



Genetic Analysis of Yield and Its Components in Cotton Using the Generation Mean Analysis Method

Mohsen Fathi Sadabadi^{1*}, Mitra Vanda²

¹Cotton Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, Email: m.fathi@areeo.ac.ir

²Fars Agricultural & Natural Resources Research & Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 23-7-2024
Accepted 31-8- 2024

Keywords:
Cotton
Generation mean
analysis
Hybridization
Selection

ABSTRACT

Background and Purpose: Understanding inheritance patterns, gene action types, and effective breeding strategies is crucial for improving agricultural traits. Generation mean analysis is a powerful method for assessing genetic parameters and heritability of traits. This study was designed to investigate the genetic parameters involved in the inheritance of morphological traits and yield components in four cotton cultivars through generation mean analysis.

Materials and Methods: To analyse the genetic inheritance of traits, P1, P2, F1, F2, BC1, and BC2 generations were produced in 2020-2021. These generations were evaluated in 2022 using a randomized complete block design with three replications across three regions. After performing analysis of variance and identifying significant differences among generations, genetic analysis was conducted using the Method of Jinks and Hayman with three- and six-parameter models. The means and standard errors for each trait were calculated across the different generations.

Results: The variance analysis revealed significant differences among regions and cultivars. At Hashemabad, the Armaghan variety yielded the highest, whereas at Karkandeh and Darab, the Golestan variety was superior. No significant differences were found among generations in terms of plant height, number and length of reproductive branches, and number of bolls. However, significant variations were observed for boll weight, lint percentage, yield, and earliness. The lowest boll weight, lint percentage, and yield were associated with the green seed parent (P1). The F2 progeny exhibited the highest yield, averaging 2899 g/plot, which may be attributed to its genetic diversity. Additionally, performance differences between the green seed parent and the white seed parent were evident.

Conclusion: The superior performance of progenies relative to their parents suggests the presence of a dominance effect in controlling these traits. For boll weight and number of reproductive branches, both additive and dominance \times additive effects are significant. The prominence of the additive effect indicates that selection and self-

pollination are effective breeding methods for these traits. In contrast, traits such as lint percentage were more influenced by dominance \times dominance interactions, indicating potential double epistasis effects. The dominance variance exceeded the additive variance, and the degree of dominance was greater than one, suggesting that selection alone may be inadequate. Therefore, hybridisation may be a more effective approach for achieving breeding objectives for these traits.

Cite this article: Fathi Sadabadi, M., Vanda, M. (2023). Genetic Analysis of Yield and Its Components in Cotton Using the Generation Mean Analysis Method. *Iranian Journal Cotton Researches*, 11 (2), 103-116.



© The Author(s).

DOI: 10.22092/ijcr.2024.366484.1221

Publisher: Cotton Research Institute of Iran



تجزیه ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در پنبه با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها

محسن فتحی سعدآبادی^{۱*}، میترا وندا^۲

^۱ مؤسسه تحقیقات پنبه کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، رایانامه: m.fathi@areeo.ac.ir

^۲ مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی و منابع طبیعی فارس سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی	سابقه و هدف: بررسی نحوه توارث، نوع عمل ژن‌ها و تعیین راهبردهای مؤثر اصلاحی بمنظور بهبود صفات زراعی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. تجزیه میانگین نسل‌ها یکی از بهترین روش‌ها برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و میزان توارث‌پذیری صفات است. این پروژه با هدف بررسی و تعیین پارامترهای ژنتیکی دخیل در نحوه وراثت صفات مورفولوژیک و اجزای عملکرد چهار رقم پنبه با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها طراحی و اجرا شد.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۵/۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۶/۱۰	مواد و روش‌ها: به منظور تجزیه ژنتیکی و نحوه وراثت صفات مورد بررسی، نسل‌های BC2 و P1, P2, F1, F2, BC1 دورگهای پنبه طی سالهای ۱۴۰۰-۱۳۹۹ تولید شده و در سال ۱۴۰۱ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سه منطقه مورد ارزیابی و مقایسه قرار گرفتند. پس از انجام تجزیه واریانس و مشاهده تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها، تجزیه ژنتیکی صفات با استفاده از روش متر و جینکز بر اساس مدل سه و شش پارامتری انجام شده و میانگین و خطای معیار هر یک از صفات در نسل‌های مختلف محاسبه شد.
واژه‌های کلیدی: پنبه تجزیه میانگین نسل‌ها دورگ‌گیری انتخاب	یافته‌ها: تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان داد بین مناطق و ارقام مورد بررسی اختلاف معنی‌داری از لحاظ آماری وجود دارد بطوری‌که در ایستگاه هاشم‌آباد رقم ارمغان و در ایستگاه‌های کارکنده و داراب رقم گلستان بیشترین عملکرد وش را به خود اختصاص داد. بین نسل‌های مختلف تفاوت معنی‌داری از نظر ارتفاع بوته، طول و تعداد شاخه زایا و تعداد غوزه مشاهده نشد. اما از لحاظ وزن غوزه، درصد کیل، عملکرد و زودرسی تفاوتها معنی‌دار بود. بطوریکه کمترین وزن غوزه، کمترین درصد کیل و کمترین عملکرد متعلق به والد دانه سبز P1 بود. بیشترین عملکرد وش مربوط به نتاج F2 بود که میانگین عملکردی معادل ۲۸۹۹ گرم در کرت داشت. این برتری را می‌توان به تنوع موجود در این نسل نسبت داد. همچنین تفاوت عملکرد والد دانه سبز با والد دانه سفید مشهود بود.
	نتیجه‌گیری: برتری عملکرد نتاج نسبت به والدین بیانگر وجود اثر غالبیت در کنترل این صفت می‌باشد. بررسی نتایج نشان داد که برای صفات وزن غوزه و تعداد شاخه زایا اثرات افزایشی و غالبیت × افزایشی نقش عمده‌ای در کنترل توارث این صفات دارند. معنی‌دار شدن اثر افزایشی نشان می‌دهد که بهترین روش اصلاحی برای آن صفات استفاده از انتخاب و خودگشایی می‌باشد.

برای صفات دیگری نظیر درصد کیل اثر متقابل غالبیت × غالبیت نقش بیشتری داشته است. وجود علامت مخالف بین اثرات، احتمال اثرات اپیستازی دوگانه را تقویت می‌کند. بیشتر بودن مقدار واریانس غالبیت از واریانس افزایشی و درجه غالبیت بیشتر از یک بیانگر این است که انتخاب تحت این شرایط قابل تثبیت نمی‌باشد و انجام دورگ گیری جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود.

استناد: فتحی سعادت‌آبادی، محسن؛ وندا، میترا. (۱۴۰۲). تجزیه ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در پنبه با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها. *مجله پژوهش‌های پنبه ایران*، ۱۱ (۲)، ۱۱۶-۱۰۳.

DOI: 10.22092/ijcr.2024.366484.1221



© نویسندگان.

ناشر: موسسه تحقیقات پنبه کشور

مقدمه

پنبه (*Gossypium hirsutum* L.) یک گیاه زراعی است که محصول آن از اهمیت ویژه‌ای در بخش صنعت و اقتصاد برخوردار است. علاوه بر الیاف و دانه که مهمترین اجزای محصول پنبه را تشکیل می‌دهند، بیش از ۷۰ فرآورده اصلی و فرعی از گیاه پنبه قابل استحصال است که در صنایع مختلف اعم از نساجی، غذایی، شیمیایی، سلولزی و نظامی کاربرد داشته و سهم بسیار مهمی در تامین نیازهای بشری و اشتغال‌زایی ایفا می‌کنند (Zeng and Wu, 2012).

سطح کشت پنبه در ایران در سال ۱۳۹۸ حدود ۸۰ هزار هکتار گزارش گردیده که در مقایسه با دهه گذشته تقریباً ۴۰ تا ۵۰ درصد از سطح کشت آن کاسته شده است. با توجه به کاهش سطح کشت پنبه در ایران و تغییر الگوی کشت این محصول در مناطق مختلف کشور، بدهی است حفظ سطح تولید و تامین نیازهای صنایع کشور، مستلزم معرفی و کاشت ارقام پرمحصول با خواص کیفی مناسب است. از این رو، ارزیابی و معرفی ژنوتیپ‌های برتر با ویژگی‌های مناسب برای شرایط زراعی خاص، در اولویت کار به‌نژادی پنبه است (Alishah, 2021).

در اصلاح ارقام پنبه بعلاوه اینک صفات متعددی (بالغ بر ۱۴ صفت) در نظر گرفته می‌شود، نمی‌توان فقط به یک لاین خالص ژنتیکی اکتفا نمود و ارقام پنبه همواره ترکیبی از لاین‌های مختلف هستند لذا انتخاب در حفظ و بهبود صفات آنها بسیار موفقیت آمیز و نقش آفرین بوده و اهمیت زیادی دارد. چنانچه انتخاب با توجه به وراثت پذیری و تعداد ژنهای کنترل کننده صفت صورت پذیرد می‌توان به بهبود صفت امیدوار بود (Alaedin et al., 2021).

عبدوالسلام (Abd -El salam, 2005) با انجام انتخاب شجره‌ای به تعدادی از هیبریدهای برتر در صفات عملکرد الیاف، درصد الیاف و طول الیاف در سه توده جمعیتی دست یافت. همچنین آل مهدی و همکاران (Ale-Mahdy et al., 2007) با دو دوره انتخاب شجره‌ای به پیشرفت قابل توجهی در درصد و ش دست یافتند که موجب شد درصد و ش نسبت به

والدین در جمعیت اول از ۱۶/۹ به ۵۶ درصد و در جمعیت دوم از ۱۶/۱ به ۲۴ درصد افزایش یابد.

ابوالیزید و همکاران (Abou el-Yazied et al., 2014) در ایستگاه کشاورزی ساخی مصر نشان دادند که میانگین صفات یکنواختی و درصد الیاف در اولین و دومین انتخاب متناوب در مقایسه با جمعیت پایه افزایش یافت. همچنین تغییر مثبت در وزن غوزه، طول و استحکام الیاف مشاهده گردید. انتخاب موجب بهبود صفات کمی و کیفی الیاف پنبه رقم حکمت گردید بطوریکه میانگین عملکرد تک بوته از ۷۰ به ۱۰۶ گرم، و وزن غوزه از ۴/۲۱ به ۵/۱۱ گرم افزایش یافت (Fathi Sadabadi Vanda, 2021).

هنگامی که اصلاحگر تصمیم دارد چند صفت را بطور همزمان اصلاح کند ضروری است که برای تصمیم‌گیری در مورد هر یک از این صفات ابتدا پارامترهای ژنتیکی مربوط به آن صفات را تخمین بزند و سپس بر اساس اطلاعات موجود روش مناسب اصلاحی را برگزیند. روش تجزیه میانگین نسل‌ها یکی از بهترین روشها برای تعیین پارامترهای ژنتیکی است. در این روش علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت ژنها، اثرات اپیستازی نیز برآورد می‌شود (Baghizadeh et al., 2004). برآورد اجزای ارزش ژنوتیپی صفات (افزایشی، غالبیت و اپیستازی) برای تعیین روش به‌نژادی و تشخیص لزوم تولید دورگ یا لاین خالص ضروری است. انتخاب روش اصلاحی مناسب برای بهره‌برداری بهتر از پتانسیل ژنتیکی صفات مختلف زراعی در یک گیاه بستگی به نوع عمل ژن‌های کنترل کننده یک صفت و نحوه توارث آنها دارد (Akhtar and Chowdhry, 2006). نوع عمل ژن و اثر ژنی، در بسیاری از گیاهان زراعی مطالعه شده است. در اغلب روش‌ها ارزیابی تغییرات ژنتیکی بر مبنای بررسی یک نسل صورت می‌گیرد. اما در تجزیه میانگین نسلها برای محاسبه اثرات ژنتیکی از میانگین نسل‌های متفاوت استفاده می‌شود. این روش علاوه بر اثر افزایشی و غالبیت، قادر به برآورد اثرات اپیستازی از قبیل افزایشی × افزایشی، افزایشی × غالبیت و غالبیت × غالبیت می‌باشد (Lamkey and Lee, 2006).

اکولوژیکی مختلف چین در طول سال ۲۰۱۶-۲۰۱۷ آزمایش شدند. برای برآورد اثرات ژنتیکی و همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی صفات عملکرد و کیفیت الیاف از مدل ژنتیکی افزایشی-غالبیت-محیط (ADE) استفاده شد. نتایج نشان داد که صفات عملکرد به جز درصد کیل عمده‌تاً توسط اثرات متقابل ژنتیکی و محیطی کنترل می‌شوند، در حالی که درصد کیل و صفات کیفیت الیاف توسط اثرات اصلی ژن تعیین می‌شوند. وراثت‌پذیری عمومی و برهمکنش آن با محیط برای عملکرد و اکثر صفات کیفی الیاف معنی‌دار بود. نتایج این مطالعه مشخص کرد که لاینهای والدینی نظیر DT-8، ZB-1، SJ48-1، و 851-2 می‌توانند برای بهبود عملکرد و کیفیت الیاف مورد استفاده قرار بگیرند.

امجدعلی و همکاران (Amjad Ali et al., 2008) ضمن تجزیه ژنتیکی برای صفات کیفی در پنبه دریافتند صفات طول الیاف، ظرافت الیاف و درصد کشش الیاف توسط اثر افزایشی ژنها کنترل می‌شوند و انتخاب برای اصلاح این صفات می‌تواند موثر باشد درحالیکه استحکام و یکنواختی الیاف بیشتر تحت تاثیر غالبیت ژنها هستند، لذا اصلاح از طریق دورگ‌گیری را برای بهبود این صفات پیشنهاد کردند. یکی از مزیت‌های تجزیه میانگین نسلها، در مقایسه با سایر طرح‌های تلاقی مانند دی آلل، افزایش سطح حساسیت از طریق کاهش نرخ خطا است. با این حال، تفاوت‌های محیطی ممکن است باعث شود که میانگین‌ها اثرات جهت‌های مخالف را خنثی کنند (Azizi et al., 2006).

هدف از این پروژه محاسبه و تعیین پارامترهای ژنتیکی صفات موثر در عملکرد و اجزای آن بمنظور انتخاب روش اصلاحی موثر برای کنترل و اصلاح صفات در پنبه بود. در این تحقیق با استفاده از روش تجزیه میانگین نسلها و مدل‌های ۳ و ۶ پارامتری ماهیت عمل ژن برای عملکرد و اجزای آن در سه رقم پرمحصول و زودرس و یک ژنوتیپ در دست معرفی پنبه مورد مطالعه قرار گرفت. همچنین بمنظور انتخاب روش‌های اصلاحی مناسب برای صفات کمی مهم در پنبه با استفاده از روش تجزیه میانگین نسلها

(Toklu and Yagbasanlar, 2007) توکلو و یاگباسانلار (2005) به کمک تجزیه میانگین نسلها در شش تلاقی گندم نان، عمل ژن را در ارتباط با صفات اندازه دانه و وزن هزار دانه مورد بررسی قرار دادند و نتیجه گرفتند که سهم اثر افزایشی ژنها نسبت به اثر غالبیت از اهمیت بیشتری برخوردار است.

امیری و همکاران (Amiri et al., 2024) به منظور فهم چگونگی کنترل عمل ژن در صفات زراعی گندم، شش نسل اصلی از دو جمعیت اصلاحی در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی در دو شرایط نرمال و تنش خشکی با استفاده از روش تجزیه میانگین نسلها، در سال زراعی ۱۳۹۴-۹۵ مورد بررسی قرار دادند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین نسلهای مختلف از نظر اکثر صفات تحت هر دو شرایط وجود دارد. اغلب اثرات ژنی شامل افزایشی، غالبیت و اپیستازی در تبیین وراثت اکثر صفات نقش داشتند. در هر دو تلاقی، در خصوص اکثر صفات، اثر غالبیت بزرگتر و معنی‌دار بود. از این رو، گزینش در نسلهای پیشرفته و استفاده از روش بالک - شجره‌ای را برای بهبود این صفات در جمعیت حاصل از این دو تلاقی پیشنهاد کردند.

والیو و همکاران (Valu et al., 2015) پارامترهای ژنتیکی دو جمعیت را با استفاده از تجزیه میانگین نسلها و آزمون مقیاس مشترک ارزیابی کردند. نتایج نشان داد که عملکرد پنبه دانه در بوته و اجزاء عملکرد در دو تلاقی تحت اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی دو ژنی یا سه ژنی بود. هنگامی که اثرات افزایشی و غیرافزایشی دخیل است، یک طرح اصلاحی کارآمد در بهره‌برداری از هر دو نوع اثر ژنی باید به کار گرفته شود. لذا تلاقی دو والدی را می‌توان دنبال کرد که بهره‌برداری از اثرات ژنی افزایشی و غیرافزایشی را به طور همزمان برای بهبود ژنتیکی عملکرد پنبه دانه و صفات اجزاء عملکرد در پنبه تسهیل کند.

کاشف و همکاران (Kashif et al., 2019) از طرح تلاقی کارولینای شمالی II برای تلاقی ۵ والد ماده با ۶ والد نر برای تولید ۳۰ هیبرید پنبه F1 درون‌گونه‌ای استفاده کردند. تمام مواد گیاهی در سه منطقه

j: مجموع اثرات متقابل افزایشی × غالبیت
 i: مجموع اثرات متقابل غالبیت × غالبیت
 α, β
 β^2, α^2
 ضرایب هر یک از پارامترهای ژنتیکی
 و $2\alpha\beta$:

پارامترهای ژنتیکی - اصلاحی (میزان اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی) مشخص شده و توارث پذیری عمومی برای هر صفت تخمین و با برآورد تعداد ژن کنترل کننده هر صفت در نهایت بهترین شیوه اصلاحی برای هر صفت پیشنهاد شد.

بدلیل تفاوت واریانسها در هر نسل، برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از حداقل مربعات وزنی (Weighted Least Square) استفاده شد. برای تبیین میانگینهای مشاهده شده از مدل‌های سه و شش پارامتری استفاده شد و این مدل‌ها به کمک آزمون کای اسکوئر مورد بررسی قرار گرفته و بهترین مدل برای صفات مورد نظر مشخص شد.

یک مدل باید دارای ویژگی‌های زیر باشد: تمام اجزای آن معنی‌دار، خطای استاندارد آن کمتر از حالات دیگر بوده و کای اسکوئر آن غیرمعنی‌دار باشد. صحت مدل افزایشی - غالبیت با استفاده از معادلات زیر بررسی شد:

$$A = 2BC_1 - P_1 - F_1$$

$$B = 2BC_1 - 2P_1 - 2F_1$$

$$C = 4F_2 - 2F_1 - P_1 - P_2$$

اجزای واریانس افزایشی، غالبیت و محیطی از روش کرسی و پونی (Kearsey, & Pooni, 1996) محاسبه شدند:

$$VE = 1/4 (VP_1 + VP_2 + 2VF_1)$$

$$V[d] = 2VF_2 - VBC_1 - VBC_2$$

$$V[h] = 4 (VF_2 - 1/2V[d] - E)$$

برای تعیین انحرافات غالبیت در مکان‌های ژنی متفاوت، میانگین درجه غالبیت از رابطه زیر برآورد شد:

$$(H/D)^{1/2} = (V[h]/V[d])^{1/2}$$

بر اساس روش ماتر و جینکز اجزای واریانس از شش نسل طبق فرمول‌های زیر محاسبه شده و درجه غالبیت از نسبت اثر غالبیت به اثر افزایشی محاسبه شد:

$$D = 1/3(VF_2 - VBC_1 + VBC_2)$$

واریانس افزایشی (جزء افزایشی تنوع)

مواد و روش‌ها

به منظور تعیین پارامترهای ژنتیکی و نحوه وراثت صفات در پنبه سه رقم پرمحصول و زودرس پنبه بنام‌های ارمان، حکمت، گلستان و یک ژنوتیپ در دست معرفی بنام Sb26 طی سالهای ۱۴۰۰-۱۳۹۹ تلاقی یافته و سپس والدین و هیبریدهای آنها شامل نسل‌های P1, P2, F1, F2, BC1 و BC2 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار، در سه ایستگاه تحقیقاتی هاشم آباد، کارکنده، و حسن آباد داراب در سال ۱۴۰۱ مورد مقایسه و ارزیابی قرار گرفتند. بذور مربوط به هر نسل در کرت‌هایی شامل ۴ خط ۶ متری با فاصله ۷۵×۲۰ سانتی‌متر کشت شده و یادداشت برداریهای لازم برای صفات ارتفاع بوته، طول شاخه زایا، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه در بوته برای نسل‌های والدینی و نسل F1 بر روی ۱۰ بوته و برای نسل‌های BC1, F2 و BC2 بر روی ۳۰ بوته‌ی انتخابی انجام و پس از برداشت متوسط وزن غوزه، درصد کیل، عملکرد و ش و زودرسی محاسبه شد. مساحت برداشت پس از حذف خطوط حاشیه ۹ متر مربع بود. پس از تجزیه واریانس با مشاهده تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها برای صفات مورد بررسی، از روش تجزیه میانگین نسل‌ها بر طبق نظر ماتر و جینکز (Mather, & Jinks, 1982) استفاده شد. در این روش میانگین کلی هر صفت به صورت زیر نشان داده می‌شود:

$$Y = m + \alpha[d] + \beta[h] + \alpha^2[i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l]$$

اجزای فرمول عبارتند از:

- Y: میانگین یک نسل
- m: میانگین تمام نسل‌ها در یک تلاقی
- d: مجموع اثرات افزایشی
- h: مجموع اثرات غالبیت
- i: مجموع اثرات متقابل افزایشی × افزایشی

استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب در مناطق سه گانه نشان داد بین مناطق اجرا از لحاظ تمام صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌داری وجود دارد. این تفاوت‌ها بین ارقام نیز در مورد تمامی صفات به جز وزن غوزه معنی‌دار بود. تفاوت بین نسلها از نظر ارتفاع بوته، وزن غوزه، عملکرد و زودرسی معنی‌دار شد. اثرات متقابل بین رقم × نسل فقط برای عملکرد و ش معنی‌دار شد (جدول ۱).

مقایسه میانگین اکثر صفات در بین مناطق اجرا نشان داد ایستگاه کارکنده نسبتاً برتری دارد اما عملکرد و ش در منطقه داراب از بقیه مناطق برتر بود. بین ارقام مورد بررسی رقم ارمغان از نظر ارتفاع بوته، طول و تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه و وزن غوزه رتبه بهتری داشت. اما از لحاظ درصد کیل و عملکرد و ش رقم گلستان نسبت به سایر ارقام برتری داشت. رقم حکمت در بین این ارقام زودرس‌تر از بقیه بود (جدول ۲).

واریانس غالبیت (جزء غالبیت تنوع)

$$H = 4(VF_2 - 1/2VD - E)$$

واریانس محیطی (جزء غیرقابل توارث تنوع)

$$E = (VP_1 + VP_2 + VF_1)/3$$

$$(H/D)^{1/2}$$

درجه غالبیت

برای تعیین وراثت‌پذیری عمومی (h^2b) از فرمول‌های زیر استفاده شد:

$$h^2 b = [VF_2 - (VP_1 \times VP_2)^{1/2}] / VF_2 \quad (\text{Mahmud and Kramer, 1951})$$

$$h^2 b = [VF_2 - (VP_1 \times VP_2 \times VF_1)^{1/3}] / VF_2 \quad (\text{Warnner, 1952})$$

$$h^2 b = [VF_2 - (VP_1 + VP_2)/2] / VF_2 \quad (\text{Allard, 1960})$$

وراثت‌پذیری خصوصی (h^2n) طبق فرمول (Warnner, 1952) محاسبه شد:

$$h^2 n = [2VF_2 - (VBC_1 + VBC_2)] / VF_2$$

برای محاسبه حداقل تعداد ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت از فرمول قنادها (Ghannadha, 1998) استفاده شد:

$$n = (\mu P_2 - \mu P_1)^2 / [8(\sigma^2 F_2 - \sigma^2 F_1)]$$

برای ثبت و مدیریت داده‌ها از نرم افزار Excel و برای تجزیه و تحلیل‌های آماری از نرم‌افزار SAS_{9.4}

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف ارزیابی شده در نسلهای مختلف پنبه

منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع بوته	طول شاخه‌زایا	تعداد شاخه زایا	تعداد غوزه	وزن غوزه	درصد کیل	عملکرد و ش	درصد زودرسی
منطقه	2	1652.9**	363.12**	90.18**	1160.64**	18.540**	517.6**	42908045.5**	50.2ns
تکرار در منطقه	6	447.2	31.60	4.85	8.93	0.203	16.29	78489.2	89.4
ارقام	3	543.4**	426.57**	9.38**	45.11**	0.186ns	45.30**	6808630.4**	241.6**
رقم × منطقه	6	2774.6**	198.7**	26.4**	25.8**	0.786**	62.2**	6936111.4**	128.8*
نسلها	5	154.9*	12.11ns	0.57ns	8.92ns	1.498**	16.31*	1190431.4*	111.2*
رقم × نسل	15	123.7ns	25.65ns	2.28ns	8.50ns	0.306ns	8.02ns	942661.8*	67.5ns
خطای آزمایشی	142	67.8	16.28	1.83	7.29	0.168	6.80	3925.4.1	65.4
ضریب تغییرات	-	9.4	21.9	11.2	19.8	8.7	6.6	23.6	9.2

**، *، ns: به ترتیب تفاوت معنی‌دار در سطح ۱٪، ۵٪ و تفاوت غیر معنی‌دار

مشاهده نشد. اما از لحاظ وزن غوزه، درصد کیل، عملکرد و زودرسی تفاوت‌ها معنی‌دار بود. بطوری‌که

بین نسل‌های مختلف تفاوت معنی‌داری از نظر ارتفاع بوته، طول و تعداد شاخه زایا و تعداد غوزه

کمترین وزن غوزه، کمترین درصد کیل و کمترین عملکرد متعلق به والد دانه سبز P1 بود. بیشترین عملکرد وش مربوط به نتاج F2 بود که میانگین عملکردی معادل ۲۸۹۹ گرم در کرت داشت و این برتری را می‌توان به تنوع موجود در این نسل نسبت داد (جدول ۳).

برتری نتاج نسبت به والدین از نظر عملکرد وش و زودرسی نشان دهنده تفکیک متجاوز در این صفات بود و ناشی از نقش غالبیت در کنترل این صفات می‌باشد. در صفات دیگر نظیر تعداد غوزه، وزن غوزه و درصد کیل همانطور که مشاهده می‌شود میزان این صفات در والد دانه سفید بیشتر از والد دانه سبز بوده است.

جدول ۲- مقایسه میانگین صفات ارقام پنبه در مناطق مختلف در سال ۱۴۰۱

منطقه/ رقم	ارتفاع بوته (cm)	طول شاخه‌زایا (cm)	تعداد شاخه‌زایا	تعداد غوزه	وزن غوزه (g)	درصد کیل	عملکرد وش g/plot	درصد زودرسی
هاشم آباد	83.6b	16.7b	11.9b	9.8c	4.65b	36.3b	1752.7c	85.4a
کارکنده	92.3a	21.6a	13.1a	17.7a	5.17a	41.4a	3089.4b	84.5a
داراب	83.3b	16.6b	10.2c	15.3b	3.88c	42.1a	3560.8a	84.9a
LSD	3.13	1.53	0.51	1.03	0.15	0.99	238.3	1.21
ارمغان	92.4a	23.7a	12.9a	15.2a	4.81a	37.6c	2337.2b c	83.9b
حکمت	87.3b	17.1bc	12.1b	13.4bc	4.56b	39.1b	2567.9b	89.2a
Sb26	83.2c	15.6c	12.1b	13.3b	4.91a	39.1b	2117.7c	84.4b
گلستان	85.5bc	18.1b	11.3c	14.5ab	4.63b	40.8a	3292.1a	83.9b
LSD	3.51	1.72	0.58	1.14	0.17	1.11	266.4	2.32

اعدادی که در یک ستون حروف مشترک دارند بر اساس آزمون LSD در سطح احتمال ۵٪ تفاوت معنی‌داری ندارند.

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات در نسل‌های مختلف ارقام پنبه در سال ۱۴۰۱

نسل	ارتفاع بوته (cm)	طول شاخه‌زایا (cm)	تعداد شاخه‌زایا	تعداد غوزه	وزن غوزه (gr)	درصد کیل	عملکرد وش g/plot	درصد زودرسی
P1	86.5ab	18.5a	11.9a	14.6a	4.31b	38.4b	2333.1b	80.3b
P2	84.8b	17.2a	12.1a	14.7a	4.84a	39.7ab	2563.7ab	81.8ab
F1	87.4ab	19.1a	11.8a	14.6a	4.78a	39.2ab	2691.9ab	85.9a
F2	89.1a	18.8a	12.1a	13.8a	4.85a	38.8ab	2899.1a	84.6a
BC1	88.1a	18.7a	12.2a	13.9a	4.74a	39.4ab	2753.5ab	84.9a
BC2	86.2ab	18.2a	12.1a	13.8a	4.71a	40.4a	2652.8ab	83.8ab
LSD	4.21	2.05	0.69	1.37	0.21	1.33	319.7	3.62

اعدادی که در یک ستون حروف مشترک دارند بر اساس آزمون LSD در سطح احتمال ۵٪ تفاوت معنی‌داری ندارند.

در نسل‌های مختلف محاسبه شد. میزان برتری نتاج نسبت به والدین بیانگر وجود اثر غالبیت در کنترل آن صفت می‌باشد. بررسی نتایج نشان داد که برای صفات وزن غوزه و تعداد شاخه زایا اثرات افزایشی و افزایشی × غالبیت نقش عمده‌ای در کنترل توارث این صفات دارند. معنی‌دار شدن اثر افزایشی نشان می‌دهد که بهترین روش اصلاحی برای آن صفات استفاده از

نتایج تجزیه ژنتیکی صفات: پس از انجام تجزیه واریانس و مشاهده تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها برای صفات ارتفاع بوته، وزن غوزه، درصد کیل، عملکرد وش و زودرسی، تجزیه ژنتیکی صفات با استفاده از روش متر و جینکز (Mather, & Jinks, 1982) بر اساس مدل سه پارامتری (جدول ۴) و شش پارامتری (جدول ۵) انجام شد. میانگین و خطای معیار هر یک از صفات

موفق است. نتایج بررسی‌ها نشان داده که عملکرد و صفات کیفی الیاف توسط اثرات مختلف ژنتیکی کنترل می‌شوند. صفت عملکرد عمدتاً توسط اثرات متقابل ژنتیک و محیط کنترل می‌شود، در حالی که صفات کیفی و طول الیاف بیشتر توسط اثرات اصلی ژن تعیین می‌شوند (Song, et al. 2015). محققان گزارش کردند که در کنترل صفات درصد کیل و کیفیت الیاف اثرات افزایشی و غالبیت نقش بیشتری دارند. همچنین نتایج نشان داد که اثرات غالبیت تأثیر قوی‌تری بر پارامترهای عملکرد و اثرات افزایشی تأثیر قوی‌تری بر صفات کیفی الیاف داشتند. این نتایج پیش‌بینی می‌کند که عملکرد و صفات مرتبط با آن دارای ژنتیک پیچیده با تأثیر بیشتر محیط هستند (Sahar, et al. 2021).

در جدول ۴ معنی دار نشدن مقدار کای اسکوئر در مورد صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، عملکرد و زودرسی نشان دهنده کفایت مدل آماری سه پارامتری برای صفات مذکور است. بیشتر بودن مقدار اثر غالبیت از اثر افزایشی نشان دهنده آن است که جهت دستیابی به اهداف اصلاحی مورد نظر، انجام دورگ گیری برای این صفات روش موثرتری نسبت به انتخاب خواهد بود.

انتخاب و خودگشنی می‌باشد. برای صفات دیگری نظیر درصد کیل اثر متقابل غالبیت \times غالبیت نقش بیشتری داشته است. نکته دیگر اینکه وجود علامت مخالف بین اثرات احتمال اثرات اپیستازی دوگانه را تقویت می‌کند.

معنی دار نشدن مقدار کای اسکوئر در مورد صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، عملکرد و زودرسی نشان دهنده کفایت مدل آماری سه پارامتری استفاده شده برای صفات مذکور است. به عبارت دیگر تفاوت معنی‌داری بین مدل مشاهده شده با مدل فرضی وجود ندارد. برعکس معنی دار شدن مقدار کای اسکوئر در مورد صفات طول شاخه زایا، وزن غوزه و درصد کیل نشان دهنده عدم کفایت مدل ساده افزایشی یا غالبیت و احتمال وجود اثرات اپیستازی دو جانبه در کنترل این صفات می‌باشد.

در بررسی اثرات ژنتیکی و برهمکنش آنها با محیط در محصولات زراعی مشاهده شده که صفت عملکرد به طور کمی توسط ژنهای متعدد با اثرات کوچک و آسیب پذیر نسبت به محیط کنترل می‌شود (Nyombayire et al. 2018; Reddy et al. 2016). بنابراین، تجزیه و تحلیل جامع ژنتیکی در محیط‌های مختلف یک استراتژی مهم برای یک برنامه اصلاحی

جدول ۴- برآورد اجزای ژنتیکی صفات مختلف در تلاقی ارقام پنبه بر اساس مدل سه پارامتری

کای اسکوئر	اثر غالبیت	اثر افزایشی	میانگین	صفات
χ^2	[h]	[d]	m	
4.67ns	-10.14±15.22ns	0.309±1.09ns	93.73±6.44 **	ارتفاع بوته
6.27**	10.21±7.62ns	0.489±0.42ns	15.02±3.12**	طول شاخه زایا
5.46ns	-1.33±3.48ns	-0.041±0.25ns	13.57±1.56**	تعداد شاخه زایا
0.83ns	0.20±5.66ns	-0.46±0.36ns	13.94±2.44**	تعداد غوزه
16.44**	0.325±0.81ns	-0.219±0.05**	4.731±0.33**	وزن غوزه
4.57ns	231.6±1145.3ns	100.7±69.5ns	2737.3±461.2**	عملکرد
2.96ns	6.02±9.47ns	-0.734±0.844ns	82.2±3.77**	زودرسی
7.67**	12.24±4.34**	-0.34±0.32ns	34.5±1.71**	درصد کیل

مقدار کای اسکوئر جدول با درجه آزادی ۲ و سطح احتمال ۵ درصد برابر ۵/۹۹ است

است. به عبارت دیگر تفاوت معنی‌داری بین مدل مشاهده شده با مدل فرضی وجود ندارد. البته معنی دار شدن مقدار کای در مورد صفت وزن غوزه نشان دهنده عدم کفایت مدل شش پارامتری افزایشی-

معنی دار نشدن مقدار کای در مورد اکثر صفات (ارتفاع بوته، طول شاخه زایا، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، عملکرد، زودرسی و درصد کیل) نشان دهنده کفایت مدل آماری شش پارامتری برای صفات مذکور

اثر افزایشی مثبت در مورد صفات نشان می‌دهد که آلل‌های افزایش دهنده این صفات در هر دو والد وجود دارد. در مقابل اثر افزایشی و اثر غالبیت منفی صفات نشان می‌دهد که آلل‌های افزایش دهنده این صفات در هیچ کدام از والدین وجود ندارد. اثر اپیستازی مثبت نشان می‌دهد که تعامل بین آلل‌های غالب در هر دو والد باعث افزایش صفات می‌شود. نتایج سایر محققین تایید کننده این مطلب است. بنابراین، امکان اصلاح این صفات به واسطه انتخاب در نسل‌های اولیه وجود دارد (Mather and Jinks, 1996; Kearsy and Pooni, 1982; Sheikh et al., 2000). باسل و همکاران (Basel et al., 2011) نیز نقش مشترک آثار غالبیت و افزایشی را برای صفت عملکرد الیاف گزارش دادند.

غالبیت و احتمال وجود اثرات اپیستازی سه جانبه، پیوستگی ژنها و اثرات مادری در این صفت می‌باشد (جدول ۵).

دولتی و همکاران (Doulati et al., 2015) با استفاده از تجزیه دی‌آلل، واریانس‌های ژنتیکی و نحوه عمل ژن برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد پنبه را ارزیابی نمودند و نتایج حاکی از وجود اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات فوق بود. در این بررسی برای صفات وزن الیاف، درصد کیل و زودرسی، واریانس افزایشی بالایی مشاهده گردید که مبین کارا بودن انتخاب در اصلاح این صفات است و برای سایر صفات هر دو جزء افزایشی و غیرافزایشی مشاهده شد که بیانگر کارا بودن روش‌های مبتنی بر دورگ‌گیری می‌باشد.

جدول ۵- برآورد اجزای ژنتیکی صفات مختلف در تلاقی ارقام پنبه بر اساس مدل شش پارامتری

صفات	میانگین m	اثر افزایشی [d]	اثر غالبیت [h]	افزایشی × افزایشی [i]	غالبیت × افزایشی [j]	غالبیت × غالبیت [l]	کای اسکوئر χ^2
ارتفاع بوته	89.38±1.34**	1.90±1.69ns	-7.27±6.59ns	-8.0±6.35ns	2.52±4.04ns	2.86±9.34ns	4.67ns
طول زایا	18.33±0.61**	0.51±0.94ns	3.04±3.17ns	1.62±3.09ns	0.649±2.07ns	-7.15±4.71ns	6.27ns
تعداد زایا	12.86±0.35**	0.11±0.31**	-1.51±1.58ns	-0.787±0.81ns	1.667±2.05**	-0.17±2.03ns	5.46ns
تعداد غوزه	14.11±0.52**	0.17±0.61ns	0.453±2.51ns	-0.143±2.41ns	1.277±1.41ns	0.251±3.45ns	0.83ns
وزن غوزه	4.81±0.07**	0.12±0.11ns	0.003±0.34ns	-0.168±0.33ns	0.69±0.22**	-0.32±0.51ns	16.44**
عملکرد	2814.2±87.2**	133.7±146.6ns	75.8±468.3ns	-259.8±455.8ns	361.2±324.5ns	-155.7±716.7ns	4.57ns
زودرسی	84.6±0.69**	1.18±1.19ns	3.74±3.85ns	-1.15±3.67ns	3.82±2.93ns	-2.28±6.01ns	2.96ns
درصد کیل	38.8±0.31**	-0.48±0.57ns	4.95±0.57**	4.47±1.76**	-0.28±1.31ns	-7.29±2.81**	7.67ns

مقدار کای اسکوئر جدول با درجه آزادی ۵ و سطح احتمال ۵ درصد برابر ۱۱/۰۷ است

تحت این شرایط قابل تثبیت نمی‌باشد و انجام دورگ گیری جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود. در مورد زودرسی درجه غالبیت کمتر از یک شده است که نشان دهنده وجود فوق غالبیت ژنها و سهم بیشتر اثر افزایشی در کنترل ژنهای این صفت است.

اجزای واریانس برای صفات مورد بررسی در جدول ۶ ارائه شده است. این جدول نشان می‌دهد که در همه صفات مورد بررسی به جز درصد زودرسی مقدار واریانس غالبیت H از واریانس افزایشی D بیشتر می‌باشد و درجه غالبیت یعنی نسبت H/D بیشتر از یک است و این مطلب بیانگر این است که انتخاب

جدول ۶- اجزای واریانس برآورد شده برای صفات مورد بررسی در پنبه

اجزای واریانس	ارتفاع بوته (cm)	طول شاخه‌زایا (cm)	تعداد شاخه‌زایا	تعداد غوزه	وزن غوزه (g)	درصد کیل	عملکرد وش (g/plot)	درصد زودرسی
واریانس افزایشی	D	2.168	-1.037	0.049	0.176	0.012	1.887	0.465
واریانس غالبیت	H	2.600	2.225	-0.053	0.333	0.022	1.073	0.492
واریانس محیط	E	2.236	0.337	0.112	0.279	0.005	1.162	0.203
نسبت غالبیت	H/D	1.19	2.14	1.08	1.89	1.83	0.56	1.05
درجه غالبیت	(H/D) ^{1/2}	1.09	1.46	1.03	1.37	1.35	0.74	1.02
واریانس فنوتیپی	V(P)	2.667	1.525	0.109	0.436	0.015	0.348	0.230

نسل‌های اولیه در حال تفرق بازده کمی دارد و انتخاب را بایستی تا نسل‌های پیشرفته به تاخیر انداخت (Ahmadian et al., 2016).

عالیشاه (Alishah, 2021) بیان نمود که درصد زودرسی در پنبه دارای وراثت‌پذیری عمومی متوسط و عملکرد وش دارای وراثت‌پذیری پایین است. البته در طراحی یک برنامه کارآمد به‌نژادی، برآورد وراثت‌پذیری همراه با بازده ژنتیکی، تصویر روشن‌تری از ژن‌های موثر در بیان صفات و اثربخشی انتخاب در پیشبرد اهداف اصلاحی صفات ارائه می‌دهد. تعداد ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت برآورد شد که نتایج آن در جدول ۷ آمده است. ذکر این نکته ضروری است که برآورد تعداد ژن نیاز به پیش‌فرض‌های خاصی از جمله عدم وجود لینکاژ و اثرات اپیستازی و غیره دارد. لذا وجود احتمالی هر یک از موارد فوق، باعث برآورد تعداد کمتر از حد واقع ژن‌های در حال تفرق خواهد شد (Ghannadha, 1998).

جدول ۷ میزان وراثت‌پذیری عمومی صفات مختلف پنبه را در این مطالعه نشان می‌دهد. همانطوری که مشاهده می‌شود میزان وراثت‌پذیری اکثر صفات مورد بررسی غیر از زودرسی در این پژوهش بالا بود. برآوردهای بالای وراثت‌پذیری عمومی در صفاتی نظیر وزن غوزه و تعداد غوزه نشان‌دهنده میزان تنوع ژنتیکی در جامعه بوده و نقش بیشتر اثر غالبیت در تبیین صفات مورد مطالعه و لزوم بهره‌برداری از این اثرات را در تولید واریته‌های هیبرید نشان می‌دهد. در مقابل وراثت‌پذیری خصوصی پایین طول شاخه‌زایا و زودرسی ناشی از وراثت چند ژنی این صفات یا عدم وجود تفاوت زیاد بین دو والد از نظر ژنهای برخوردار از اثر افزایشی بود.

وجود تفاوت بین مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی بیانگر سهم بیشتر اثر غالبیت نسبت به اثر افزایشی در کنترل ژنتیکی صفات است. وراثت‌پذیری خصوصی پایین نشان‌دهنده آن است که انتخاب در

جدول ۷- برآورد وراثت‌پذیری و تعداد ژنها با استفاده از فرمول‌های مختلف برای صفات مورد بررسی در پنبه

برآورد وراثت‌پذیری و تعداد ژن	ارتفاع بوته (cm)	طول شاخه‌زایا (cm)	تعداد شاخه‌زایا	تعداد غوزه	وزن غوزه (g)	درصد کیل	عملکرد وش (g/plot)	درصد زودرسی
وراثت‌پذیری عمومی به روش محمود و کرامر	0.17	0.71	0.08	0.78	0.69	0.65	-0.23	-0.11
وراثت‌پذیری عمومی به روش وارنر	-0.02	0.33	0.06	0.79	0.92	0.74	0.67	-0.17
وراثت‌پذیری عمومی به روش الارد	-0.10	-0.46	0.02	0.65	0.78	0.63	-0.04	-0.32
وراثت‌پذیری خصوصی به روش وارنر	0.35	0.05	-0.56	0.38	0.83	-0.37	-0.08	-0.32
تعداد ژن به روش قنادها	-0.17	-2.82	7.31	3.01	6.46	1.34	1.84	-4.78

نتیجه گیری

بیشتر بودن مقدار واریانس غالبیت از واریانس افزایشی و درجه غالبیت بیشتر از یک، نشان دهنده فوق غالبیت است و این مساله گزینش برای بهبود این صفات را با مشکل مواجه می‌کند. لذا انجام دورگ گیری در جهت نیل به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور روش مؤثرتری از انتخاب خواهد بود. در برخی صفات نظیر وزن غوزه اثرات اپیستازی مشاهده شد. بنابراین در انتخاب بمنظور اصلاح این صفت در نظر گرفتن تعاملات ژنی ضروری است. نتایج این تحقیق اطلاعات مهمی درباره نحوه کنترل ژنتیکی برخی صفات در پنبه و اتخاذ تصمیم در انتخاب روش صلاحی مناسب آن صفات را ارائه نمود.

بررسی نتایج نشان داد بین ارقام مورد بررسی اختلاف معنی‌داری از لحاظ آماری وجود دارد بطوری‌که در ایستگاه هاشم‌آباد رقم ارمغان و در ایستگاه‌های کارکنده و داراب رقم گلستان بیشترین عملکرد وش را به خود اختصاص داد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه از جمله عملکرد نشان دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین تیمارها (نسلها) از نظر صفات مورد بررسی بود و امکان تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات را فراهم ساخت. تجزیه میانگین نسلها در پنبه بیانگر تفاوت معنی‌دار اثر غالبیت نسبت به اثر افزایشی در اکثر صفات بود.

منابع

1. Abou el-Yazied, M.A., Soliman Y.A.M. and EL-Mansy, Y.M. 2014. Effectiveness of recurrent selection for improvement of some economic characters in Egyptian cotton. Cotton Research Institute, ARC, Giza. Egypt. Journal Agricultural Research, 92 (1),135-50
2. Abd-El Salam, M.E. 2005. Studies on breeding and maintenance of cotton varieties. (*G. barbadense* L). Ph.D. Thesis. Fac. Agric. Kafer EL. Sheikh Tanta Uni.
3. Akhtar, N., and Chowdhry, M.A. 2006. Genetic analysis of yield and some other quantitative traits in bread wheat. International Journal of Agriculture and Biology 4:523-527.
4. Ahmadian, S., Mortazavian, S.M.M. Ebrahimi, M., Amini, F., Ghorbani Javid, M. and Foghi, B. 2016. Genetic analysis of some morphological traits in wheat using generation mean analysis under normal and drought stress conditions. Journal of Crop Breeding, 8(2): 175-182 (In Persian).
5. Allard, R.W. 1960. Principles of plant breeding. John Wiley and Sons. New York.
6. Amiri, R., Bahraminejad, S., and Cheghamirza, K. 2024. Generation mean analysis for some agronomic traits at two bread wheat crosses under two different moisture conditions. Environmental stresses in crop sciences. Vol. 16, No. 4, pp. 887-904. <http://dx.doi.org/10.22077/ESCS.2023.5120.2110>
7. Alaedin, N., Navabpour, S., and Fathi Sadabadi, M. 2021. Investigation of the relationship between quantitative and qualitative characteristics with yield and yield components in cotton cultivars. Iranian Journal of Cotton Research, 9:2. 145-64. DOI:10.22092/IJCR.2021.356497.1178
8. Ale-Mahdy, E.E., Ismal, A.A., Wad, H.Y.A. and Ohamed, A.A. 2007. The relative merits of breeding and modified recurrent selection in improving seed cotton yield in two segregating population of Egyptian cotton (*G. barbadens* L.). The Second Plant Breeding Conference. October 2,2001:61-79
9. Alishah, O. 2021. Assessment of genetic variability, heritability and association of plant attributes with lint yield and fiber quality in advanced lines of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Iranian Journal of Crop Sciences, 22(4): 350-364 (In Persian with English abstract).
10. Amjad Ali, M., Ahmad Khan, I., Awan, S.I., Ali, S. and Niaz, S. 2008. Genetics of fiber quality traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Australian Journal of Crop Science. 2(1):10-17.

11. Azizi, F., Rezai, A.M., and Saeidi, G. 2006. Generation mean analysis to estimate genetic parameters for different traits in two crosses of corn inbred lines at three planting densities. *Journal of Agricultural Science and Technology* 8(2): 153-169.
12. Baghizadeh, A., Taleei, A., Naghavi, M.R. and Zeinaly, H. 2004. An evaluation of inheritance for some quantitative traits in barley using generation means analysis. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*. 35(4): 851-857.
13. Basal, H., Canavar, O., Khan, N.U., and Cerit, C.S. 2011. Combining ability and heterotic studies through line× tester in local and exotic upland cotton genotypes. *Pakistan Journal of Botany*. 43(3):1699-1706.
14. Doulati, M.A., Alishah, O., Mohammady, A. 2015. Estimation of genetic parameters and gene action for yield and yield components in cotton (*Gossypium hirsutum*). *Applied Agricultural Research*. 27 (105): 10-17.
15. Fathi Sadabadi, M., and Vanda, M. 2021. Selection of elite lines of Hekmat cotton cultivar. Final Reportes Cotton Research Institute of Iran. (In Persian with English Abstract).
16. Ghannadha, M.R. 1998. Gene action for latent period of stripe rust in five cultivars of wheat. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 1: 53-71 (in Persian).
17. Kashif, S., Xue, L., Qi tingxiang, Guo liping, Tang huini, Zhang xuexian, Wang hailin, Zhang meng, Zhang bingbing, Qiao xiuqin, xing chaozhu and wu jianyong. 2019. Genetic analysis of yield and fiber quality traits in upland cotton (*gossypium hirsutum* L.) Cultivated in different ecological regions of china. *Journal of cotton research* 2:14 *journal of cotton research* <https://doi.org/10.1186/s42397-019-0031-4>
18. Kearsley, M. J. and Pooni, H. S. 1996. *The Genetical Analysis of Quantitative Traits*. Chapman & Hall. London.
19. Lamkey, K.R., and Lee, M. 2005. Quantitative genetics, molecular markers and plant improvement. <http://corn2.agron.iastate.edu/Lamkey/Publications/PDF/australia.htm>
20. Mahmud. I. and Karmer, H.H. 1951. Segregation for yield, height and maturity following a soybean cross. *Agronomy Journal*. 43:605-609
21. Mather, K. and Jinks, J.L. 1982. *Biometrical Genetics*. Methuen, London, 162 PP
22. Nyombayire, A. Derera, J. and Sibiya, J. 2018. Genotype x environment interaction and stability analysis for grian yield of diallel cross maize hybrids across tropical medium and highland ecologies. *Journal of Plant Science*. 6(3):101–6. <https://doi.org/10.11648/j.jps.20180603.14>.
23. Reddy, K.B., Reddy, V.C., and Ahmed, M.L. 2016. Combining ability study for yield and its component traits through diallel mating design in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *J Cotton Res Dev*. 30(2):180–4.
24. Sheikh, S., Singh, I. and Singh, J. 2000. Inheritance of some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Annals of Agricultural Research*, 21: 51-54.
25. Toklu, F. and Yagbasanlar, T. 2007. Genetic analysis of kernel size and kernel weight in wheat (*T. aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Science*, 6: 844-848.
26. Sahar, A., Zafar, M.M., Razaq, A., Manan, A., Haroon, M., Sajid, S., Rehman, A., Mo, H., Ashraf, M., Ren, M., Shakeel A. and Yuan, Y. 2021. Genetic variability for yield and fiber related traits in genetically modified cotton. *Journal of Cotton Research*, 19(4):1-9.
27. Song, M., Fan, S., and Pang, C. 2015. Genetic analysis of fiber quality traits in short season cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*. 202(1): 97–108. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-226-x>.
28. Valu, M.G., Madariya R.B., Khanpara, M.D., Ribadiya, K.H., Vekaria, R.K. and Pansuriya, A.G. 2015. Genetic architecture of seed cotton yield and its components in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *AGRES- An International e-Journal*. 4(2):171-177.
29. Warnner, J. N. 1952. A method for estimating heritability- *Agron. J.*44:427-430
30. Ware, J.O. 1932. Inheritance of lint colors in Upland cotton, *Agron. J.* 24. 550– 562.
31. Zeng, L. and Wu, J. 2012. Germplasm for genetic improvement of lint yield in upland cotton: genetic analysis of lint yield with yield components. *Euphytica*, 187(2): 247–61.