مقاله علمی پژوهشی
مجله دوفصل نامه
مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی
ISSN 2588-5073 چاپی
ISSN 2588-5081 الکترونیکی online
دوره ۱٤، شماره ۱، بهار و تابستان ۱٤۰٤
صفحه ۱۸-۱

Research Article
Genetic Engineering and Biosafety Journal 2025
Volume 14, Number 1, Pages: 1-18

http://gebsj.ir/

https://ecc.isc.ac/showJournal/23064

10.61882/gebsj.14.1.1

مطالعه قابلیت ترکیب‌پذیری، هتروزیس و عمل ژن برای عملکرد و اجزای عملکرد دانه ذرت شیرین با روش لاین در تستر

Study on Combining Ability, Heterosis and Gene Action for Kernel Yield and Yield Components in Sweet Maize Using Line×Tester Method

احمد فرید رحمانی[۱]، سعید ملک‌زاده شفارودی[۱*]، سعید خاوری خراسانی[۲] و فرج‌اله شهریاری احمدی[۱]

Ahmad Farid Rahmani[1], Saeid Malekzade-Shafaroudi[1*], Saeed Khavari Khorasani[2], Farajollah Shahriari Ahmadi[1]

۱- گروه بیوتکنولوژی و به نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ایران
۲- بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی، مشهد، ایران

1- Department of Biotechnology and Plant Breeding, Faculty of Agriculture Science, Ferdowsi University of Mashhad, Iran
2- Seed and Plant Improvement Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural resources research and education center, ARREO, Mashhad, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: malekzade-s@um.ac.ir
*Corresponding Author, Email: malekzade-s@um.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۲/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۲/۲۸- تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۶/۲۴)
Received: 2025/03/07 | Accepted: 2025/05/18 | Published: 2025/09/15

چکیده

Abstract

The objective of this study was to examine gene action, heritability, heterosis estimation, and combining ability for yield and its components using the line × tester method in sweet corn (*Zea mays* L.) lines. To estimate combining ability, heritability, genetic variance components, and heterosis in sweet corn breeding programs, an experiment based on the line × tester method was conducted. Nine hybrids were generated by crossing three medium-yielding lines (Mrt-4, Pwrhs, and Swry) with three high-yielding testers (ks/1-13, Mrt-3, and S-1263). The experiment was carried out in a RCBD with three replications. The variance of specific combining ability (SCA) was higher than that of general combining ability (GCA) for all traits, indicating the predominance of non-additive gene action in the inheritance of these traits. The highest heterosis values relative to the mean and the superior parent for grain yield were 41.67% and 15.18%, respectively, observed in the hybrids Swry × ks/1-13 and Swry × Mrt-3. The relative contribution of variance in lines and testers compared to the line × tester interaction was higher for traits such as tillering ability, ear length, number of ear rows, ear diameter, stem diameter, plant height, tassel length, grain yield, number of kernels per row, cob diameter, ear height, and ear weight. This suggests a greater estimation of GCA variance, or additive effects, among the lines and testers used in the study for the mentioned traits. The hybrid Swry × ks/1-13 was identified as a highly suitable combination for grain yield due to its higher SCA effects and superior heterosis.

Keywords: Hybrid maize, specific combining ability, general combining ability, yield components, narrow sense heritability

رفرانس دهی این مقاله Citation

Rahmani AF, Malekzadeh-Shafaroudi S, Khavari Khorasani S, Shahriari Ahmadi F. (2025). Study on Combining Ability, Heterosis and Gene Action for Kernel Yield and Yield Components in Sweet Maize Using Line×Tester Method. Genetic Engineering and Biosafety Journal, 14 (1): 1-18. Doi: 10.61882/gebsj.14.1.1
URL: http://gebsj.ir/article-1-511-en.html

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Volume 14, Number 1, 2025

خلاصه

هدف این پژوهش، مطالعه عمل ژن‌ها، وراثت‌پذیری، برآورد هتروزیس و قابلیت ترکیب‌پذیری عملکرد و اجزای آن با استفاده از روش لاین×تستر در لاین‌های ذرت شیرین (*Zea mays* L.) بود. برای برآورد ترکیب‌پذیری، وراثت‌پذیری، اجزای واریانس ژنتیکی و هتروزیس در طراحی برنامه‌های به‌نژادی ذرت شیرین، آزمایشی بر اساس روش لاین×تستر با نه هیبرید حاصل از تلاقی سه لاین با عملکرد متوسط (Mrt-4، Pwrhs و Swry) با سه تستر پرمحصول (ks/1-13، Mrt-3 و S-1263) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد. واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) نسبت به واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برای تمامی صفات بیشتر بود که نشان‌دهنده برتری عمل ژن‌های غیر افزایشی در وراثت‌پذیری صفات می‌باشد. بیشترین مقدار هتروزیس نسبت به میانگین و والد برتر برای عملکرد دانه به‌ترتیب ٤١/٦٧ و ١٥/١٨ درصد و در هیبریدهای Swry×ks/1-13 و Swry×Mrt-3 مشاهده شدند. سهم نسبی تنوع در لاین‌ها و تسترها نسبت به اثر متقابل لاین×تستر برای صفات قابلیت پنجه‌زنی، طول بلال، تعداد ردیف بلال، قطر بلال، قطر ساقه، ارتفاع بوته، طول تاسل، عملکرد دانه، تعداد دانه در ردیف، قطر چوب بلال، ارتفاع بلال و وزن بلال بیشتر بوده که نشان‌دهنده برآورد بیشتر واریانس GCA یا به عبارتی عملکرد افزایشی بین لاین‌ها و تسترهای مورد استفاده در مطالعه برای صفات ذکر شده می‌باشد. هیبرید Swry× ks/1-13 به عنوان یک ترکیب بسیار مناسب برای عملکرد دانه به واسطه اثرات SCA بیشتر و اثر هتروزیس برتر شناسایی شد که می‌توان از والدین آنها در برنامه‌های اصلاحی تولید ارقام هیبرید استفاده کرد.

کلمات کلیدی: ذرت هیبرید، قابلیت ترکیبشونده خصوصی، ترکیب‌شونده عمومی، اجزای عملکرد، توارث‌پذیری خصوصی

مقدمه Introduction

ذرت یکی از غلات مهم در ایران و جهان به شمار می‌رود که بعد از گندم، جو و برنج به‌عنوان چهارمین غله معروف مطرح است. میزان تولید جهانی ذرت در سال زراعی ۲۰۲۲-۲۰۲۳، حدود ۱/۱۵ میلیارد تن بوده است. اما در سال زراعی ۲۰۲۳-۲۰۲٤ به ۱/۲۲ میلیارد تن رسیده، که نسبت به سال قبل افزایشی را نشان داده است. بر اساس پیش‌بینی‌های جدید، تولید جهانی ذرت در سال زراعی ۲۰۲٤-۲۰۲۵ به ۱/۲۲۵ میلیارد تن خواهد رسید. این رقم نشان‌دهنده افزایشی ۲ میلیون تنی نسبت به سال‌های قبل است. ایالات متحده با تولید حدود ۳۸۹/۷ میلیون تن، بزرگترین تولیدکننده ذرت در جهان است. برزیل و آرژانتین نیز از دیگر تولیدکنندگان عمده ذرت هستند که به ترتیب ۱۲۹ میلیون تن و ٥٤ میلیون تن تولید کرده اند. ضمنا سطح زیر کشت ذرت در ایران ۱۳۹ هزار هکتار و میزان تولید آن نیز حدود ۹٦۲۰۰۰ می باشد (Irwin & Janzen, 2022).

بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری و هتروزیس در ذرت به دلیل نقش این گیاه در تأمین غذای انسان و دام، از اهمیت بالایی برخوردار است. روش لاین×تستر (Line×Tester) یکی از روش‌های مؤثر برای ارزیابی قابلیت ترکیب‌پذیری و برآورد اثرات ژنی است. این روش به پژوهشگران امکان می‌دهد تا واریانس ژنتیکی افزایشی و غیرافزایشی را تفکیک کنند و والدین مناسب برای ایجاد هیبریدهای برتر را شناسایی نمایند (Rahmani *et al.*, 2023). در این مطالعه، از روش لاین×تستر برای ارزیابی هیبریدهای حاصل از تلاقی لاین‌های ذرت شیرین با تسترهای پرمحصول استفاده شد. نتایج نشان داده که واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA= Specific combinability variance (SCA)) نسبت به واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (GCA= General combinability variance (GCA)) برای صفاتی مانند عملکرد دانه، ارتفاع بوته و قطر بلال بیشتر بود، که نشان‌دهنده نقش برتر ژن‌های غیر افزایشی در کنترل این صفات است. همچنین، هیبرید Swry×ks/1-13 به دلیل داشتن بیشترین

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

مقدار هتروزیس و اثرات SCA بالا، به عنوان ترکیبی مناسب برای بهبود عملکرد دانه شناسایی شد. این یافته‌ها می‌تواند به عنوان پایه‌ای برای برنامه‌های اصلاحی آینده ذرت شیرین مورد استفاده قرار گیرد و به تولید ارقام هیبرید با عملکرد بالاتر و کیفیت بهتر کمک کند.

موفقیت هر روش اصلاحی، به والدین مناسب و نحوه گزینش بستگی دارد. این مهم می‌تواند از به هدر رفتن وقت و انرژی در مراحل بعدی یک برنامه اصلاحی جلوگیری کند. برخی از ارقام گیاهی برای بعضی صفات، ترکیب‌پذیری خوبی را با تعداد زیادی از ژنوتیپ‌ها دارا هستند و به‌عبارت دیگر ترکیب‌پذیری عمومی بالایی دارند، در حالی که برخی دیگر از ارقام فقط با ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های ویژه‌ای تولید نتاج برتر می‌کنند و به بیان دیگر ترکیب‌پذیری خصوصی خوبی دارند (Sarhaddi Avval *et al.*, 2025; Vaez-Sarvari *et al.*, 2022; Vessal *et al.*, 2023). اصولاً قابلیت ترکیب‌پذیری و اثرات ژن نقش معنی‌داری در اصلاح مواد ژنتیکی ایفا می‌کند. روش لاین×تستر بعد از معرفی، به‌عنوان یکی از روش‌های مناسب برآورد قابلیت ترکیب‌پذیری، نقش مهمی در ارزیابی پتانسیل ژنتیکی مواد آزمایشی در اصلاح نباتات بر عهده دارد. این روش تجزیه اطلاعاتی در مورد قدرت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی فراهم آورده و از طرف دیگر برای برآورد اثرات مختلف ژنی مفید می‌باشد (Singh & Chaudhary, 1981). براساس آزمون ترکیب‌پذیری برای ویژگی‌های مختلف، مقادیر بالاتر SCA حاکی از سهم بیشتر اثرات غالبیت ژن‌ها و اثرات بالاتر GCA بیانگر سهم بیشتر اثرات افزایشی ژن‌های کنترل کننده این صفات در گیاهان می‌باشد در صورتی که هر دو GCA و SCA غیرمعنی‌دار باشد، بیانگر نقش بارز اثرات اپیستاتیک ژن‌ها در کنترل این صفات می‌باشد. بر اساس مطالعه‌ای، عملکرد ژن افزایشی برای صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد ابریشم و ظهور تاسل اهمیت بیشتری دارد، درحالی که تغییرات SCA برای عملکرد دانه، ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، تعداد دانه در ردیف، قطر بلال و طول بلال بیشتر از واریانس GCA بود (Kamal *et al.*, 2023). نقش ترکیب‌پذیری عمومی، برای صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه در ذرت مهم‌تر از ترکیب‌پذیری خصوصی ذکر شده است و حتی گفته شده است که واریانس ژنتیکی افزایشی نقش عمده‌ای را نسبت به واریانس ژنتیکی غیرافزایشی در وراثت این صفات ایفا می‌کند (Habiba *et al.*, 2022).

در مطالعه‌ای، نسبت واریانس GCA به SCA برای صفات تعداد روز تا پنجاه درصد گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، ارتفاع بلال و عملکرد دانه در بوته کمتر از یک گزارش شده و نسبت واریانس GCA به SCA برای صفات طول بلال، تعداد ردیف دانه در هر بلال، تعداد دانه در ردیف و وزن صد دانه بیشتر از یک بودند که بیانگر این است که کنترل این صفات بوسیله اثرات ژنی غیرافزایشی می‌باشد (El-sheikh *et al.*, 2024). هدف این پژوهش، مطالعه بررسی عمل ژن‌ها، وراثت‌پذیری، برآورد هتروزیس و قابلیت ترکیب‌پذیری عملکرد و اجزای عملکرد دانه لاین‌های ذرت با استفاده از روش لاین×تستر بود.

مواد و روش‌ها
Materials and Methods

در این پژوهش سه لاین اینبرد نسل S_6 ذرت شیرین (Mrt-4، Swry و Pwrhs) به‌عنوان لاین‌های مادری و سه تستر (ks/1-13، Mrt-3 و S-1263) به‌عنوان لاین‌های پدری در مزرعه آزمایشی ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مشهد، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی در اردیبهشت ۱۴۰۰ با استفاده از روش تلاقی لاین×تستر مورد بررسی قرار گرفتند. لاین‌های مادری مورد استفاده از جمعیت S_0 مواد ژنتیکی زودرس خارجی انتخاب شدند و حاصل شش نسل خویش‌آمیزی متوالی می‌باشند. تسترها شامل سه لاین اینبرد می‌باشند که از لحاظ ترکیب‌پذیری‌ها و صفات مورد نظر مطلوب بوده و حاصل ارزیابی‌های چند ساله مواد ژنتیکی در بخش تحقیقات ذرت و گیاهان علوفه‌ای موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر می‌باشند. در سال ۱۴۰۰ هر سه لاین اینبرد در شرایط ایزوله با تسترهای مربوط تلاقی داده شدند. بذور نه ژنوتیپ حاصل از تلاقی لاین×تستر در اواخر اردیبهشت ماه سال زراعی ۱۴۰۱ در سه تکرار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی مورد بررسی و ارزیابی قرارگرفتند. اطلاعات مربوط به لاین‌ها، تسترها و تلاقی لاین در تستر در جدول ۱ آورده شده است.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

Table1. List of sweet maize genotypes

جدول۱- لیست ژنوتیپ‌های ذرت شیرین

NO.	Lines	Family tree	Origin
1	Mrt-4	MS0089/2-2-1-2-1-1-2	Hungary
2	Swry	MS0094/3-2-3-1-2-4-1	Iran
3	Pwrhs	MS0087/1-1-3-1-2-4-1	USA
NO.	**Testers**	**Family tree**	**Origin**
1	ks/1-13	Unknown	Iran
2	Mrt-3	MS0089/1-2-11-2-1-2	Hungary
3	S-1263	MS0091/2-3-1-2-10-1-1	Hungary
NO.	**Crosses**		
1	Mrt-4 × ks/1-13		
2	Mrt-4 × Mrt-3		
3	Mrt-4 × S-1263		
4	Swry×ks/1-13		
5	Swry× Mrt-3		
6	Swry× S-1263		
7	Pwrhs × ks/1-13		
8	Pwrhs × Mrt-3		
9	Pwrhs × S-1263		

همزمان با آماده‌سازی بستر بذر، براساس آزمون خاک و توصیه کودی، مقدار فسفر و پتاسیم مورد نیاز خاک، به‌ترتیب از منابع کودی سوپر فسفات تریپل (۳٦ کیلوگرم در هکتار) و کود اکسید پتاسیم (٦۰ کیلوگرم در هکتار) تأمین گردید. کود نیتروژن نیز در دو نوبت در مرحله کاشت و چهار هفته بعد از کاشت به‌ترتیب به میزان ٤٦ و ۲۳ کیلوگرم در هکتار مصرف شد. هر کرت آزمایشی شامل دو خط کشت به طول دو متر بود. پس از آماده‌سازی زمین فاصله بین ردیف ۷۵ سانتی‌متر و فاصله بین بوته‌ها ۲۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. وجین علف‌های هرز و آبیاری به صورت دستی انجام شد.

صفات مورد اندازه‌گیری به‌طور تصادفی از ۱۰ بوته رقابت کننده وسط خطوط اندازه‌گیری شد. صفات اندازه‌گیری شده برای تمام تیمارها (تستر+لاین+تلاقی) شامل قابلیت پنجه‌زنی، طول بلال (سانتی‌متر)، تعداد ردیف در بلال، تعداد دانه در ردیف، قطر بلال (میلی‌متر)، قطر چوب بلال، عمق دانه (میلی‌متر)، قطر ساقه (میلی‌متر)، تعداد کل برگ، تعداد کل برگ‌های بالای بلال، ارتفاع بلال (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول تاسل (سانتی‌متر)، وزن بلال (کیلوگرم) و عملکرد دانه (بر مبنای رطوبت ۱٤٪ و بر حسب تن در هکتار) بودند. برای تجزیه آماری طرح، تجزیه لاین×تستر (Kempthorne, 1957)، با استفاده از نرم‌افزار R ver. 4.2.2 بسته Agricola انجام شد. در این نوع تجزیه، امکان برآورد تجزیه واریانس، ترکیب‌پذیری عمومی والدین، ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها و تعیین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفات وجود دارد (Villanueva & Chen, 2019). سهم نسبی تنوع لاین‌ها، تسترها و برهمکنش‌های آن‌ها با کل واریانس با استفاده از همان برنامه نشان داده شد. برآورد واریانس ترکیب‌پذیری عمومی لاین‌ها و تسترها و واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها با استفاده از روابط ۱ و ۲ محاسبه شد (Lu *et al.*, 2020).

$$\sigma^2 GCA = \left(\frac{F+1}{4}\right) 2\, VA$$ رابطه (۱)

$$\sigma^2 SCA = \left(\frac{F+1}{4}\right) 2\, VD$$ رابطه (۲)

که در آن $\sigma^2 GCA$: واریانس ترکیب‌پذیری عمومی، $\sigma^2 SCA$: واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها، V_A و V_D : به‌ترتیب واریانس افزایشی و واریانس غالبیت و F: ضریب خویش آمیزی است. برای محاسبه اجزای واریانس ژنتیکی با توجه به خالص بودن ژنوتیپ‌ها و استفاده از نسل F_1، از ضریب خویش‌آمیزی یک استفاده شد.

واریانس افزایشی (V_A) و واریانس غالبیت (V_D) با توجه به ثابت بودن لاین‌ها، از روابط ۳ و ٤ به‌دست آمد (Singh & Chaudhary, 1981).

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

رابطه (۳) $$V_A=[(MS_{pooled}-MS_e)/r]\times[4/(1+F)]$$

رابطه (٤) $$V_D=[(MS_{L\times T}-MS_e)/r]\times[2/(1+F)]^2$$

که در آن، r تعداد تکرار، MS_e: میانگین مربعات خطای آزمایشی، F: ضریب خویش‌آمیزی و MS_{pooled}: عبارت از میانگین مربعات ادغام شده است که از طریق معادله ۵ محاسبه شد:

رابطه (۵) $$MS_{pooled}=(SS_L\times SS_T)/(dF_L+dF_T)$$

مقادیر وراثت‌پذیری عمومی (H^2_b) و وراثت‌پذیری خصوصی (H^2_n) صفات با استفاده از روابط ٦ و ۷ محاسبه شد:

رابطه (٦) $$H^2_b=(V_A+V_D)/(V_A+V_D+M_e)\times100$$

رابطه (۷) $$H^2_n= V_A/(V_A+V_D+M_e)\times100$$

که در این معادلات، V_A و V_D : به‌ترتیب واریانس افزایشی و غالبیت و Me میانگین مربعات خطای آزمایشی تقسیم بر تکرار است. درصد هتروزیس برای هرصفت در هر تلاقی نسبت به میانگین والدین تلاقی و نسبت به والد برتر هر تلاقی با استفاده از فرمول‌های زیر محاسبه گردید (Eidi Kohnaki *et al.*, 2021).

$$\text{درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین} = \frac{F1-\text{میانگین والدین}}{\text{میانگین والدین}} \times 100$$

$$\text{درصد هتروزیس نسبت به والد برتر} = \frac{F1-\text{عملکرد بهترین والد}}{\text{عملکرد بهترین والد}} \times 100$$

نتایج به‌دست آمده نشان داد که در صفات تعداد ردیف در بلال، برگ‌های بالای بلال و تعداد کل برگ مقدار واریانس افزایشی منفی بوده که جهت اجتناب از اشتباه در انجام محاسبات، مقدار واریانس افزایشی را در این صفات صفر در نظر گرفته شده است (Robinson *et al.*, 1955).

نتایج و بحث Results and Discussion

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین لاین‌ها برای تمامی صفات مورد بررسی، تفاوت‌های معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (جدول ۲) که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی کافی برای انجام بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری مواد آزمایشی مورد مطالعه است. وجود تنوع ژنتیکی برای صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، طول بلال، قطر بلال، تعداد ردیف در بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه در ذرت گزارش شده است (El-sheikh *et al.*, 2024).

اثر والدین و تلاقی برای تمامی صفات و اثر والدین×تلاقی‌ها نیز برای تمامی صفات به‌جز تعداد ردیف در هر بلال و قطر چوب بلال در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. مجموع مربعات تلاقی‌ها به اجزای لاین‌ها، تسترها و لاین×تستر تجزیه شد. اثر لاین‌ها برای صفات طول بلال، قطر بلال، قطر چوب بلال، ارتفاع بوته و طول تاسل در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود که حاکی از وجود نقش واریانس افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات در مواد آزمایشی می‌باشد. اثر لاین برای صفات قابلیت پنجه‌زنی، تعداد ردیف بلال، تعداد دانه در ردیف، عمق دانه، قطر ساقه، تعداد کل برگ، برگ‌های بالای بلال، ارتفاع بلال، وزن بلال، عملکرد دانه معنی‌دار نگردید. لذا در کنترل صفات مذکور بایستی اثرات ژنی افزایشی نقش کمتری داشته باشند.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

معنی‌دار شدن اثر تستر برای صفات قطر چوب بلال و ارتفاع بوته در سطح احتمال پنج درصد حاکی از نقش واریانس افزایشی ژنی می‌باشد که ناشی از اختلاف ترکیب‌پذیری عمومی تسترهاست. معنی‌دار شدن اثر برهمکنش لاین×تستر برای کلیه صفات مورد مطالعه ناشی از وجود اختلاف بین ترکیب‌پذیری‌های خصوصی هیبریدها و بیانگر نقش واریانس ژنتیکی غیرافزایشی در کنترل صفات مورد مطالعه می‌باشد. معنی‌داری اثر لاین‌ها (والدین مادری) و تسترها (والدین پدری) بیانگر بروز واریانس افزایشی است، در حالی‌که معنی‌داری اثر برهمکنش لاین×تستر نشان‌دهنده اهمیت واریانس غیرافزایشی می‌باشد (Abdel-Moneam *et al.*, 2020; Latha *et al.*, 2013). در آزمایشی که روی ۲۳ لاین و ۳ تستر اانجام شد، اثر لاین، تستر و همچنین برهمکنش لاین×تستر برای صفات ارتفاع بوته، بلال در بوته، دانه در بوته، وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته معنی‌دار بودند (Al-Naggar *et al.*, 2017).

در مطالعه‌ای با استفاده از ۹ لاین و ۳ تستر، اثر لاین، تستر و همچنین برهمکنش لاین×تستر برای صفات ارتفاع بوته، بلال در بوته، دانه در بوته، وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته معنی‌دار بودند (Krivosheev et al., 2024).

جدول ۲- میانگین مربعات تمام تیمارها (تستر+لاین+تلاقی) بر اساس تجزیه واریانس صفات مختلف در ژنوتیپ‌های ذرت

Table2. Mean squares of all treatments (tester + line + cross) based on analysis of variance of different traits in corn genotypes

S.O.V	R	Genotype	Parents	Parents*Confluence	Confluence	Line	Testeh	Line*Tester	Error
	2	14	5	1	8	2	2	4	28
Tillering Potential	0.0003 ns	0.055**	0.02**	0.072**	0.08**	0.15ns	0.02 ns	0.07**	0.0004
Ear Length	0.03 ns	28.79**	23.42**	62.98**	27.86**	61.67*	32.24 ns	8.77**	0.06
Rows No	0.279*	4.72**	12.06**	0.152 ns	0.712**	1.21 ns	0.161 ns	0.739**	0.06
Kernel No.	0.95 ns	111.12**	81.45**	322.53**	103.23**	85.48 ns	205.34 ns	61.05**	0.63
Ear Diameter	0.66 ns	31.56**	50.86**	55.58**	16.49**	50.11*	5.08 ns	5.39**	0.25
Cob Diameter	1.22*	26.30**	52.14**	0.06 ns	13.43**	23.52*	24.10*	3.05**	0.33
Kernel Depth	0.07 ns	2.41**	1.76**	13.02**	1.49**	1.26 ns	1.97 ns	1.37**	0.06
Stem Diameter	0.10 ns	16.15**	18.73**	3.88**	16.08**	38.34 ns	5.48 ns	10.24**	0.13
Total Leaves No	0.12**	3.52**	6.28**	4.62**	1.62**	0.40 ns	2.50 ns	1.87**	0.03
Upper Ear Leaves	0.40 ns	1.08**	1.82**	1.73**	0.61**	0.45 ns	0.58 ns	0.71**	0.01
Ear Height	3.84 ns	443.35**	617.78**	796.36**	290.21**	391.44 ns	481.23	144.08**	2.02
Plant Height	9.91 ns	1935.88**	2177.32**	5750.98**	1308.09**	2509.51*	2212.70*	255.08**	4.14
Tassel Length	1.02 ns	85.87**	67.22**	282.13**	73.00**	228.57**	2.27 ns	30.58**	0.33
Ear Weight	0.003 ns	0.09**	0.04**	0.18**	0.12**	0.17 ns	0.22 ns	0.04**	0.0009
Kernel Yield	1.10 ns	71.42**	93.33**	125.58**	50.96**	73.18 ns	70.01 ns	30.32**	0.83

ns، * و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

ns, * and **: non-significant and significant at the five and one percent probability levels, respectively.

تخمین اجزای واریانس ژنتیکی

آنالیز واریانس برای قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی صفات (جدول ۳) نشان داد که واریانس لاین‌ها نسبت به واریانس تسترها برای صفات قابلیت پنجه‌زنی، تعداد ردیف در هر بلال، قطر بلال، قطر ساقه و طول تاسل بالاتر بود که بیانگر مشارکت بیشتر لاین‌ها در واریانس GCA برای این صفات می‌باشد. همچنین واریانس تستر نسبت به لاین‌ها برای صفات طول بلال، تعداد دانه در ردیف، قطر چوب بلال، عمق دانه، تعداد کل برگ، برگ‌های بالاتر بلال، ارتفاع بلال، ارتفاع بوته، وزن بلال و عملکرد دانه بیشتر بود که نشان‌دهنده مشارکت بالاتر تسترها به سمت GCA برای این صفات می‌باشد. نتایج این مطالعه نشان داد که واریانس SCA در مقایسه واریانس GCA برای همه صفات مورد مطالعه بیشتر بود. در بین صفات مورد مطالعه بیشترین میزان واریانس GCA مربوط به صفت ارتفاع بلال (۵/۳۱) و کمترین آن مربوط به صفت عمق دانه (۰/۰۰۶) بود. همچنین بیشترین و کمترین میزان واریانس SCA به‌ترتیب مربوط به ارتفاع بوته (۸۳/۶۵) و وزن بلال (۰/۰۱۱)

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

بودند. اثرات افزایشی ژن‌ها نسبت به اثرات غیرافزایشی آن‌ها در کنترل ژنتیکی صفاتی مانند ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، موقعیت بلال، عملکرد دانه با اهمیت‌تر هستند (Haydar, 2020). نقش هر دو اثرات افزایشی و غیرافزایشی برای صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه گزارش شد (Barzgari *et al*., 2022).

نحوه عمل ژن، بر اساس نسبت واریانس ترکیب‌پذیری عمومی به خصوصی (σ^2 GCA/ σ^2 SCA) محابسه شد (جدول ۳). در صورتی که این نسبت بزرگتر از یک باشد، نشان‌دهنده واریانس ژنتیکی افزایشی و در صورت کمتر بودن از یک، نشان‌دهنده اهمیت واریانس ژنتیکی غیرافزایشی می‌باشد. نسبت واریانس ترکیب‌پذیری عمومی به خصوصی برای کلیه صفات مورد مطالعه کمتر از یک بود (جدول ۳) که نشان‌دهنده بیشتر بودن اثرات غیر افزایشی در مقایسه با اثرات افزایشی می‌باشد. بیشترین میزان نسبت واریانس GCA/SCA مربوط به صفت ارتفاع بوته (۰/٤۸۷) بود که با نتایج آزمایش سایر پژوهشگران مطابقت داشت (Attia *et al*., 2013; El-Badawy, 2012).

با محاسبه نسبت واریانس GCA/SCA نشان داده شده است که نقش جز غیرافزایشی واریانس ژنتیکی در وراثت صفات تعداد ردیف در بلال، طول بلال و عملکرد دانه بیشتر و مهم‌تر بوده است و مقدار این نسبت برای صفات فوق به ترتیب (۰/۱۸، ۰/٤٥ و ۰/۱٤) برآورد شده است (Aliu *et al*., 2016). نسبت واریانس GCA به SCA برای صفات ارتفاع بوته، وزن صد دانه، قطر بلال، بلال در بوته، وزن بلال، تعداد دانه در ردیف و عملکرد دانه در بوته نشان‌دهنده سهم بیشتر اثرات افزایشی ژن‌ها نسبت به اثرات غیرافزایشی آن‌ها در کنترل صفات مذکور می‌باشد (Moradi, 2014).

واریانس ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه به واریانس افزایشی و واریانس غالبیت تفکیک شد (جدول ۳). مقدار واریانس افزایشی تمامی صفات مورد مطالعه، کمتر از واریانس غالبیت بود. بیشترین میزان واریانس افزایشی متعلق به صفت ارتفاع بوته (۸۱/٤۲) بود. بیشترین و کمترین میزان واریانس غالبیت به‌ترتیب به صفات ارتفاع بوته (۸۳/٦٥) و وزن بلال (۰/۰۱۱) تعلق داشت. در مطالعاتی در ذرت گزارش شده است که واریانس‌های افزایشی برای همه صفات کوچکتر از واریانس‌های غالبیت می‌باشد که دلالت بر عدم وجود عملکرد ژن افزایشی در وراثت این صفات دارد (Al-Naggar *et al*., 2021; Yang *et al*., 2019).

تخمین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی

میزان وراثت‌پذیری بسته به رفتار ژنتیکی ژنوتیپ‌ها برای صفات مختلف متفاوت است. در این مطالعه، دامنه وراثت‌پذیری عمومی از ۹۲/۱۲ تا ۹۹/٥٦ درصد متغیر و به‌ترتیب به صفات تعداد ردیف بلال و طول بلال متعلق بود (جدول ۳) که می‌تواند نشان‌دهنده کم بودن واریانس محیطی در این بررسی و اهمیت بسیار بیشتر واریانس ژنتیکی نسبت به واریانس محیطی باشد. با این وجود به‌علت انجام آزمایش در یک سال، احتمالاً بخشی از واریانس ژنتیکی، مربوط به واریانس اثر برهمکنش ژنوتیپ × محیط است. همچنین عدم تعادل در پیوستگی ژن‌ها نیز بخشی از تفاوت در برآورد وراثت‌پذیری صفات را توجیه می‌کند.

اثر ژن در این صفات غالبیت نسبی بوده به همین جهت مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برآورده شده در این صفات نیز صفر می‌باشد. اما مقدار وراثت‌پذیری عمومی آن‌ها یعنی تعداد ردیف در بلال (۹۲/۱۲ ٪)، تعداد برگ کل (۹۸/۳٥ ٪) و برگ‌های بالای بلال (۹۸/۷۸ ٪) بالای ۹۰٪ بود که با توجه صفر بودن واریانس افزایشی در اکثر صفات مورد بررسی (جدول ٥)، حاکی از بیشتر بودن بخش غالبیت واریانس ژنتیکی به واریانس فنوتیپی می‌باشد. به طور کلی اختلاف بسیار زیاد بین اعداد وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی بازگوکننده بزرگی اثرات غالبیت در کنترل صفات است و امید می‌رود اثر دیگری از هتروزیس در تهیه هیبرید و ارزش عملکردی افزوده و قابل توجهی در این رابطه ایجاد نماید. اگر ارزش وراثت‌پذیری عمومی نسبتاً کم باشد، تنوع ژنتیکی جمعیت نیز بسیار کم خواهد بود (Usman *et al*., 2017). در بررسی ترکیب‌پذیری ذرت با استفاده از روش لاین × تستر، نقش اثرات غیرافزایشی در کنترل صفات قطر بلال، ارتفاع بلال، تعداد ردیف بلال و تعداد دانه در ردیف گزارش شده است (Mousa *et al*., 2021).

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

به‌طور کلی درصد وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات مورد مطالعه، متوسط بود و از صفر برای صفات تعداد ردیف، تعداد کل برگ و برگ‌های بالای بلال تا ٤٨/٩٢ برای ارتفاع بوته تفاوت داشت (جدول ٣). بیشترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به‌ترتیب به صفات ارتفاع بوته، قطر چوب بلال و وزن بلال تعلق داشت. نتایج این پژوهش نشان داد که میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات قابلیت پنجه‌زنی، ردیف دانه، عمق دانه، قطر ساقه، تعداد کل برگ، برگ‌های بالای بلال و عملکرد دانه در مقایسه با وراثت‌پذیری عمومی بسیار کم بود. این مطلب بیانگر بالا بودن اثرات غیرافزایشی برای این صفات است. بنابراین می‌توان آن را برای استفاده از اصلاح هیبرید دستکاری نمود. در مقابل صفاتی چون ارتفاع بوته، وزن بلال، قطر چوب بلال، قطر بلال، طول بلال که وراثت‌پذیری خصوصی بزرگی داشتند، بیانگر مهم‌تر بودن نقش عمل ژن‌های افزایشی در آن‌ها است که سبب بهبود گزینش برای این صفات می‌گردد (Kouago *et al.*, 2024; Li *et al.*, 2022; Shrestha *et al.*, 2023).

در مطالعه حاضر مقادیر قابلیت وراثت‌پذیری خصوصی با استفاده از روش لاین×تستر برای صفات ارتفاع بوته، قطر چوب بلال، وزن بلال و قطر بلال به‌ترتیب ٤٨/٩٢، ٤٤/٥٨، ٣٥/٤٥ و ٢٧/٨٧ درصد برآورده شده است. لذا به نظر می‌رسد گزینش به‌منظور افزایش صفات مذکور با قابلیت توارث خصوصی بالا می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد. به‌عبارت دیگر با توجه به سهم بالای اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل صفات ارتفاع بوته، قطر چوب بلال، وزن بلال و قطر بلال و همچنین بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی این صفات، می‌توان از روش‌های اصلاحی مبتنی بر سلکسیون و گزینش مستقیم برای رسیدن به ارقام با صفات ارتفاع بوته، قطر چوب بلال، وزن بلال و قطر بلال بیشتر استفاده کرد. با استفاده از روش تجزیه لاین×تستر در ذرت فوق شیرین، مقدار وراثت‌پذیری عمومی بالا برای کلیه صفات، و مقدار وراثت‌پذیری خصوصی کم یا متوسط را برای اکثر صفات گزارش شده است که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد (Rahmani *et al.*, 2023). در یک مطالعه دامنه تغییرات وراثت‌پذیری خصوصی را در بازه ٢/٤٠ درصد برای درصد رطوبت دانه تا ٣١/٣٩ درصد برای عملکرد دانه برآورد کردند که در مجموع وراثت‌پذیری تمامی صفات تحت مطالعه پایین بود، که علت آن می‌تواند ناشی از تاثیر اثرات غیرافزایشی ژن‌ها باشد(Hosseini *et al.*, 2021).

هتروزیس

نتایج هتروزیس مشاهده شده در بین هیبریدها نسبت به میانگین والدین (شکل ١) و والد برتر (شکل ٢) نشان داد که درصد هتروزیس میانگین والدین برای صفت عملکرد دانه در محدوده ١٦/٥٧-تا ٤١/٦٧ درصد بود و هتروزیس والد برتر از ٣٤/٦٧- تا ١٥/١٨ درصد می‌باشد. کمترین هتروزیس میانگین والدین (٤١/٣٥-درصد) و هتروزیس والد برتر (٥٣/٩٢-درصد) به‌ترتیب برای صفت قابلیت پنجه‌زنی در هیبرید Pwrhs×ks/1-13 مشاهده شد. همچنین بیشترین هتروزیس میانگین والدین (١٤٩/١٠ درصد) و والد برتر (٩٨/١٦ درصد) برای صفت قابلیت پنجه‌زنی در هیبرید Swry×ks/1-13 شناسایی شد. در پژوهشی بیشترین درصد هتروزیس منفی مربوط به هیبرید P4×P6 (٢٢/٨٦- درصد و ٢٢/١٧- درصد) نسبت به میانگین والدین و والد برتر بود (Attia *et al.*, 2015).

هیبریدهای Swry×ks/1-13 و Mrt-4×S-1263 به‌ترتیب دارای رشد عالی (هتروزیس) نسبت به میانگین والدین با میزان‌های ١٤٩/١٠ و ١٢٦/٥٠ درصد بودند که بیانگر افزایش ٤٩/١٠ و ٢٦/٥٠ درصدی نسبت به میانگین والدین می‌باشد. هیبریدهای Swry×ks/1-13 (٤١/٦٧ درصد)، Swry×S-1263 (٤٩/٣٥ درصد)، Mrt-4xS-1263 (٣١/٣٧ درصد)، Swry×Mrt-3 (١٧/٩٢ درصد) و Pwrhs×ks/1-13 (١٠/٨٨ درصد) دارای هتروزیس میانگین والدین بالای ١٠ درصد برای صفت عملکرد دانه بودند. همچنین هتروزیس والد برتر برای هیبریدهای Swry×Mrt-3(١٥/١٨ درصد)، Swry×S-1263 (١٤/٤٦ درصد) و Swry× ks/1-13 (١٣/٧٧ درصد) بالای ١٠ درصد برای عملکرد دانه بودند. بنابراین این هیبریدها دارای هتروزیس قابل قبول برای افزایش عملکرد هستند. تلاقی لاین Pwrhs با تسترهای ks/1-13 ، Mrt-3 و S-1263 نتوانست باروری کافی برای هیبریدهای حاصل ایجاد کند و هتروزیس مورد انتظار حاصل نشد. تلاقی لاین Swry با تسترهای ks/1-13، Mrt-3 و S-1263 برای اکثریت هیبریدهای مورد انتظار باروری کافی ایجاد کرد.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

جدول ۳- برآورد پارامترهای ژنتیکی واریانس، اثرات GCA و SCA برای ۱۵ صفت مورد مطالعه در ذرت شیرین

Table3. Estimates genetic parameters variance, GCA and SCA effects for 15 studied traits in sweet maize.

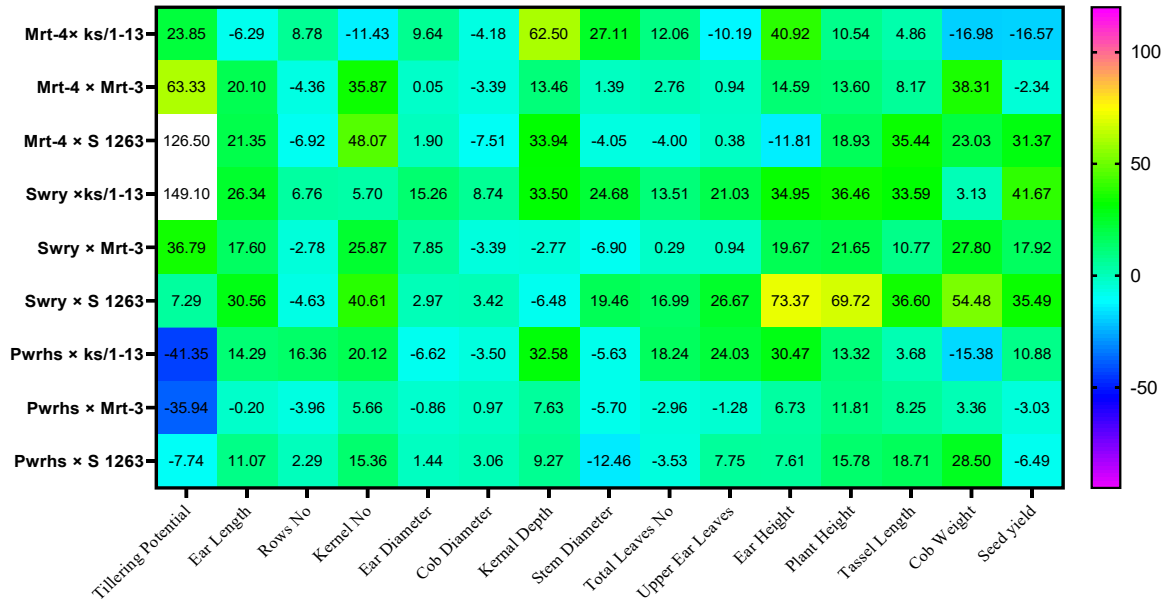
Studied traits	*lines variance*	*Tester variance*	GCA *variance*	SCA *variance*	GCA *variance* / SCA *variance*	Additive *variance*	Dominance *variance*	Broad sense Heritability (٪)	Narrow sense Heritability (٪)
Tillering Potential	0.0018	-0.006	0.0032	0.0228	0.123	0.000097	0.022	99.38	0.43
Ear Length	1.17	2.61	0.691	2.91	0.12	1.38	2.91	99.56	23.09
Rows No	0.010	-0.064	-0.003	0.227	-0.014	0.00	0.227	92.12	0.00
Kernel No.	0.543	16.032	1.89	20.14	0.094	3.78	20.14	99.13	15.66
Ear Diameter	0.994	-0.034	0.347	1.713	0.202	0.694	1.713	96.66	27.87
Cob Diameter	0.455	2.339	0.408	0.906	0.450	0.816	0.906	94.05	44.58
Kernel Depth	-0.002	0.067	0.006	0.435	0.014	0.012	0.435	95.67	2.66
Stem Diameter	0.624	-0.529	0.164	2.372	0.049	0.328	3.372	98.86	8.78
Total Leaves No	-0.032	0.070	-0.004	0.613	-0.007	0.00	0.613	98.35	0.00
Upper Ear Leaves	-0.006	-0.014	-0.003	0.232	0.015	0.00	0.233	98.78	0.00
Ear Height	5.497	37.462	5.31	47.354	0.125	11.813	47.35	98.88	19.74
Plant Height	50.098	217.51	40.71	83.65	0.487	81.42	83.65	99.17	48.92
Tassel Length	4.400	-3.145	1.220	10.08	0.121	2.44	10.08	99.13	19.31
Ear Weight	0.003	0.020	0.003	0.011	0.282	0.006	0.011	98.27	35.45
Kernel Yield	0.952	4.410	0.803	9.832	0.082	1.606	9.832	97.65	13.71

بیشترین میزان هتروزیس میانگین والدین (٦٩/٧٢ درصد) و هتروزیس والد برتر (٣٧/٢٣ درصد) برای صفت ارتفاع بوته در هیبرید Swry×S-1263 ایجاد شدند. بیشترین میزان هتروزیس میانگین والدین برای صفات تعداد دانه، طول تاسل و وزن بلال به ترتیب٤٨/٠٧ درصد، ٣٦/٦٠ درصد و ٥٤/٤٨ درصد بودند. همچنین در این مطالعه مشاهده شد که بیشترین هتروزیس والد برتر برای صفات تعداد دانه، ارتفاع بلال و وزن دانه به ترتیب ٤٢/٣٨ درصد، ٣٤/٣٨ درصد و ٣٥/٧٦ درصد بودند. بطور کلی در این آزمایش لاین Pwrhs با تستر Mrt-3 برای اکثریت صفات مورد مطالعه ضعیف‌ترین هیبریدهای مورد انتظار را ایجاد کرد. در مطالعه‌ای بر روی ذرت، بیشترین هتروزیس را نسبت به والد برتر برای ارتفاع بوته و عملکرد دانه ٢٦/٣٣ و١٥/٦٠ درصد گزارش کردند (Matin *et al*., 2016). در تحقیقی دامنه هتروزیس مثبت در بین هیبریدها از ٤/٠٢ مربوط به هیبرید DMR-N21 × IC-32809 تا ٥/٤٦ مرتبط به هیبرید LM-13 × IC32809 گزارش دادند (Darshan *et al*., 2019) در این مطالعه هیبریدهای Mrt-4×Mrt-3 برای صفت قابلیت پنجه‌زنی، هیبرید Mrt-4×ks/1-13 برای عمق دانه، و هیبرید Swry×ks/1-13 برای صفات ارتفاع بلال و ارتفاع بوته درصد هتروزیس یا رشد هیبرید عالی در مقایسه با میانگین والدین بیش از ٦٠ درصد را نشان دادند. همچنین هیبریدهای Mrt-4×S-1263 و Swry×ks/1-13 برای صفت قابلیت پنجه‌زنی و هیبرید Mrt-4×ks/1-13 برای صفت عمق دانه هتروزیس بیش از ٥٩ درصد را نسبت به والد برتر نشان دادند.

در گیاه ذرت، صفات تعداد دانه در ردیف، وزن دانه و عملکرد دانه تحت تأثیر عوامل مختلف ژنتیکی و ترانسکریپتومی قرار میگیرد (Wang *et al.*, 2023). از طرفی هتروزیس با بیان ژن‌های افزایشی و ژن‌های غیرافزایشی همراه است (Wang *et al.*, 2023).

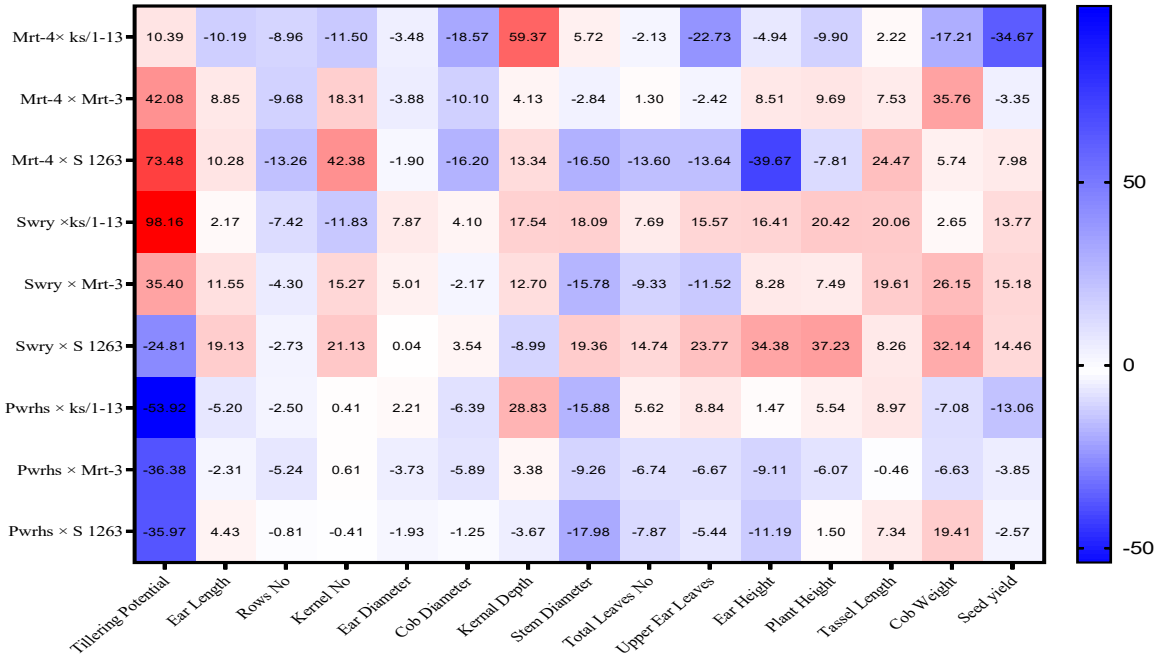
[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]



شکل ۱–نقشه دمایی درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین در ۱۵ صفت زراعی ذرت شیرین در هر ترکیب تلاقی. قابلیت پنجه‌زنی؛ طول بلال؛ تعداد ردیف در بلال؛ تعداد دانه در ردیف؛ قطر بلال؛ قطر چوب بلال؛ عمق دانه؛ قطر ساقه؛ تعداد کل برگ؛ تعداد برگ‌های بالای بلال؛ ارتفاع بلال؛ ارتفاع گیاه؛ طول تاسل؛ وزن بلال و عملکرد دانه.

Fig. 1- Heatmap of the percentage of heterosis relative to the average of the parents in 15 sweet corn agronomic traits in each cross combination. Tillering Potential; Ear Length; Rows No; Kernel No.; Ear Diameter; Cob Diameter; Kernel Depth; Stem Diameter; Total Leaves No; Upper Ear Leaves; Ear Height; Plant Height; Tassel Length; Ear Weight; and Kernel Yield.



شکل ۲– نقشه دمایی درصد هتروزیس نسبت به والد برتر در ۱۵ صفت زراعی ذرت شیرین در هر ترکیب تلاقی. قابلیت پنجه‌زنی؛ طول بلال؛ تعداد ردیف در بلال؛ تعداد دانه در ردیف؛ قطر بلال؛ قطر چوب بلال؛ عمق دانه؛ قطر ساقه؛ تعداد کل برگ؛ تعداد برگ‌های بالای بلال؛ ارتفاع بلال؛ ارتفاع گیاه؛ طول تاسل؛ وزن بلال و عملکرد دانه.

Fig. 2- Heatmap of the percentage of heterosis relative to better parent in 15 sweet corn agronomic traits in each cross combination. Tillering Potential; Ear Length; Rows No; Kernel No.; Ear Diameter; Cob Diameter; Kernel Depth; Stem Diameter; Total Leaves No; Upper Ear Leaves; Ear Height; Plant Height; Tassel Length; Ear Weight; and Kernel Yield.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

برآورد اثرات قابلیت ترکیب‌پذیری

بین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری وجود داشت که سبب تجزیه ترکیب‌پذیری شده است، به‌طوری که اثرات ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها به ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی تقسیم شد. با توجه به معنی‌دار شدن gi (gi= the GCA effect of i^{th} parent) در دو جهت برای صفات، می‌توان اظهار داشت که والدین پتانسیل انتقال مقادیر بالا و پایین را برای هر صفت دارا می‌باشند. از این‌رو در مواردی که افزایش یا کاهش مقدار یک صفت مطلوب باشد بایستی به‌ترتیب مقادیر مثبت و منفی gi را در نظر گرفت (Lee *et al.*, 2005). به‌طور ویژه برای اصلاح هتروزیس، گزینش والدین با قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی بالا یک جزء ضروری در هر برنامه اصلاحی موفق به شمار می‌رود. اثرات ترکیب‌پذیری عمومی والدین و خصوصی هیبریدها در جدول ٤ آورده شده است. لاین Pwrhs و تستر S-1263 به‌دلیل اثر منفی GCA برای این صفت نامطلوب می‌باشند. لاین Swry و تستر S-1263 به‌دلیل اثر GCA مثبت با مقادیر ٢/٨٤١ و١/٣٠٧ ترکیب‌شونده خوبی برای بهبود طول بلال بودند. همچنین لاین Mrt-4 و تستر ks/1-13 به‌دلیل اثر منفی GCA برای طول بلال نامطلوب هستند. در بین هیبریدهای مورد بررسی، هیبرید Swry×S-1262 (٠/١٥١-) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بود که اثر کاهنده روی قابلیت پنجه‌زنی در برنامه‌های به‌نژادی ذرت دارد (Mboup *et al.*, 2023; Sedhom *et al.*, 2024).

برای صفت طول بلال، لاین Swry (٢/٨٤١) دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و تستر ks/1-13 (٢/١٧٠-) دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی بودند (جدول ٤). معادل ٥٥/٥٦ درصد هیبریدها، ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و ٥٤/٥٦ درصد از هیبریدها دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بودند. بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت مربوط به هیبرید Mrt-3×Mrt-4 (١/٨٣٧) برای صفت طول بلال بود. همچنین ضعیف‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی منفی برای طول تاسل و مربوط به هیبرید Mrt-4 × ks/1-13 (١/٩٩٦-) بود.

برای صفت تعداد ردیف دانه در بلال، لاین Mrt-4 و تسترهای Mrt-3 و S-1263 دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت بودند که می‌توانند جهت افزایش تعداد ردیف دانه در بلال در برنامه‌های به‌نژادی ذرت استفاده شوند. این لاین‌ها به دلیل اثرات افزایشی ژن‌ها سبب افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی می‌شوند و پاسخ به گزینش را بالا می‌برند. همچنین با توجه به نقش تعیین‌کننده اثر افزایشی در کنترل تعداد ردیف دانه در بلال پیدا کردن لاین‌هایی که دارای ترکیب‌پذیری عمومی بالایی برای این صفت می‌باشند، می‌توانند در تهیه هیبریدهای با تعداد ردیف دانه در بلال مفید باشد (Kamara *et al.*, 2024; Sedhom *et al.*, 2024).

در این مطالعه لاین‌های Pwrhs (٠/١٨٥) و Swry (٢/٩٨٥) و تسترهای Mrt-3 (٢/٦٨٥) و S-1263 (٢/٨٣٠) برای تعداد دانه در ردیف بلال دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت بودند (جدول ٤). بدین ترتیب لاین Swry با ٢/٩٨٥ و تستر S-1263 با مقدار ٢/٨٣ بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی را نشان دادند. لذا می‌توان از این‌ها در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور افزایش تعداد دانه در ردیف استفاده کرد. همچنین چهار هیبرید (٤٤/٤٤ درصد) برای این صفت دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت بودند که بیشترین تعداد آن (٥/٥٨١) مربوط به هیبرید Pwrhs×ks/1-13 بود. لذا می‌توان از این هیبرید جهت بهره‌مندی از پدیده هتروزیس و روش تولید هیبریدها، جهت افزایش تعداد دانه در ردیف استفاده نمود. پنج هیبرید (٥٥/٥٦ درصد) نیز دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بودند که کمترین مقدار آن (٤/٤٩٦-) مربوط به هیبرید Mrt-4×ks/1-13 می‌باشد.

در ارتباط با قطر بلال لاین‌های Mrt-4 و Swry و تسترهای Mrt-3 و S-1263 داری ترکیب‌پذیری عمومی مثبت بودند (جدول ٤). بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی جهت افزایش قطر بلال می‌توان از لاین‌های فوق الذکر به همراه تسترها با روش لاین×تستر استفاده نمود (El-sayed *et al.*, 2023). در بین هیبریدها، شش هیبرید (٦٦/٦٧ درصد) ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت داشتند که بیشترین مقدار آن (١/١٩١) مربوط به هیبرید Pwrhs×S-1263 بود. همچنین سه هیبرید دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی برای قطر بلال بودند که کمترین مقدارآن (١/٣٨٣-) مربوط به هیبرید Pwrhs×ks/1-13 بود.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

به شرط عدم کاهش وزن بلال،کاهش قطر چوب بلال می‌تواند باعث افزایش وزن دانه در بلال شده و مفید واقع شود. لاین‌های Mrt-4 (۱/۳۵۹) و Swry (۰/٤۲۹) دارای ترکیب‌پذیری مثبت و تستر ks/1-13 (۱/۸۱۲–) دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی بودند، بنابراین می‌توان از این لاین‌ها جهت کاهش قطر چوب بلال در برنامه‌های به‌نژادی سود جست. در بین تمامی هیبریدها، هیبریدهای Mrt-4×S-1263 (۰/۹۲۹–)، Pwrhs×ks/1-13 (۱/۰۳۷–) و Swry×Mrt-3 (۰/۷٤۷–) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بودند که کمترین مقدار (۱/۰۳۷–) مربوط به هیبرید Pwrhs×ks/1-13 بود. بنابراین از این تلاقی و سایر هیبریدهایی که دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی هستند، می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور تولید هیبرید جهت کاهش قطر چوب بلال استفاده نمود (Sedhom *et al.*, 2024; Singh *et al.*, 2022).

میزان ترکیب‌پذیری عمومی بین لاین‌های مورد مطالعه برای عمق دانه ۰/٤۲۷– تا ۰/۲۷۰ متغیر بود که به ترتیب به لاین‌های Pwrhs و Mrt-4 تعلق داشت. بیشترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی بین تسترها به تستر ks/1-13 (۰/٤۷۲) تعلق داشت. شش هیبرید دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت برای صفت عمق دانه بودند که بیانگر استفاده از هیبریدهای مذکور جهت افزایش عمق دانه و به طبع آن افزایش عملکرد می‌باشد. بیشترین میزان قدرت ترکیب‌پذیری خصوصی با مقدار ۰/۷۲۳ مربوط به هیبرید Swry×S-1262 بود. گزارش شده است که صفت عمق دانه در ذرت تحت تأثیر اثرات افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شود (Yousuf *et al.*, 2016).

دامنه قدرت ترکیب‌پذیری عمومی قطر ساقه در روش لاین×تستر از ۲/۰۲۲– تا ۲/۱۰۳ متغیر بود که به ترتیب به لاین‌هایPwrhs و Mrt-4 تعلق داشت. ضعیف‌ترین لاین و تستر در این پژوهش به‌ترتیب Pwrhs (۲/۰۲۲–) و S-1263 (۰/۸٦۰–) بودند. چهار هیبرید دارای قدرت ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت بودند که هیبرید Swry×S-1262 با ۱/٦۷۱ دارای بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت بود. ضعیف‌ترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفت قطر ساقه مربوط به هیبرید Swry× Mrt-3 (۱/٦۳۲–) بود.

لاین‌های Mrt-4 (۳/۷٤۱) و Swry (۳/۸۷٤) برای ارتفاع بلال دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و تسترهای ks/1-13 (۱/۱٤۸) و S-1263 (٦/٦۷۰–) دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی بودند. بنابراین این لاین‌ها همراه با تسترها بهترین ترکیب‌شونده‌های عمومی برای ارتفاع بلال به حساب می‌آیند. هیبریدهای Mrt-4×ks/1-13 (٤/۹۸۱)، Mrt-4×Mrt-3 (۳/۲۸۱)، Pwrhs×S-1263 (۰/٦۵۹) و Swry×S-1262 (۷/٦۰٤) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و هیبریدهای Mrt-4xS-1263 (۸/۲٦۳–)، Pwrhs×ks/1-13 (۰/۵٦۳–)، Pwrhs×Mrt-3 (۰/۰۹٦–)، Swry×ks/1-13 (٤/٤۱۹–) و Swry× Mrt-3 (۳/۱۸۵–) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بودند. ارتفاع زیاد بلال می‌تواند منجر به شکستن و خوابیدگی ساقه گردد و در نتیجه سبب افت عملکرد گردد. لذا کاهش ارتفاع بلال می‌تواند مفید باشد که برای این منظور استفاده از لاین‌هایی که دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی هستند، می‌توانند سبب افزایش سهم اثر افزایشی ژن‌ها شده و بازدهی انتخاب برای کاهش ارتفاع بلال را بهبود بخشد. بنابراین استفاده از هیبرید Mrt-4×S-1263 برای کاهش ارتفاع بلال در برنامه‌های به‌نژادی (دورگیری) می‌تواند سودمند باشد زیرا این هیبرید دارای کمترین ترکیب‌پذیری خصوصی منفی بود که این نتایج با نتایج ارایه شده در تحقیقات قبلی مشابهت داشت (Akhtar *et al.*, 2023; Mboup *et al.*, 2023; Sedhom *et al.*, 2024).

دامنه تغییرات ترکیب‌پذیری عمومی برای ارتفاع بوته بین ۱۷/۹۸۱– برای لاین Pwrhs تا ۱۷/۸۰۷ برای تستر Mrt- 3 متغیر بود (جدول ٤). در بررسی ترکیب‌پذیری عمومی ارتفاع بوته مشخص شد که لاین‌های Mrt-4 و Swry و تستر Mrt-3 دارای قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی مثبت بودند و ترکیب‌شوندهای خوبی از نظر این صفت هستند، که بیانگر این است که قابلیت انتقال این صفت توسط ترکیب لاین‌ها با تستر فوق وجود دارد اما از آنجا که کاهش ارتفاع بوته در ذرت همراه با افزایش تحمل به خوابیدگی ارقام و استحکام ساقه و در نتیجه بهبود عملکرد می‌باشد و اهداف مهم اصلاحی ذرت در این محسوب می‌شود، لاین Pwrhs و ks/1-13 و تستر S-1263 که دارای ترکیب‌پذیری منفی هستند، می‌توانند سبب پاکوتاهی در نتایج شوند. چهار هیبرید (٤٤/٤٤ درصد) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت بودند. ضعیف‌ترین هیبرید، SwryxS-1262 نام دارد که قدرت ترکیب‌پذیری خصوصی آن برای ارتفاع بوته ۱۱/۰۸۱ بود. پنج هیبرید (۵۵/۵٦ درصد) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی برای ارتفاع بوته بودند که قوی‌ترین هیبرید برای برنامه‌های اصلاحی ارتفاع بوته هیبرید Swry×Mrt-3 (۹/٦۹٦–) بود که

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

کمترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی منفی را بخود اختصاص داد. در تحقیقی، استفاده از هیبریدهایی که دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی می‌باشند، در برنامه‌های به‌نژادی (دورگ‌گیری) برای کاهش ارتفاع گیاه می‌توان استفاده کرد (El-sayed *et al.*, 2023).

دامنه تغییرات ترکیب‌پذیری عمومی برای طول تاسل بین ٤/٨٨٩- برای لاین Pwrhs تا ٥/١٧٨ برای لاین Swry متغیر بود (جدول ٤). در بین تسترهای مورد استفاده، تستر S-1263 دارای بیشترین (٠/٥٤٤) ترکیب‌پذیری عمومی مثبت بود. ضعیف‌ترین طول تاسل که دارای ترکیب-پذیری خصوصی منفی بودند، به هیبرید Mrt-4×ks/1-13 (٢/٧٨٩-) تعلق داشت. لاین‌های Mrt-4 و Swry و تسترهای Mrt-3 و S-1263 دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت برای وزن بلال بودند (جدول ٤). بیشترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی مربوط به تستر Mrt-3 (٠/١٣) و کمترین میزان آن مربوط تستر ks/1-13 (٠/١٧٤-) بودند. هیبریدهای Mrt-3×Mrt-4 (٠/١٤٢)، Pwrhs×ks/1-13 (٠/٠٥٤)، PwrhsxS-1263 (٠/٠٢٩)، Swry×ks/1-13 (٠/٠٠٨) و Swry×S-1262 (٠/٠٥٠) دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت بودند. ضعیف‌ترین هیبرید برای ترکیب-پذیری خصوصی برای وزن بلال هیبرید Pwrhs×Mrt-3 با میزان٠/٠٨٣- بود.

دامنه تغییرات ترکیب‌پذیری عمومی عملکرد دانه بین ٣/١٩٩- برای تستر ks/1-13 تا ٣/٢٥١ برای لاین Swry متغیر بود (جدول ٤). ترکیب-پذیری عمومی برای لاین Swry (٣/٢٥١) و تسترهای Mrt-3 (١/٢٨١) و S-1263 (١/٩١٩) در جهت مثبت و برای لاین‌های Mrt-4 (٢/٠٧٨-) و Pwrhs (١/١٧٢-) و برای تستر ks/1-13 (٣/١٩٩-) در جهت منفی بود که نشان‌دهنده نقش بیشتر واریانس افزایشی ژن‌ها در عملکرد لاین-ها و تسترهای مزبور در این پژوهش می‌باشد. بنابراین می‌توان از لاین Swry (٣/٢٥١) و تسترهای Mrt-3 (١/٢٨١) و S-1263 (١/٩١٩) که دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت هستند جهت بالا بردن واریانس ژنتیکی افزایشی ژن‌ها استفاده کرد. دامنه ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها برای عملکرد دانه بین ٣/٨٤٤- برای تلاقی Mrt-4×ks/1-13 تا ٣/٢٢٢ برای هیبرید Mrt-4×S-1263 متغیر بود (جدول ٤). استفاده از هیبریدهای Mrt-4×S-1263 (٣/٢٢٢)، Swry×ks/1-13 (٢/٥١٤)، Pwrhs×ks/1-13 (١/٣٣٠) و Mrt-4×Mrt-3 (٠/٦٢٣) که دارای ترکیب-پذیری خصوصی مثبت می‌باشند، در برنامه‌های به‌نژادی می‌تواند سبب افزایش واریانس غیرافزایشی ژن‌ها شده و به تهیه هیبرید برتر کمک کنند. گزارش شده است لاین‌هایی که ارزش ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی را نشان می‌دهند، می‌توانند در برنامه اصلاحی هیبریدی مورد استفاده قرار گیرند (Kamal *et al.*, 2023). برخی از پژوهشگران در مطالعات جداگانه خود روی ذرت اثرات معنی‌دار و مطلوب را برای عملکرد دانه و سایر صفات مرتبط با استفاده از تجزیه لاین×تستر گزارش دادند که بیانگر تمایل هیبریدها به بهبود عملکرد دانه می‌باشد (Habiba *et al.*, 2022; Mousa *et al.*, 2021).

نتیجه‌گیری: هر چه والدین تنوع ژنتیکی بیشتری داشته باشند، شانس به دست آوردن بیان هتروتیکی بالاتر در F_1 ها و طیف گسترده‌ای از تنوع در جمعیت در حال تفکیک بیشتر می‌شود. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه تفاوت‌های معنی‌داری وجود دارد که بیانگر تنوع ژنتیکی کافی جهت اجرای برنامه‌های اصلاحی و ایجاد ارقام مناسب می‌باشد. معنی‌دار شدن اثر لاین و تستر برای برخی از صفات حاکی از نقش واریانس افزایشی ژنی می‌باشد که ناشی از اختلاف ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) لاین‌ها و تسترهاست. همچنین معنی‌دارشدن اثر برهمکنش لاین×تستر برای تمامی صفات مورد مطالعه ناشی از وجود اختلاف بین ترکیب‌پذیری‌های خصوصی هیبریدها است که بیانگر نقش واریانس ژنتیکی غیرافزایشی در کنترل صفات مورد مطالعه می‌باشد. نسبت واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) به خصوصی (SCA) در این پژوهش برای همه صفات کمتر از یک بود که نشان‌دهنده نقش مهم‌تر اثرات غیرافزایشی نسبت به اثرات افزایشی می‌باشد. همچنین با توجه به بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی در اکثریت صفات مورد مطالعه، روش‌های اصلاحی این صفات از دو روش گزینش و دورگ‌گیری به صورت توأم می‌تواند جهت بهبود صفات در هیبریدها بیشتر مؤثر واقع شود؛ به این معنی که لاین‌های اینبردی که در دورگ‌گیری به کار می‌روند، بایستی قبلاً از یک جمعیت آزادگرده‌افشان یا یک جمعیت سینتتیک مورد گزینش قرار گیرند. بیشترین سهم نسبی تنوع در روش لاین×تستر مربوط به لاین‌ها با میزان ٧٨/٢٨ درصد به صفت طول تاسل تعلق داشت. همچنین کمترین

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

میزان سهم نسبی تنوع در این روش به تستر با میزان ۰/۷۸ درصد در صفت طول تاسل تعلق داشت که می‌توان این سهم‌های متفاوت تنوع را نسبت به رفتارهای ژنتیکی متفاوت لاین‌ها و تسترها نسبت داد.

جدول ٤- برآورد اثرات ترکیب‌پذیری GCA و SCA بر ۱۵ صفت مطالعه شده در ژنوتیپ‌های ذرت شیرین.

Table4. Estimates genetic combining effects GCA and SCA on 15 studied traits in sweet maize geneotyes.

Combining effects	Row	Parents and Confluence	Tillering Potential	Ear Length	Rows No	Kernel No.	Ear Diameter	Cob Diameter	Kernel Depth	Stem Diameter
					Line					
GCA	1	Mrt-4	0.045	-2.315	0.370	-3.170	1.898	1.359	0.270	2.103
	2	Pwrhs	-0.146	-0.526	-0.363	0.185	-2.642	-1.788	-0.427	-2.022
	3	Swry	0.101	2.841	-0.007	2.985	0.744	0.429	0.157	-0.081
		S.E. (GCA)	0.004	0.069	0.069	0.229	0.144	0.165	0.071	0.103
		S.E. (gi – gj (the GCA effect of j^{th} parent))	0.008	0.097	0.097	0.324	0.203	0.233	0.101	0.146
					Tester					
	1	ks/1-13	0.013	-2.170	-0.141	-5.515	-0.867	-1.812	0.472	0.663
	2	Mrt-3	0.034	0.863	0.015	2.685	0.445	1.369	-0.462	0.197
GCA	3	S-1263	-0.047	1.307	0.126	2.830	0.423	0.443	-0.010	-0.860
		S.E. (GCA)	0.007	0.080	0.079	0.265	0.166	0.190	0.082	0.119
		S.E. (gi - gj)	0.01	0.112	0.112	0.375	0.235	0.269	0.116	0.168
					Cross Combination					
	1	Mrt-4 × ks/1-13	-0.129	-1.996	0.452	-4.496	0.681	0.403	0.139	1.370
	2	Mrt-4 × Mrt-3	0.046	1.837	0.163	2.904	-0.821	0.525	-0.673	0.140
	3	Mrt-4 × S- 1263	0.083	0.159	-0.615	1.593	0.141	-0.929	0.535	-1.510
	4	Pwrhs × ks.1-13	-0.052	1.448	-0.148	5581	-1.383	-1.037	-0.173	-1.331
	5	Pwrhs × Mrt-3	-0.015	-1.085	-0.237	-2.552	0.192	0.222	-0.015	1.492
SCA	6	Pwrhs ×S-1263	0.067	0.363	0.385	-3.030	1.191	0.815	0.188	-0.161
	7	Swry × ks/1-13	0.181	0.548	-0.304	-1.085	0.702	0.633	0.034	-0.039
	8	Swry × Mrt-3	-0.031	-0.752	0.074	-0.352	0.630	-0.747	0.688	-1.632
	9	Swry × S-1263	-0.151	0.204	0.230	1.437	-1.331	0.114	0.723	1.671
		S.E. (SCA)	0.012	0.138	0.137	0.459	0.288	0.330	0.142	0.206
		S.E. (Sij - Skl)	0.017	0.195	0.194	0.649	0.408	0.467	0.201	0.291

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

Table4 Continued. ادامه جدول ٤

Combining effects	Row	Parents and Confluence	Total Leaves No	Upper Ear Leaves	Ear Height	Plant Height	Tassel Length	Ear Weight	Kernel Yield
				Line					
	1	Mrt-4	0.207	-0.241	3.741	2.963	-0.289	0.015	-2.078
	2	Pwrhs	0.007	0.204	-7.615	-17.981	-4.889	-0.144	-1.172
GCA	3	Swry	-0.215	0.037	3.874	15.019	5.178	0.128	3.251
		S.E. (GCA)	0.050	0.026	0.410	0.587	0.165	0.009	0.262
		S.E. (gi - gj)	0.071	0.037	0.579	0.830	0.234	0.012	0.371
				Tester					
	1	ks/1-13	0.174	-0.16	-1.148	-11.737	-0.100	-0.174	-3.199
	2	Mrt-3	0.419	0.293	7.819	17.807	-0.444	0.130	1.281
GCA	3	S-1263	-0.593	-0.130	-6.670	-6.070	0.544	0.044	1.919
		S.E. (GCA)	0.058	0.030	0.473	0.678	0.191	0.010	0.303
		S.E. (gi - gj)	0.082	0.043	0.669	0.959	0.270	0.015	0.428
				Cross Combination					
	1	Mrt-4 × ks/1-13	0.037	-0.459	4.981	-1.263	-2.789	-0.062	-3.844
	2	Mrt-4 × Mrt-3	0.593	0.485	3.281	5.459	-0.111	0.142	0.623
	3	Mrt-4 × S-1263	-0.630	-0.026	-8.263	-4.196	2.90	-0.080	2.514
	4	Pwrhs × ks/1-13	0.537	0.463	-0.563	2.648	-0.556	0.054	1.330
	5	Pwrhs × Mrt-3	-0.241	-0.193	-0.096	4.237	2.156	-0.083	-0.530
SCA	6	Pwrhs × S-1263	-0.296	-0.270	0.659	-6.885	-1.60	0.029	-0.801
	7	Swry × ks/1-13	-0.574	-0.004	-4.419	-1.385	3.344	0.008	3.222
	8	Swry × Mrt-3	-0.352	-0.293	-3.185	-9.696	2.044	-0.059	-0.093
	9	Swry × S-1263	0.926	0.296	7.604	11.081	-1.30	0.050	-2.421
		S.E. (SCA)	0.101	0.053	0.819	1.174	0.331	0.018	0.524
		S.E. (Sij - Skl)	0.142	0.075	1.159	1.660	0.468	0.025	0.741

در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه لاین Swry و تسترهای S-1263 و ks/1-13 از لحاظ صفات مورد مطالعه، ترکیب‌شونده‌های خوبی بودند. همچنین هیبریدهای Swry×ks/1-13، Swry×S-1263 و Mrt-4×S-1263 در بین ترکیبات ارقام ذرت، جزو ترکیبات برتر بودند و می‌توان از والدین آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی تولید ارقام هیبرید استفاده کرد.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

منابع

References

Abdel-Moneam, M. A., Sultan, M., Abido, W. A., Hadházy, Á., Sadek, S., & Shalof, M. (2020). Investigation of combining ability and superiority percentages for yield and some related traits in yellow maize using line× tester analysis. Acta Agraria Debreceniensis, 2020 (1), 5-14. **https://doi.org/10.34101/actaagrar/1/4144**

Akhtar, S., Mekonnen, T. W., Mashingaidze, K., Osthoff, G., & Labuschagne, M. (2023). Heterosis and combining ability of iron, zinc and their bioavailability in maize inbred lines under low nitrogen and optimal environments. Heliyon, 9 (3), e14177. **doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e14177**

Al-Naggar, A., Shabana, R., Hassanein, M., Elewa, T., Younis, A., & Metwally, A. (2017). Line× tester analysis for yield, agronomic and physiologic traits under elevated plant density in maize. Journal of Applied Life Sciences International, 13 (2), 1-18. **doi.org/10.9734/JALSI/2017/35508**

Al-Naggar, A. M. M., Al-Azab, K. F., Younis, A. S. M., Hassan, I. O., Basyouny, M. A. E., & Ayaad, M. (2021). Genetic parameters controlling the inheritance of glaucousness and yield traits in bread wheat. Braz J Biol, 82, e253864. **doi.org/10.1590/1519-6984.253864**

Aliu, S., Rusinovci, I., Fetahu, S., & Rozman, L. (2016). The combining ability of maize (*Zea mays* L.) inbred lines for grain yield and yield components. Poljoprivreda i Sumarstvo, 62 (1), 295. **doi.org/10.17707/AgricultForest.62.1.33**

Attia, A. N. E., Badawi, M. A., Salama, A. M., Abdel - Moneam, M. A., & Leilah, A. A. A. (2013). Combining ability and heterosis for maize grain yield and some agronomic characters. Journal of Plant Production, 4 (4), 551-560. doi.org/10.21608/jpp.2013.72425

Attia, A. N., Sultan, M. S., Badawi, M. A., Abdel–Moneam, M. A., & Al-Rawi, A. R. M. (2015). Estimation of combining ability and heterosis for some maize inbred lines and its single crosses. Journal of Plant Production, 6(1), 83-98. **doi:**10.21608/jpp.2015.49280

Barzgari, A., Saeed, M. S., Saeed, K, K., & Farajollah, S, A. (2022). Study on Combining Ability and Gene Effects Estimation in Some Sweet Corn Inbred Lines (Zea mays L. var saccarata) by Line × Tester Method. Plant Genetic Researches, 8(2), **doi:10.52547/pgr.8.2.10**

Darshan, S. S., & Marker, S. (2019). Heterosis and combining ability for grain yield and its component characters in quality protein maize (Zea mays L.) hybrids. Electronic Journal of Plant Breeding, 10(1), 111-118. **doi:**10.5958/0975-928X.2019.00013.9

Eidi Kohnaki, M., kiani, g., Alizadeh, B., Nemat Zadeh, G. A., & Amiri Oghan, H. (2021). Study of Silique Shattering Tolerance Genetic and Related Traits in Winter Oilseed Rape Genotypes Using Diallel Cross Method. Plant Productions, 44 (1), 65-76. **doi.org/10.22055/ppd.2019.28332.1714**

El-Badawy, M. E. M. (2012). Heterosis and combining ability in maize using diallel crosses among seven new inbred lines. Journal of Plant Production, 3 (6), 2029-2044. **doi.org/10.21608/jpp.2012.84296**

El-sayed, A., El-hennawy, M., El-Beially, I., & Zaazaa, E. (2023). Heterosis and combining ability for yield and its contributing traits in yellow maize. Archives of Agriculture Sciences Journal, 6 (2), 229-243. **doi.org/10.21608/aasj.2023.201759.1145**

El-sheikh, M. O. A., El-aref, K. A. O., Abd-Haleem, S. H. M., & Ahmed, B. H. (2024). Combining ability and heterosis estimates for yield and other attributes traits under water stress conditions in white maize (*Zea mays* L.). Archives of Agriculture Sciences Journal, 7 (1), 85-105. **doi.org/10.21608/aasj.2024.351989**

Habiba, R. M. M., El-Diasty, M. Z., & Aly, R. S. H. (2022). Combining abilities and genetic parameters for grain yield and some agronomic traits in maize (*Zea mays* L.). Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences, 11 (1), 108. **doi.org/10.1186/s43088-022-00289**

Haydar, F. (2020). Inheritance of Yield Related Traits in a Half Diallel Crosses of Some Maize (*Zea mays* L.) Genotypes. Agriculturists (17295211), 18 (1), 18-25. **doi.org/10.3329/agric.v18i1.49455**

Hosseini, S. M. S., Khodadad, M., Mohammadreza, S., Abdollah, M., & Seied, M. M. (2021). Genetically analysis of grain yield and some agro-morphological characteristics of selected early maturity maize lines using diallel analysis. University of Guilan Faculty of Agricultural Sciences, 11(3), 269-280. **doi: 10.22124/CR.2021.20851.1694**

Irwin, S., & Janzen, J. (2022). Tempered Expectations for 2022/23 Supply and Demand for Corn and Soybeans. farmdoc daily, 12 (179). **doi: 10.22004/ag.econ.342751**

Kamal, N., Khanum, S., Siddique, M., Saeed, M., Ahmed, M. F., Kalyar, M. T. A., Rehman, S. U., & Mahmood, B. (2023). Heterosis and Combining Ability Studies in A 5x5 Diallel Crosses of Maize Inbred Lines. Journal of Applied Research in Plant Sciences, 4(1), 419-424. **doi.org/10.38211/joarps.2022.3.1.50**

Kamara, M. M., Mansour, E., Khalaf, A. E. A., Eid, M. A. M., Hassanin, A. A., Abdelghany, A. M., Kheir, A. M. S., Galal, A. A., Behiry, S. I., Silvar, C., & El-Hendawy, S. (2024). Molecular Diversity and Combining Ability in Newly Developed Maize Inbred Lines under Low-

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

Nitrogen Conditions. Life (Basel), 14 (5). **doi.org/10.3390/life14050641**

Kempthorne, O. (1957). An introduction to genetic statistics. 512 Pages, **https://psycnet.apa.org/record/1958-01083-000**

Kouago, B. A., Seka, D., Brou, K. F., Bonny, B. S., Koffi, K. H. J., Adjoumani, K., & Sie, R. S. (2024). Combining ability analysis of Cucurbita moschata D. in Cote d'Ivoire and classification of promising lines based on their gca effects. PLoS One, 19 (8), e0305798. **doi.org/10.1371/journal.pone.0305798**

Latha, S., Sharma, D., & Sanghera, G. S. (2013). Combining ability and heterosis for grain yield and its component traits in rice (*Oryza sativa* L.). Notulae Scientia Biologicae, 5 (1), 90-97. **doi.org/10.15835/nsb519006**

Lee, E., Ahmadzadeh, A., & Tollenaar, M. (2005). Quantitative genetic analysis of the physiological processes underlying maize grain yield. Crop science, 45 (3), 981-987. **doi.org/10.2135/cropsci2003.0518**

Li, K., Tassinari, A., Giuliani, S., Rosignoli, S., Urbany, C., Tuberosa, R., & Salvi, S. (2022). QTL mapping identifies novel major loci for kernel row number-associated ear fasciation, ear prolificacy and tillering in maize (*Zea mays* L.). Front Plant Sci, 13: 1017983. **doi:10.3389/fpls.2022.1017983**

Lu, X., Zhou, Z., Yuan, Z., Zhang, C., Hao, Z., Wang, Z., Li, M., Zhang, D., Yong, H., Han, J., Li, X., & Weng, J. (2020). Genetic Dissection of the General Combining Ability of Yield-Related Traits in Maize. Frontiers in Plant Science, 11. doi.org/10.3389/fpls.2020.00788

Matin, M. Q. I., Rasul, M. G., Islam, A. K. M. A., Mian, M. K., Ivy, N. A., & Ahmed, J. U. (2016). Combining ability and heterosis in maize (*Zea mays* L.). American Journal of BioScience, 4(6), 84-90. **doi:**10.11648/j.ajbio.20160406.12

Mboup, M., Aduramigba-Modupe, A. O., Maazou, A. S., Olasanmi, B., Mengesha, W., Meseka, S., Dieng, I., Bandyopadhyay, R., Menkir, A., & Ortega-Beltran, A. (2023). Performance of testers with contrasting provitamin A content to evaluate provitamin A maize for resistance to Aspergillus flavus infection and aflatoxin production. Front Plant Sci, 14: 1167628. **doi.org/10.3389/fpls.2023.1167628**

Moradi, M. (2014). Genetic analysis for grain yield and yield contributing characters in maize (*Zea mays* L.). International Journal of Biosciences, 5 (8): 173-179. **doi.org/10.12692/ijb/5.8.173-8**

Mousa, S. T. M., Mohamed, H., Aly, R., & Darwish, H. (2021). Combining ability of white maize inbred lines via line x tester analysis. Journal of Plant Production, 12 (2), 109-113. **doi.org/10.21608/jpp.2021.154325**

Rahmani, A. F., Khavari Khorasani, S., Malekzadeh-Shafaroudi, S., & Shahriari Ahmadi, F. (2023). Tillering Potential, Yield, and Yield Components in Super-Sweet Maize: Gene Action, Combining Ability, and Heterosis Analysis (*Zea mays* L. var saccharata). Agrotechniques in Industrial Crops, 3 (4), 200-210. **doi.org/10.22126/atic.2023.9667.1115**

Robinson, H. F., Comstock, R. E., & Harvey, P. H. (1955). Genetic Variances in Open Pollinated Varieties of Corn. Genetics, 40 (1), 45-60. **doi.org/10.1093/genetics/40.1.45**

Sarhaddi Avval, M., Fazeli-Nasab, B., Pahlavan, A., & Mirzaei, A. R. (2025). Investigating the Phylogenetic Relationships of the Iranian Honey Bee with Other Bee Breeds Worldwide Using the Cytochrome Oxidase I Region. [Research Article]. Gene Cell Tissue, 12 (1), e157608. **doi:10.5812/gct-157608**

Sedhom, Y. S. A., Rabie, H. A., Awaad, H. A., Alomran, M. M., SM, A. L., Mansour, E., & Ali, M. M. A. (2024). Genetic Potential of Newly Developed Maize Hybrids under Different Water-Availability Conditions in an Arid Environment. Life (Basel), 14 (4). **doi.org/10.3390/life14040453**

Shrestha, S., Niraula, D., Regmi, S., Basnet, S., Chhetri, S. T., & Kandel, B. P. (2023). Performance evaluation and genetic parameters estimation of multi-companies maize hybrids in Lamahi Dang, Nepal. Heliyon, 9 (3), e14552. **doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e14552**

Singh, M., Avtar, R., Kumar, N., Punia, R., Pal, A., Lakra, N., Kumari, N., Kumar, D., Naruka, A., Bishnoi, M., Khedwal, R. S., Choudhary, R. R., Singh, A., Meena, R. K., Dhillon, A., & Singh, V. K. (2022). Genetic Analysis for Resistance to Sclerotinia Stem Rot, Yield and Its Component Traits in Indian Mustard [Brassica juncea (L.) Czern & Coss.]. Plants (Basel), 11 (5). **doi.org/10.3390/plants11050671**

Singh, R. K., & Chaudhary, B. D. (1981). Biometrical methods in quantitative genetic analysis: Kalyani Publishers. 318 pages. **Doi:10.5555/19801689021**

Usman, M. G., Rafii, M. Y., Martini, M. Y., Oladosu, Y., & Kashiani, P. (2017). Genotypic character relationship and phenotypic path coefficient analysis in chili pepper genotypes grown under tropical condition. Journal of the Science of Food and Agriculture, 97 (4): 1164-1171. **doi.org/10.1002/jsfa.7843**

Vaez-Sarvari, H., Emamjomeh, A., & Fazeli-Nasab, B. (2022). Evaluation of genetic diversity of *Cantaloupe* landraces based on the internal transcriptional spacer regions (ITS1, 4). Int. J. Veg. Sci.: 1-13. **doi.org/10.1080/19315260.2022.2051664**

Vessal, S., Samiei, L., Porsa, H., & Fazeli-Nasab, B. (2023). Evaluation of Genetic Distance and Similarity among Native Genotypes of Seeded Watermelon (Citrullus lanatus var. citroides) in the Khorasan Region Using Microsatellite Markers. Agrotechniques ind. crops, 3 (2), 74-83. **doi.org/10.22126/atic.2023.9177.1100**

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]

Villanueva, R. A. M., & Chen, Z. J. (2019). ggplot2: elegant graphics for data analysis: Taylor & Francis.

Wang, L., Li, J., Lin, Y., Dang, K., Wan, J., Meng, S., Qiu, X., Wang, Q., Mu, L., & Ding, D. (2023). Comparative transcriptomics analysis at the key stage of maize ear development dissect heterosis. The Plant Genome, 16 (1): e20293. **doi.org/10.1002/tpg2.20293**

Yang, C. J., Samayoa, L. F., Bradbury, P. J., Olukolu, B. A., Xue, W., York, A. M., Tuholski, M. R., Wang, W., Daskalska, L. L., Neumeyer, M. A., Sanchez-Gonzalez, J. J., Romay, M. C., Glaubitz, J. C., Sun, Q., Buckler, E. S., Holland, J. B., & Doebley, J. F. (2019). The genetic architecture of teosinte catalyzed and constrained maize domestication. Proc Natl Acad Sci U S A, 116 (12), 5643-5652. **doi.org/10.1073/pnas.1820997116**

Yousuf, N., Habib, M., Dar, Z., Lone, A., Gulzar, S., & Gazal, A. (2016). Evaluation of combining ability for yield and yield contributing traits in single cross hybrids of maize (*Zea mays* L.) using line× tester analysis. The Bioscan, 11 (2), 1037-1042.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOI: 10.61882/gebsj.14.1.1]