱۶/۴۱**	-۹/۹۲**	۱/۶۷	-۱/۵۹
وزن هزار دانه	۴/۲۰**	۱/۳۰*	۰/۴۵	۰/۱۵	۱/۱۹*	۴/۹۲**	۱/۱۳*	۲/۰۱*	-۲/۶۱**	-۱/۱۰*
عملکرد دانه	۵/۰۱	۲/۶۶	-۹/۰۲*	-۴/۹۶	-۲۹/۱۲**	۲۴/۸۶**	-۷/۰	-۵/۷۶	۱۴/۴۹**	-۵/۷
شاخص برداشت	-۰/۰۱۳	۰/۰۰۲	-۰/۰۴**	-۰/۰۴**	۰/۰۱۵*	۰/۰۲۵**	۰/۰۲*	-۰/۰۲*	-۰/۰۲*	۰/۰۳۳**

* و **: معنی‌دار در سطح پنج و یک درصد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

جدول ۵- آماره‌های حاصل از تجزیه جینکز-هیمن در تلاقی‌های دای‌آلل نسل F_3 ارقام گندم.

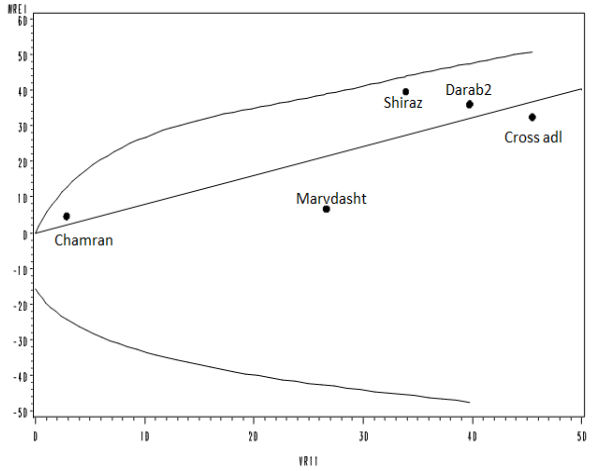
آماره	صفت					
	ارتفاع بوته	روز تا گلدهی	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	شاخص برداشت
E	۰/٤۹	۰/۰۵	۰/۷٦	۰/۲٤	۰/۹۵	۰/۰۰۰۰۰٤
D	۱۷/۸۵۳	۵۶/۲۳	۱۳۸/۱۳	۱۲/۱۸	۴۲۱/۷۰	۰/۰۰۰۷
F	-۱۶/۰۸۱	۱۸/۵۲	۱۷۸/۴۶	-۱۸/۳۷	۱۵۲/۶۴	-۰/۰۰۱۶
H_1	۱۰۵/۵۷	۷۷/۸۴	۲۷۵/۱۰	۳۳/۴۶	۷۳۹/۵۳	۰/۰۰۳۳
H_2	۸۷/۲۱	۶۷/۹۱	۲۲۰/۴۶	۲۱/۶۹	۷۱۵/۳۰	۰/۰۰۲۳
h^2	۱۵/۷۹	۵۰/۵۹	۳۰/۴۲	۱۶/۴۲	۳۵/۰۰	۰/۰۰۰۳
H_1-H_2	۱۸/۳۵	۹/۹۳	۵۴/۶۳	۱۱/۷۸	۲۴/۲۴	۰/۰۰۱
$H_2/4H_1$	۰/۲۰	۰/۲۱	۰/۲۰	۰/۱۶	۰/۲٤	۰/۱۷
$0.25\sqrt{\frac{H_1}{D}}$	۰/٦۷	۰/۲۹	۰/۳۵	۰/٤۱	۰/۳۳	۰/۵٤
$4h^2/H_2$	۰/۷۲	۲/۹۷	۰/۵۵	۳/۰۲	۰/۱۹	۰/۵۲
$\frac{\sqrt{(0.25H1D)}+F}{\sqrt{(0.25H1D)}-F}$	۰/۱٤	۳/۵	۳/٤	-۰/۲۹	۳/٤	-۰/۳۵

Zhang et al. (1985) و Iqbal et al. (2006) نیز چنین نتایجی را گزارش نموده‌اند. هم‌چنین Zare-kohan and Heidari (2012)، Heidari et al. (2006)، Nanda et al.(1983) و Rezai (1993) and Monzavi karbasi به اهمیت بیشتر اثرات افزایشی در مقایسه با غالبیت در کنترل ژنتیکی شمار روز تا گلدهی اشاره کرده‌اند. بیش‌ترین میزان قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای شمار روز تا گلدهی مربوط به رقم والدینی کراس عدل (٤/۳۸*) و کمترین آن در رقم چمران (٤/۸۵**-) و داراب ۲ (۱/۹*-) بدست آمد (جدول ۳). بنابراین، می‌توان از ارقام داراب ۲ و چمران برای به‌نژادی زودرسی استفاده کرد. بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی در تلاقی مرودشت × داراب (۵/۳٦) به‌دست آمد (جدول ٤) ولی، کم‌ترین آن در تلاقی کراس‌عدل × مرودشت (٦/۲۵-) مشاهده شد. بنابراین، می‌توان از بین نتاج حاصل از این تلاقی برای گزینش گیاهان زودرس اقدام نمود. توزیع والدین در سهمی محدود کننده نشان داد که بیش‌ترین فاصله از مبدا مربوط به رقم کراس‌عدل و کم‌ترین مربوط به رقم چمران است (شکل ۲). بنابراین، چمران دارای بیش‌ترین آلل غالب و کراس‌عدل دارای بیش‌ترین آلل مغلوب برای تنوع در تعداد روز تا گلدهی است. با توجه به ضریب GCA منفی رقم چمران در تجزیه گریفینگ و GCA مثبت و معنی‌دار رقم کراس عدل و موقعیت این ارقام در سهمی محدود کننده در تجزیه نموداری هیمن (شکل ۲) استنباط می‌شود که زودرسی در رقم چمران بیش‌تر با ژن‌های غالب و دیررسی در رقم کراس عدل بیشتر با ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. هم‌چنین با توجه به مثبت بودن عرض از مبدأ، استنباط شد که این صفت در نسل F_3 تلاقی‌های دای‌آلل بیش‌تر تحت تاثیر غالبیت نسبی ژن‌ها قرار دارد. در مطالعه Zare-kohan and Heidari (2012) نیز چنین نتایجی به‌دست آمد. اطلاعات حاصل از تجزیه هیمن (جدول ۵) نشان داد که حداقل سه ژن یا گروه ژنی ($4h^2/H_2$ =۲/۹۷) در کنترل ژنتیکی رسیدگی نقش دارد و فراوانی آلل‌های غالب بیشتر از آلل‌های مغلوب می‌باشد.

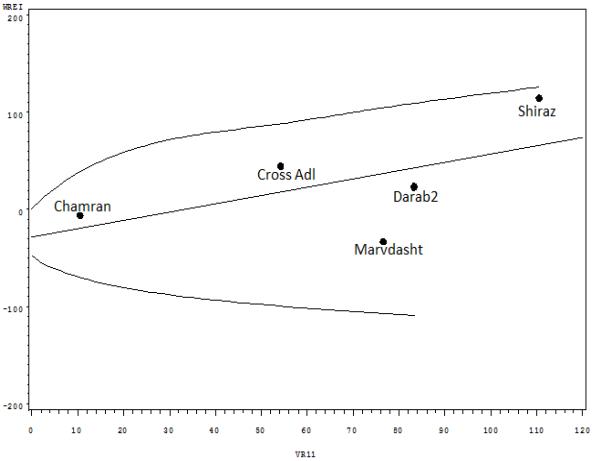
میانگین مربعات ژنوتیپ، قابلیت ترکیب عمومی و خصوصی برای تعداد دانه در سنبله معنی‌دار بود (جدول ۲). بنابراین این صفت از نظر ژنتیکی توسط هر دو آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در نسل F_3 کنترل می‌شود. مشابه این نتیجه در مطالعات دیگری نیز گزارش شده‌است (Bitzer et al. 1982; Heidari et al. 2006; Tahmasebi et al. 2007; Zare-kohan and Heidari 2014). در شکل ۳، بیش‌ترین فاصله از مبدا مربوط به رقم شیراز و کم‌ترین مربوط به رقم چمران بود. بنابراین، چمران دارای بیش‌ترین آلل غالب و شیراز دارای بیش‌ترین آلل مغلوب برای تعداد دانه در سنبله بود. با توجه به منفی بودن علامت عرض از مبدأ در شکل ۳، این صفت احتمالا با اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها کنترل می‌شود. میانگین مربعات ژنوتیپ، GCA و SCA برای وزن هزار دانه در تلاقی‌های دای‌آلل معنی‌دار بود (جدول ۲). این نتایج با یافته‌های Zare-kohan and Heidari (2014) و Mohammadi et al. (2008) هم‌سو است. بیش‌ترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای وزن هزاردانه (۲/۸٤) مربوط به‌رقم کراس‌عدل و کم‌ترین (۱/۱٤-)

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

مربوط به‌رقم شیراز بود (جدول ۳). بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی مربوط به تلاقی مرودشت × شیراز (٤/٩٢) به‌دست آمد. بنابراین، می‌توان از بین نتایج حاصل از این تلاقی به گزینش گیاهان با وزن بالای هزاردانه اقدام نمود. کم‌ترین قابلیت ترکیب-پذیری خصوصی در تلاقی داراب × چمران (٢/٦١-) مشاهده شد (جدول ٤). با توجه به شکل ٤، بیش‌ترین فاصله از مبدا مختصات مربوط به والد رقم مرودشت و کم‌ترین مربوط به‌رقم کراس‌عدل است. بنابراین، کراس‌عدل دارای بیش‌ترین آلل غالب و مرودشت دارای بیش‌ترین آلل مغلوب در ارتباط با وزن هزار دانه بود. هم-چنین، با توجه به محل قطع خط رگرسیون در قسمت منفی محور Wr استنباط شد که این صفت احتمالا بیش‌تر تحت تاثیر اثر فوق‌غالبیت ژن‌ها باشد. در مطالعه Gill et al. (1984)، نتایج تجزیه نموداری نشان داد که نوع عمل ژن برای تعداد دانه در سنبله در نسل F_1 از نوع فوق غالبیت ولی در نسل‌های F_2 تا F_5 از نوع غالبیت نسبی بود. بر این اساس Gill et al. (1984) گزارش کردند که نتایج تجزیه نموداری در نسل‌های F_2 وپیشرفته از تطابق بیش‌تری در مقایسه با نتایج از حاصل تجزیه نسل F_1 برخوردار می‌باشد. نتایج نشان داد که در ارتباط با صفت عملکرد دانه، میانگین مربعات ژنوتیپ و قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار می‌باشد (جدول ۲). بنابراین، این صفت از نظر ژنتیکی توسط هر دو آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود. نتایج مشابهی در تحقیقات گذشته گزارش شده‌است (Prodanovic 1993; Hassani et al. 2005; Heidari et al. 2006; Zare-kohan and Heidari 2014). معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA بیانگر عدم تفاوت معنی-دار در سهم آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت است. Heidari et al. (2006)، Nanda et al. (1983) و Rezai and Monzavi Karbasi (1993) به نتایج مشابهی دست یافتند. بیش‌ترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی در ارتباط با صفت عملکرد دانه (٨/٥٥) مربوط به والد رقم کراس عدل و کم‌ترین میزان (١٥/٤٤-) آن مربوط به رقم داراب ۲ به‌دست آمد (جدول ۳). هم‌چنین بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در تلاقی مرودشت × شیراز (٢٤/٨٥) به‌دست آمد. بنابراین، می‌توان از بین نتاج حاصل از این تلاقی به گزینش گیاهان با عملکرد بالا اقدام نمود. کم‌ترین قابلیت ترکیب خصوصی برای تلاقی چمران × مرودشت (٢٩/١٢-) مشاهده شد (جدول ٤). بر اساس نتایج تجزیه نموداری در شکل ۵، رقم چمران دارای بیش‌ترین آلل غالب و کراس عدل دارای بیش‌ترین آلل مغلوب برای عملکرد دانه است. با توجه به موقعیت عرض از مبدا در خط رگرسیون نوع عمل ژن برای این صفت غالبیت ناقص بود. Heidari (2014) and Zare-kohan و Mohammadi et al. (2008) نیز نتایج مشابهی گزارش کردند. نتایج تجزیه هیمن (جدول ۵) حاکی از فراوانی بیشتر آلل‌های غالب در کنترل ژنتیکی تنوع عملکرد دانه بود.

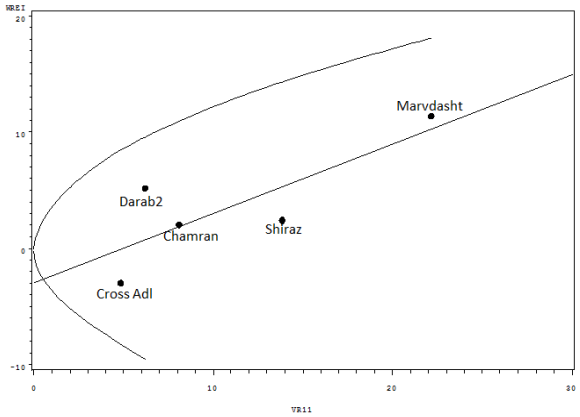


شکل ۲- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدود کننده شمار روز تا گلدهی.

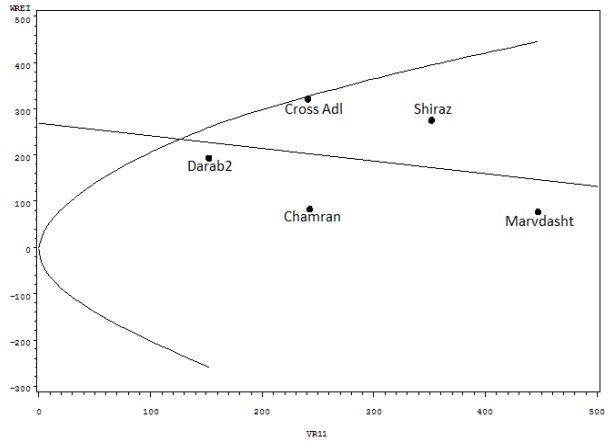


شکل ۳- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدود کننده برای تعداد دانه در سنبله.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]



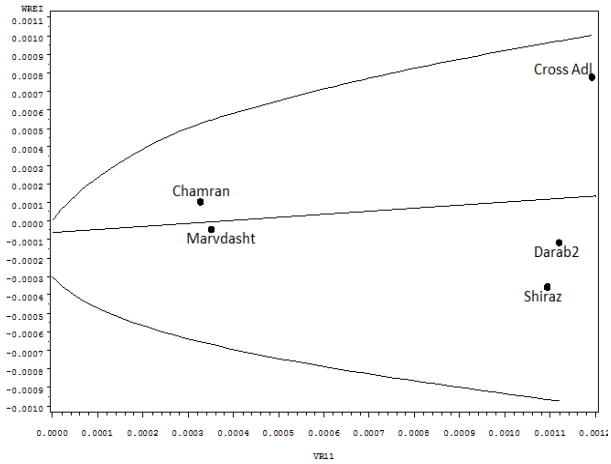
شکل ٤- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدود کننده برای وزن هزار دانه.



شکل ٥- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدود کننده برای عملکرد دانه.

هم‌چنین پارامتر $H_2/4H_1$ نشان داد که ژن‌های غالب که بر عملکرد اثر افزایشی یا کاهشی دارند در والدین به‌صورت نامنظم توزیع شده‌اند.

در صفت شاخص برداشت میانگین مربعات ژنوتیپ و قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار بودند (جدول ٢). بنابراین این صفت از نظر ژنتیکی توسط هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود. Hassani et al. (2005)، Heidari et al. (2006) و Prodanovic (1993) به نتایج مشابهی دست یافتند. معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA بیانگر عدم تفاوت معنی‌دار در سهم اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت بود. بیشترین میزان قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای شاخص برداشت (٠/٠٠٩) در رقم مرودشت و کم‌ترین (٠/٠١٤-) در رقم چمران محاسبه شد. بیشترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی برای تلاقی شیراز × داراب ٢ (٠/٠٣٣) به‌دست آمد و کم‌ترین آن در تلاقی شیراز × کراس عدل (٠/٠٤-) مشاهده شد (جدول ٤). رقم چمران دارای بیش‌ترین آلل غالب و کراس‌عدل دارای بیش‌ترین آلل مغلوب در ارتباط با صفت شاخص برداشت بود (شکل ٦). هم‌چنین، با توجه به تقاطع خط رگرسیون و محور Wr در قسمت منفی محور Wr استنباط شد که نوع عمل ژن در این صفت فوق غالبیت می‌باشد. Gill et al. (1984) و Tandon et al. (1970) در بررسی تلاقی‌های دای‌آلل نسل‌های مختلف نتیجه گرفتند که نتایج تجزیه گریفینگ از دقت و تطابق بیشتری در نسل‌های متوالی برخوردار است. هم‌چنین نتایج مطالعه Baker (1978) نشان داد که برآورده شدن تمام فرضیات مدل دای‌آلل در تجزیه جینکز-هیمن دشوار است لذا، تجزیه قابلیت‌های ترکیب‌پذیری والدین در تلاقی‌های دای‌آلل به روش گریفینگ ارجحیت دارد.



شکل ٦- تجزیه نموداری، پراکنش ارقام والدینی تلاقی‌های دای‌آلل F_3 ارقام گندم در طول خط رگرسیون و سهمی محدود کننده برای شاخص برداشت.

نتیجه‌گیری کلی

در این آزمایش به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل کننده صفات و وراثت‌پذیری در گندم، تلاقی‌های دای‌آلل به دو روش پیشنهادی جینکز-هیمن و گریفینگ تجزیه و تحلیل شدند. در مدل جینکز- هیمن، برآورد میانگین درجه غالبیت و نتایج تجزیه و تحلیل نموداری نشان داد که نوع عمل ژن در صفات ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، عملکرد دانه، غالبیت نسبی و در صفات شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه از

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

نوع فوق غالبیت بود. وراثت‌پذیری عمومی (H_b) در تمام صفات مقدار بالایی بود، اما وراثت‌پذیری خصوصی (H_n) صفات متوسط یا نسبتا کم برآورد شد. کمتر بودن وراثت‌پذیری خصوصی ممکن است به‌دلیل نقش اثر غیر افزایشی ژن‌ها یا آثار محیطی در تنوع صفات باشد.

به‌طورکلی، معنی‌دار نبودن نسبت میانگین مربعات GCA به میانگین مربعات SCA در کلیه صفات به‌جز تعداد روز تا گلدهی بیانگر عدم تفاوت معنی‌دار در سهم آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه بود. ارقام با اثر GCA زیاد در تجزیه دای‌آلل دارای حداکثر آلل‌های با اثر افزایشی برای به‌نژادی صفات هستند. محاسبه اثر GCA والدین تلاقی‌ها نشان داد که رقم کراس عدل برای تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه دارای بهترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی بوده و می‌توان از این رقم در به‌نژادی صفات ذکر شده به‌طور مؤثر استفاده کرد. محاسبه اثر SCA تلاقی‌ها نشان داد که تلاقی کراس‌عدل × مرودشت برای ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه و تلاقی شیراز × مرودشت برای وزن هزار دانه، وزن سنبله و عملکرد دانه بهترین قابلیت ترکیب خصوصی را داشتند. در گیاهان خودگشن می‌توان در بین نتاج تلاقی‌های با SCA بالا بهترین ژنوتیپ‌ها را انتخاب و در ادامه برنامه به‌نژادی مورد استفاده قرار داد. ارقام چمران و داراب ۲ دارای آثار GCA منفی برای روز تا گلدهی و ارتفاع بوته بودند. بنابراین، از این ارقام می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی زودرسی و نیمه پاکوتاهی گندم استفاده کرد.

منابع

Baker RJ (1978) Issues in diallel analysis. Crop Science, 18: 533-536.

Bitzer MJ, Patterson FL, Nyquist WE (1982) Hybrid vigor and combining ability in a high-parent diallel cross of soft red winter wheat. Crop Sciences 22: 1126-1128.

Chowdhry AM, Rafig M, Alam K (1992) Genetic architecture of grain yield and certain other traits in bread wheat. Pakistan Journal Agricultural Sciences 13: 216-220.

Chowdhry AM, Rasool I, Khaliq I, Mahmud T, and. Gilani MM (1999) Genetics of some metric traits in spring wheat under normal and drought environment. Rachis Newsletter 18:34-39.

Gill KS, Bhullar GS, Dhillon BS, Khera AS (1984) Comparative evaluation of combining ability and graphical analyses of Diallel cross. *Proceedings* of the Indian National Science *Academy* 3:337-347.

Griffing B (1956a) A generalized treatment of the diallel cross in quantitative in heritance. Heredity 10:31-50.

Griffing B (1956b) Concepts of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences 9:463-493.

Hallauer AR, Miranda JB, Carena MJ (2011) Quantitative genetics in maize breeding. Springer New York Dordrecht Heidelberg London, 663 pages.

Hassani M, Saiedi G, Rezaie A (2005) Estimation of genetic parameters and combining ability for grain yield and its components in bread wheat. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 9:157-171. (In Farsi).

Hayman BI (1954a) The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39:789-809.

Hayman BI (1954b) The analysis of variance of diallel tables. Biometrics 10:235-244.

Heidari B, Rezai A, Meybodi SAM (2006) Diallel analysis for estimation of genetic parameters of grain yield and its components in bread wheat. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 2:121-139. (In Farsi).

Zare-kohan M, Heidari B (2012) Estimation of genetic parameters for maturity and grain yield in diallel crosses of five wheat cultivars using two different models. Journal of Agricultural Science 4: 74-85.

Zare-kohan M, Heidari B (2014) Diallel cross study for estimating genetic component underlying wheat grain yield. Journal of Biology Environmental Sciences, 8: 37-51.

Iqbal M, Navabi A, Salmon DF, Yang RC, Spaner D (2006) A genetic examination of early flowering and maturity in Canadian spring wheats. Canadian Journal of Plant Science 86: 995-1004.

Javaid A, Masood S, Minhas NM (2001) Analysis of combining ability in wheat (*Triticum aestivum* L.) using F_2 generation. Pakistan Journal of Biological Sciences 4: 1303-1305.

Jiang J, Friebe B, Gill BS (1994) Recent advances in alien gene transfer in wheat. Euphytica 73: 199-212.

Jinks JL (1954) The analysis of continuous variation in a diallel cross of *nicotiana rustica* varieties. Genetics 39: 767-778.

Jinks JL, Hayman BI (1953) The analysis of diallel crosses. Maize Genetics Newsletter 27: 48-54.

Lonc W, Zalewski D (1991) Diallel analysis of quantitative characters in F_1 hybrid of winter wheat. Plant Breeding, 62: 4954.

Mather K, Jinks JL (1971) Biometrical Genetics: The study of continuous variation. Chapman and Hall, London. XII, 382 S.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]

Mather DE, Poysa VW (1983) Griffing and Hayman diallel analyses of protein and lysine content of spring triticale. Canadian Journal of Genetic and Cytology 25:384-389.

Mohammadi SH, Khoddambashi Emami M (2008) Graphical analysis for grain yield of wheat and its components using diallel crosses. Seed and Plant Improvement Journal 24: 475-486.

Nanda GS, Virk PS, Gill KS (1983) Diallel analysis over environment in wheat plant characters. Indian Journal 38: 220-224.

Prodanovic S (1993) Genetic values of F_1 wheat hybrids obtained in diallel crosses, Review of Research Work at the Faculty of Agriculture Belgrade 38: 25-37.

Rezai A, Monzavi Karbasi B (1993) Evaluation of genetic control of harvest index and biological yield in 8 winter wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using diallel cross analysis. Iranian Journal of Agricultural Science 24:1-17. (In Farsi).

Saeidi A (2005) Characterizations of bread and durum wheat, barley, triticale and rye cultivars introduced by cereal department. Karaj Teaching Agriculture Press. (In Farsi)

Samei M (2004) Bread making quality of Iranian wheats. The Growth Journal 17:17-20. (In Farsi).

Sharma JR (2006) Statistical and biometrical techniques in plant breeding. New Age International. 432 pages.

Sharma SK, Singh RK (1982) Diallel analysis for combining ability over environments in wheat. Haryana Agriculture University Journal Research 12:675-678.

Singh I, Paroda RS,. Behl RK (1986) Diallel analysis for combining ability over environments in wheat. Wheat Information Service, 61:74-76.

Tahmasebi S, Khoddambashi M, Rezai A (2007) Estimation of genetic parameters of grain yield and related characteristics using diallel cross analysis under drought stress and normal irrigation. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 1:229-240. (In Persian)

Tandon JP, Joshi AB, Jain KLB (1970) Comparison of graphic and combining ability analysis of diallel crosses in wheat. Indian Journal of Genetic, 30:91-103.

Vanda M, , Houshmand S (2011) Estimation of genetic structure of grain yield and related traits in durum wheat using diallel crossing. Iranian Journal of Crop Sciences, 13: 206-218. (In Farsi)

Zhang H, JiuJiang Y, Kongge W, Xiangke Z (1985) Studies on the inheritance of earliness and its selection in bread wheat. Acta Botanica Borealioccidentalia Sinica. Available at: http://en.cnki.com.cn/Artcle_en/CJFDTOTALDNYX198503006.htm

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-09-13]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.1.10.0]