

تقدير التباعد الوراثي بين السلالات والهجن الفردية من الذرة الصفراء (*Zea mays L.*)

عبد مسریت احمد الجمیلی

كلية الزراعة-جامعة الأنبار

علي حمید عواد سوید\*

مديرية زراعة الأنبار

## الخلاصة

أدخلت ست سلالات (S<sub>10</sub> -1 و Zn<sub>12</sub> -2 و Sy<sub>24</sub> -3 و Zm<sub>17</sub> -4 و O<sub>18</sub> -5 و Mg<sub>w7</sub> -6) من الذرة الصفراء في تضریب تبادلی نصفی لإنتاج 15 هجين فردي في محطة أبحاث المحاصيل الحقلية العائدة للهيئة العامة للبحوث الزراعية في أبو غريب في الموسم الخريفي عام 2014. زرعت بذور التراكيب الوراثية (6 سلالات +15 هجين فردي) في حقل أحد المزارعين في أبو غريب باستخدام تصميم القطاعات الكاملة المعشاة (R.C.B.D) وبثلاث مكررات في الموسم الخريفي عام 2015، لتقدير التباعد الوراثي بين 6 سلالات وبين 15 هجين فردي باستخدام Mahalanobis D<sup>2</sup> ولعشره صفات مظهرية مثل عدد الأيام للتزهير الأنتوي وارتفاع النبات وارتفاع العرنوص العلوي وعدد أوراق النبات والمساحة الورقية وعدد عرائص النبات وطول العرنوص وعدد صفوف العرنوص ووزن حبة وحاصل حبوب النبات. اظهر التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية بين متوسطات التراكيب الوراثية في جميع الصفات المدروسة. توزعت السلالات الستة المدروسة في ثلاثة مجاميع مختلفة بالاعتماد على التحليل العنقودي (Cluster analysis). تضمنت المجموعة الأولى (Cluster I) على ثلاثة سلالات رقم 1 و 2 و 5 وتضمنت المجموعة الثانية (Cluster II) على سلالتين رقم 3 و 4 وتضمنت المجموعة الثالثة (Cluster III) على سلاله واحده فقط رقم (6).

أظهرت أعلى المتوسطات لجميع الصفات المدروسة والتي من ضمنها حاصل حبوب النبات بوزن 146 غم في المجموعة الثالثة (Cluster III)، عدا متوسط ارتفاع العرنوص بارتفاع 69.83 سم وادنى المتوسطات لعدد الأيام للتزهير الأنتوي بواقع 61.50 يوم وجدت في المجموعة الثانية (Cluster II). كانت المسافات بين المجاميع (Inter-cluster) أكبر من المسافات للمجاميع (Intra cluster). مما يؤكد على أن هناك تباعد وراثي واسع بين سلالات المجاميع المختلفة، ولوحظت بأن أعلى مسافة كانت بين المجموعة الأولى والثالثة بلغت 6.49 وأقل مسافة كانت بين المجموعة الثانية والمجموعة الثالثة بحدود 3.85، أن أعلى مسافة للمجاميع لوحظت عند المجموعة الأولى كانت 3.03 وأقل مسافة كانت عند المجموعة الثالثة. أما بالنسبة للهجن الفردية التي هي إباء للهجن الزوجية فقد توزعت على ستة مجاميع مختلفة، تضمنت المجموعة الأولى تسعة هجن فردية أرقامها 1 و 2 و 3 و 4 و 5 و 6 و 9 و 10 و 11، وتضمنت المجموعة الثانية 7، والثالثة 8، والخامسة 13، والسادسة 15، وتضمنت المجموعة الرابعة على هجينين فرديين هما 12 و 14. ان أعلى متوسط لارتفاع النبات ولعدد أوراق النبات والمساحة الورقية ولعدد صفوف العرنوص ولطول العرنوص بلغ 17.34 سم ولوزن حبه بمقدار 65.00 غم ولحاصل حبوب النبات بواقع 174.17 غم، لوحظت في المجموعة الرابعة.

ان أعلى متوسط لارتفاع العرنوص بلغ 82.33 سم لوحظ في المجموعة الثانية، وأعلى متوسط لعدد عرائص النبات بحدود 1.30 لوحظ في المجموعة السادسة، بينما كان أقل متوسط لعدد أيام التزهير الأنتوي

\* البحث مستل من أطروحة الدكتوراه الباحث الثاني

كان 58.00 يوم لوحظ في المجموعة الخامسة والسادسة. كانت المسافات بين المجموع (Inter-clusters) اكبر من المسافات للمجموع (Intra-clusters) مبينا بأن هناك تباعد وراثي كبير مآبين هجن المجموع المختلفة . لوحظت بأن الأعلى مسافة كانت بين المجموعة الرابعة والمجموعة السادسة بلغت 7.03، وأن المسافة الأقل كانت بين المجموعة الأولى والمجموعة الثانية والتي كانت 3.54. بينما الأعلى مسافة للمجموع (Intra-clusters) كانت للمجموعة الأولى بواقع 3.76.

## **Estimation of Genetic Diversity among Inbred lines and Single Hybrids of Maize (*Zea mays* L.)**

A. M. Ahmed  
Coll. Of Agri.-Univ. of Anber

A. H. A. Sweed  
Ministry of Agri. Anbar office

### **Abstract**

Six inbred lines (1-S<sub>10</sub>, 2-Zn<sub>12</sub>, 3-Sy<sub>24</sub>, 4-Zm<sub>17</sub>, 5-O<sub>18</sub>, 6-Mgw<sub>7</sub>) of maize were crossed in half diallel to produce 15 single cross in Field Crops Research–Abu Ghraib in fall season 2014. Seeds of genotypes (6 lines +15 single cross) have been planted in field of a farmer in Abu-Ghraib, using randomized complete block design (R.C.B.D), with three replicates in fall season of 2015, to evaluate the performance of these lines and hybrids and to estimate genetic diversity among 6 lines and 15 single cross by using Mahalanobis D<sup>2</sup> statistic for 10 morphological traits Viz. days to silking, plant height, ear height, leaves number, leaf area, ear number per plant, ear length, rows number per ear, 250-kernel weight and yield kernel per plant.

Statistical analysis showed significant variation among maize genotypes for all studied traits. The six inbred lines were grouped into three different clusters by using cluster analysis. The cluster I contained the highest number of lines 1, 2, 5 cluster II contained towlines 3 and 4 and cluster III contained one line 6. The highest mean values for all traits, which, in clouding grain yield per plant about 146g were observed in cluster III, except ear height with 69.83 cm, and the lowest mean value for days to 50% silking as 61.50 day were found in cluster II. The inter-cluster distances were larger than intra-cluster distances, suggesting wider genetic diversity among the lines of different groups. The highest inter-cluster distance was observed between cluster I and cluster III with 6.49, and lowest between cluster II and cluster III with 3.85. The highest intra-cluster distance was noticed in cluster I as 3.3%. and lowest for cluster III. Fifteen hybrids were grouped into six clusters, The cluster I contained the highest number of hybrids 1, 2, 3, 4, 5, 6, 9, 10 and 11 cluster II, III, V, and VI contained one hybrid for each one 7, 8, 13 and 15 respectively, while cluster IV contained tow hybrids 21 and 14. The highest mean values for plant height, leaves number per plant, leaf area, ear length, rows number per ear by 17.34, 250-kemel weight with 65.00 g and grain yield per plant as 174.17 g were observed in the cluster IV.

The mean of ear height with 82.33cm was the highest in cluster II and the mean highest for number of ears per plant about 1.30 was the highest in cluster VI.

The lowest mean value for days to silking with 58.00 day was found in cluster V and cluster VI. The inter cluster distances were larger than intra-cluster distances, suggesting wider genetic diversity among the hybrids of different groups. The highest inter-cluster distance was observed between cluster IV and cluster VI with 7.03, and the Lowest between cluster I and cluster II about 3.54. The highest intra-cluster distance was noticed in cluster I about 3.76.

### المقدمة

تعد الذرة الصفراء (*zea mays L.*) من أهم محاصيل الحبوب إذ تزرع على نطاق واسع في العالم ومن ضمنها العراق، وتحتل المرتبة الثالثة بعد الحنطة والشعير من حيث المساحة والإنتاج، وتستخدم حبوبها كغذاء للإنسان وكعليقه مركزه للدواجن والحيوانات لما تحتويه من كربوهيدرات ونشأ وبعض الفيتامينات إضافة إلى استخدام أجزائها الخضرية كعلف للحيوان. وتمتاز عن غيرها من المحاصيل خلطيه التلقيح بسهولة إجراء عمليات التربية والتحسين عليها لاسيما التهجين كون النورة الذكرية مفصولة عن النورة الأنثوية وهو من العمليات المهمة ويهدف إلى زيادة التباينات بين أفراد الجيل الثاني وما بعده وحصول الإنعزالات الوراثية وإعطاء التراكيب الجديدة نتيجة التوليفات الجينية والتي يستفاد منها في إنتاج السلالات أو الهجن أو الأصناف المختلفة. بلغت المساحة المزروعة في العراق 117.00 ألف هكتار وأنتجت ما يقارب 267 ألف طن أي بمعدل 2252 كغم ه<sup>-1</sup> (11).

إن زراعة محصول الذرة الصفراء في العراق لا تزال دون المستوى المطلوب على الرغم من نشر بعض الهجن الثلاثية والأصناف التركيبية، ولغرض النهوض بزراعة هذا المحصول وزيادة غله وحده المساحة لأبد من القيام بتنفيذ برامج تربيته وتحسين وراثي لإنتاج هجن فرديه وزوجيه وإدخالها في الزراعة لما تحمله من مواصفات جيدة في الإنتاج بعد معرفة التباعد الوراثي Genetic diversity بين الآباء الستة وبين الهجن الفردية الناتجة منها بعد إدخالها في تضريب تبادلي نصفني، باعتبارها آباء للهجن الزوجية وإدخالها في تجريبه مقارنة وفق تصميم معين لمعرفة الفروق المعنوية لها، وإجراء التحليل العنقودي Clusteres analysis بالاعتماد على agglomerative لتبسيط البيانات عن طريق تجميع التراكيب الوراثية في مجاميع (cluster) للصفات المدروسة وحسب تشابه نمط الاستجابة، والذي يعتبر من الأدوات الجيدة بيد مربّي النبات لتقييم التباعد الوراثي بين جينات الآباء من الذرة الصفراء وتحديد مواقع الصفات الكمية والمحافظة على الأصول الوراثية والذي يعمل على تصنيفها أو تقسيمها إلى مجموعات حسب تقاربها أو تباعدها الوراثي وذلك بالاعتماد على حساب مسافات Euclidean والتي تعبر عن مقدار التباعد dissimilarity بين معدلات المتغيرات الكمية وتكوين dendrogram الذي يبين توزيع التراكيب الوراثية المدروسة إلى مجاميع (Clusteres) وبحسب أدائها وأصولها (Pedigree) الوراثية.

توجد طرائق متعددة لهذا التحليل منها طريقة Toujstep وطريقة K-Means التي تستعمل عند القدرة على تحديد المجموعات (Clusteres) وطريقة التجمع الهرمي (Hierarchical) (32)، التي تسمح باختيار مسافه محده واختبار طريقة الارتباط وطريقة Wards Minimum Variance (17 و 18)، وطريقة Tocher الموصوفة من قبل (26) والتي استعملها (30) من خلال حساب قيم  $D^2$  بين التراكيب الوراثية بعد

ترتيبها ووضعها في جدول يتضمن الآباء وقيم  $D^2$  وترتيبها يكون من الأقل مسافة إلى الأعلى مسافة فهذه الطريقة هي التي اعتمدت في دراسة التباعد الوراثي، وكلما زادت المسافة بين المجموعتين زاد التباعد والعكس بالعكس، والتركييب الوراثية التي تقع تحت أي مجموعة أكثر تقاربا من بعضها البعض عن التركييب الوراثية التي تقع تحت مجموعة أخرى، بمعنى ان التركييب التي تقع معا في مجموعه واحده اقل تباعدا من التركييب تلك التي تقع تحت مجموعه أخرى وان رسم dindrogram يوفر معلومات عن العلاقة بين مختلف المجموعات وكذلك يبين قدرة الصفة على تميز تلك التركييب الوراثية إلى مجموعات متميزة من خلال تقاربيها وتباعدها من خلال وحده القياس لها فاذا كانت واطئة فتكون غير مفيدة على تمايز في التحليل العنقودي والعكس صحيح. ومن الباحثين الذين درسوا التباعد الوراثي بين تراكييب وراثيه مختلفة العدد من الذرة الصفراء وتوزيعها الى مجاميع مختلفة منهم (4 و9 و12 و13 و14 و23 و33).

تهدف هذه الدراسة الى تقدير التباعد الوراثي بين السلالات وبين الهجن الفردية الناتجة منها باعتماد التضريب التبادلي النصفى وبعبارها (الهجن الفردية) آباء لإنتاج الهجن الزوجية من الذرة الصفراء عن طريق تصنيف أو تقسيم هذه التركييب الوراثية (السلالات والهجن الفردية) إلى مجموعات (Clusters) متشابه من حيث امتلاكها أقل مسافة أو ابعد مسافة اعتمادا على التقنية الإحصائية  $Mahalanobis D^2$  للاستفادة منها كأباء متباعدة وراثيا وإدخالها في برامج التربية لإنتاج هجن فرديه من السلالات وإنتاج هجن زوجيه من الهجن الفردية ذات قوه هجنيه عالية وبالتالي زياده في حاصل حبوب النبات وكذلك يمكن الاستفادة منها في الإنعزالات الوراثية في تحسين صفه معينه .

#### المواد وطرائق العمل

زرعة بذور 6 سلالات من الذرة الصفراء تم الحصول عليها من محطة أبحاث الذرة الصفراء العائدة لمديرية أبحاث المحاصيل في أبو غريب و15 هجين فردي تم الحصول عليها باستعمال التضريب التبادلي النصفى للسلالات الستة بخطوط وبواقع خطين لكل تركيب وراثي بطول 5م وبمسافة 0.20 م بين الجور و0.75 بين الخطوط في تجربة مقارنة وفق تصميم RCBD وبثلاث مكررات لمقارنتها في حقول أحد المزارعين في أبي غريب (الزيدان) في الموسم الخريفي 2015.

سمدت ارض التجربة بسماد المركب N:P (27:27) بمعدل 300 كغم ه<sup>-1</sup> أضيفت جميعها عند الزراعة وأضيف سماد اليوريا (N%46) بواقع 300 كغم ه<sup>-1</sup> على دفعتين الأولى عند وصول النبات ارتفاع 30 سم والثانية عند بزوغ النورات الذكورية . استخدمت مادة الاترازين 85% مادة فعالة بمعدل 3.25 كغم ه<sup>-1</sup> لمكافحة الأدغال حيث أضيفت بعد الري الأولى وقبل بزوغ البادرات كوفحت حشرة حفار ساق الذرة Sesamia criteca باستعمال مادة الديازونون المحبب بتركيز 10% بمعدل 4 كغم ه<sup>-1</sup>، وأضيفت تلقيا ولمرتين الأولى عند مرحلة 5 أوراق والثانية بعد أسبوعين من مكافحة الأولى.

أجريت عملية الري حسب ما موصى بها. في نهاية الموسم تم جني عرانيص النباتات للهجن الفردية والسلالات عند وصولها مرحلة النضج الفسيولوجي بصورة منفصلة ثم جففت وأجريت الدراسات للصفات المطلوبة الأتية وهي التزهير الأنثوي وارتفاع النبات والعروض العلوي وعدد الأوراق والمساحة الورقية وعدد

عرانيس النبات وطول العرنوص وعدد صفوف العرنوص ووزن 250 حبة وحاصل حبوب النبات بعد تعديلها على أساس رطوبة 15.5 % في الحبوب (10) .

خضعت البيانات التي تم الحصول عليها للسلاطات الست والهجن الفردية في الصفات المدروسة الى التحليل الإحصائي لمعرفة الفروق المعنوية لمتوسط مربعات السلاطات في كل صفة وبعد معرفة المعنوية تخضع البيانات الى برنامج إحصائي لتقدير التباعد الوراثي بين السلاطات بالاعتماد على تحليل  $D^2$  وذلك من خلال تحويل متوسطات التراكيب في كل صفة إلى متوسطات غير مرتبطة بالاعتماد على طريقه Pivotal المذكور في كتاب (30).

بعد إجراء تحليل التباين لكل صفة وفق التصميم المستخدم لمعرفة الفروق المعنوية باختبار الـ F ، وقورنت المتوسطات الحسابية باستعمال اختبار الفرق المعنوي الأصغر L.S.D وبناءً على وجود الفروق المعنوية تم تقدير التباعد الوراثي بين التراكيب الوراثية باستعمال التحليل العنقودي والذي يتضمن عدة خطوات، نبدأ بحساب التباين مشترك بين صفتين للحصول على متوسط المربعات للتراكيب والخطأ التجريبي وتكوين مصفوفة وإدخالها في حساب Pivotal للتوصل إلى عدد من المعادلات وإدخال المتوسطات الأصلية للتوصل إلى القيم الغير مرتبطة لكل تركيب وراثي ضمن كل صفة ، عند ذلك نحسب التباعد الوراثي  $D^2$  بين التراكيب الوراثية من خلال حساب الفرق بين متوسطين غير مرتبطين لأي تركيبين ضمن الصفة ولجميع الصفات المدروسة ثم تربيع الفروق ونجمعها للتوصل إلى قيمة التباعد  $D^2$  وحسب المعادلة الأتية

$$D^2_{ij} = \Sigma (Y_i - Y_j)^2$$

وتكون عدد القيم  $D^2$  مساوي إلى  $n(n-1)/2$  حسب ما ذكرها (25)، واستعملها (26 و 27 و 30).

تكوين الشجرة العنقودية بالاعتماد على طريقه UPGMA لتكوين dendrogram، إذ تحسب مسافات Euclidean التي تعبر عن درجة التشابه بين معدلات المجاميع من مصفوفة لدرجة التشابه بين التراكيب التي تسمى Proximities matrix. تم تجميع التراكيب الوراثية في مجاميع مختلفة اعتماداً على قيم  $D^2$  وحسب الطريقة المقترحة من قبل Tocher الموصوفة من قبل (25) واستعملها (26 و 30).

### النتائج والمناقشة

يبين جدول 1 المقاييس الوصفية الإحصائية القيمة الأعلى والأدنى والمدى والمتوسط والانحراف المعياري والتباين ومعامل الاختلاف لكل صفة مدروسة إذ يلاحظ من التباين وجود اختلافات واسعة لكل الصفات المدروسة وهذه نتيجة الاختلاف بين التراكيب الوراثية، هناك مدى عالي ما بين أعلى القيم وأقلها وكذلك يوجد تباين عالي لصفة ارتفاع النبات ولصفة المساحة الورقية وحاصل حبوب النبات للإباء، كما يبين جدول 2 هناك مدى عالي ما بين القيم وأقلها وكذلك يوجد تباين عالي لصفة ارتفاع العرنوص ولصفه المساحة الورقية وحاصل حبوب النبات في الهجن الفردية، مما يؤكد على وجود اختلاف عالي بين التراكيب الوراثية لتلك الصفات وهذا الاختلاف الكبير يمكن أن يستفاد منه مربي النبات في تحسين تلك الصفات عند انتخاب الآباء أو عند إجراء عملية التهجين لإنتاج هجن فردية أو زوجية (2 و 5 و 6 و 15 و 24 و 32).

## جدول 1 المقاييس الوصفية للآباء للصفات المدروسة

الصفات المدروسة	الأدنى	الأعلى	المتوسط	الانحراف المعياري	التباين	معامل الاختلاف %
التزهير الأثوي (يوم)	61.00	65.00	63.00	1.55	2.40	2.46
ارتفاع النبات (سم)	120.00	172.00	154.56	19.01	361.38	12.29
ارتفاع العرنوص (سم)	64.00	71.33	66.89	2.60	6.76	3.88
عدد الأوراق	13.03	15.50	14.28	0.91	0.828	6.37
المساحة الورقية (سم <sup>2</sup> )	3166.57	3473.87	3308.24	111.31	12389.92	3.36
عدد العرائيص	1.11	1.17	1.13	0.02	0.0004	1.76
طول العرنوص (سم)	16.00	17.00	16.37	0.44	0.194	2.68
عدد الصفوف بالعرنوص	13.93	16.00	15.32	1.12	1.254	7.31
وزن 250 حبه (غم)	59.00	61.00	60.00	0.89	0.792	1.48
حاصل حبوب النبات (غم)	118.00	146.00	130.67	9.52	90.6	7.28

## جدول 2 المقاييس الوصفية للهجن الفردية المدروسة اعتماداً على الصفات المدروسة

الصفات المدروسة	الأدنى	الأعلى	المتوسط	الانحراف المعياري	التباين	معامل الاختلاف %
التزهير الأثوي (يوم)	58.00	63.00	61.13	1.60	2.56	2.62
ارتفاع النبات (سم)	161.00	177.00	169.27	4.57	20.88	2.72
ارتفاع العرنوص (سم)	63.33	82.33	73.53	5.26	27.67	7.15
عدد الأوراق	9.07	17.00	14.40	1.91	3.65	13.26
المساحة الورقية (سم <sup>2</sup> )	3133.83	4844.87	3761.55	502.01	252014.04	13.35
عدد العرائيص	1.22	1.30	1.25	0.02	0.0004	1.6
طول العرنوص (سم)	16.00	19.00	17.07	0.87	0.757	4.58
عدد الصفوف بالعرنوص	13.33	17.50	15.97	1.50	2.25	9.39
وزن 250 حبه (غم)	59.00	65.00	62.84	1.64	2.69	2.61
حاصل حبوب النبات (غم)	145.67	174.33	159.00	9.62	92.54	6.05

تم الاعتماد على طريقة Tocher للتجميع في الحصول على مصفوفة قيم  $D^2$  توزعت التراكيب الوراثية المدروسة من الذرة الصفراء إلى ثلاثة مجاميع في الآباء (جدول 3) تضمنت المجموعة الأولى (Cluster 1) ثلاثة تراكيب 1 و 2 و 5 وتضمنت المجموعة الثانية (Cluster II) تركيبين وراثيين هما 3 و 4، بينما المجموعة الثالثة (Cluster III) تضمنت تركيب واحد 6 ودلت نتائج التحليل العنقودي ان التراكيب الوراثية الثلاثة (السلالات) 1 و 2 و 5 كانت الأكثر تشابهاً لامتلاكها أقل بعد وراثي بينها وذلك بسبب امتلاكها أقل مسافة Euclidean وهذا يشير إلى تشابه الجينات التي تسيطر على صفه حاصل حبوب النبات ، في حين حصلت أعلى مسافة Euclidean للتركيب الوراثي 6 والتي تدل على البعد الوراثي لهذا التركيب عن باقي التراكيب الوراثية الأخرى والذي يعود سببه إلى اختلاف أصلها الوراثي.

بين جدول 4 ان الهجن الفردية قد توزعت على ست مجاميع، تضمنت المجموعة الأولى على 9 هجن فردي أرقامها (1 و 2 و 3 و 4 و 5 و 6 و 9 و 10 و 11) وتضمنت المجموعة الثانية على هجين فردي واحد رقمه 7 والمجموعة الثالثة على هجين فردي رقمه 8 والخامسة على هجين فردي رقمه 13 والسادسة أيضاً على

هجين فردي واحد رقمه (15). أما المجموعة الرابعة فقد تضمنت على هجينين فرديين هما رقمهما (12 و 14) تبين من هذا التوزيع بأن تراكيب المجموعة الأولى كانت الأكثر تشابها لامتلاكها أقل مسافة مما يشير الى تشابه الجينات التي تسيطر على صفه حاصل حبوب النبات في حين حصلت أعلى مسافة للتراكيب التي أرقامها 7 و 8 و 13 و 15 لأنها تمتلك أكثر بعد وراثي عن تراكيب المجموعة الأولى والرابعة وذلك بسبب اختلاف أصلها الوراثي. تتفق هذه النتائج مع كل من (1 و 3 و 6 و 8 و 12 و 20 و 24 و 32).

### جدول 3 عدد المجاميع والسلالات المتضمنة وأرقامها لكل مجموعته حسب التحليل العنقودي Cluster Analysis

المجموعة	عدد التراكيب الوراثية	رقم التركيب الوراثي	النسبة %
I	3	1 و 2 و 5	50
II	2	3 و 4	33.33
III	1	6	16.67

### جدول 4 عدد المجاميع المتضمنة للهجن الفردية وأرقامها لكل مجموعته وحسب التحليل العنقودي

المجموعة	عدد التراكيب	رقم التراكيب الوراثية	التراكيب الوراثي	النسبة للتراكيب الوراثية %
I	9	1 و 2 و 3 و 4 و 5 و 6 و 9 و 10 و 11	(1×2), (1×3), (1×4), (1×5), (1×6), (2×3), (2×6), (3×4), (3×5)	60
II	1	7	(2×4)	6.67
III	1	8	(2×5)	6.67
IV	2	12 و 14	(3×6), (4×6)	13.33
V	1	13	(4×5)	6.67
VI	1	15	(5×6)	6.67

يبين جدول 5 معدلات الصفات المدروسة حسب التحليل العنقودي للإباء ففي الآباء يلاحظ تفوق المجموعة الثالثة في ارتفاع النبات، عدد الأوراق، المساحة الورقية، عدد عرانيص النبات، طول العرنوص، عدد صفوف العرنوص، وزن حبه وحاصل حبوب النبات أما المجموعة الثانية (II) فقد تفوقت في التبرير في التزهير الأنثوي وفي ارتفاع العرنوص أما المجموعة الأولى فلم يظهر لها أي تفوق في أي صفة من الصفات المدروسة (6 و 7 و 17 و 33). تشير معدلات الصفات المدروسة في جدول 6 حسب التحليل العنقودي للهجن تفوق المجموعة الرابعة في ارتفاع النبات وعدد الأوراق والمساحة الورقية وطول العرنوص بلغ 18.16 سم وعدد صفوف العرنوص بعدد 17.34، ووزن حبة بحدود 65.00 غم وحاصل حبوب النبات مقداره 174.17 غم بينما تفوقت المجموعة الثانية في ارتفاع العرنوص والمجموعة السادسة في التبرير في التزهير الأنثوي وعدد عرانيص النبات. أما المجموعة الأولى والثالثة والخامسة فلم تتفوق في أي صفة من الصفات المدروسة. نستنتج من ذلك انه بالإمكان التهجين بين التراكيب الوراثية التي كانت ضمن المجموعات المختلفة لان ذلك يعد مؤشرا على إمكانية الحصول على قوه هجين عالية والاستفادة من الانعزالات الوراثية في تحسين صفه معينة.

هذه النتائج تتفق مع ما وجدته (2 و 5 و 21 و 24 و 31) إن امتلاك تراكيب متميزة ومتباعدة وراثيا يعد الاساس لنجاح أي برنامج تحسين. وعليه يمكن استعمال المجموعات المتفوقة في برنامج التهجين الفردي والزوجي لتحسين صفه معينه، وكذلك تقييم البعد الوراثي يمكن ان تحسب كفاءه البرنامج عن طريق تجميع

الايالات المرغوبة خاصة عند استعمال التقانات الجزيئية (2 و 24) وعند عدم توافر الأخيرة فإن استعمال التحليل العنقودي (Cluster analysis) سيكون الحل الأمثل لتقدير البعد الوراثي وقد يستعمل كنتاج تدعم التحاليل الوراثية والجزيئية الأخرى لتقدير الأصل الوراثي. يبين جدول 7 و 8 قيم الأبعاد الوراثية  $D^2$  بين التراكيب الوراثية (الآباء) والهجن الفردية حيث بلغ متوسط قيم المسافات الوراثية بين الآباء المدروسة بحسب قيم  $D^2$  من أعلى قيمه للبعد الوراثي في الآباء لكل من الأب 2 والأب 5 مع الأب 6 بلغت 6.57 يليها قيمه البعد الوراثي للاب 1 والأب 6 بلغت 6.32 وأقل قيمه للبعد الوراثي بلغ 2.06 للاب 3 والأب 4، أما بقية المسافات بين الآباء المدروسة فكان وسطا بين هاتين القيمتين.

جدول 5 معدلات الآباء للصفات المدروسة للمجموعات حسب التحليل العنقودي

المجاميع	تزهير أنثوي (يوم)	ارتفاع نبات(سم)	ارتفاع العرنوص (سم)	عدد الأوراق	المساحة الورقية (سم <sup>2</sup> )	عدد العرائص	طول العرنوص (سم)	عدد الصفوف	وزن حبه (غم)	حاصل حبوب النبات(غم)
I	64.33	142.00	65.89	13.62	3220.13	1.12	16.00	14.42	59.33	124.00
II	61.50	164.67	69.83	14.65	3357.59	1.13	16.00	15.84	60.50	133.00
III	62.00	172.00	64.00	15.50	3473.87	1.17	17.00	17.00	61.00	146.00

جدول 6 معدلات الهجن للصفات المدروسة للمجموعات وحسب التحليل العنقودي

المجموعة	التزهير الأنثوي (يوم)	ارتفاع النبات (سم)	ارتفاع العرنوص (سم)	عدد الأوراق	المساحة الورقية (سم <sup>2</sup> )	عدد العرائص	طول العرنوص (سم)	عدد الصفوف	وزن حبه (غم)	حاصل حبوب النبات (غم)
I	61.56	167.44	72.11	14.55	3750.12	1.25	17.02	15.61	63.11	158.59
II	62.00	174.00	82.33	14.63	3265.17	1.28	16.50	15.17	62.67	148.67
III	62.00	171.00	75.33	14.07	3544.77	1.25	16.50	16.67	59.00	155.00
IV	61.50	176.00	79.84	16.85	4256.01	1.24	18.16	17.34	65.00	174.17
V	58.00	172.00	73.33	14.20	3849.37	1.22	17.00	16.00	61.00	152.67
VI	58.00	163.00	63.33	13.50	3500.90	1.30	16.50	16.50	62.00	153.00

جدول 7 قيم الأبعاد الوراثية بين الآباء (السلالات)

الآباء	1	2	3	4	5	6
1	0.0	2.48	5.13	3.80	3.07	6.32
2	0.0	0.0	5.13	3.63	2.07	6.57
3	0.0	0.0	0.0	2.06	5.14	3.90
4	0.0	0.0	0.0	0.0	3.67	3.80
5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.57
6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

أما قيم الأبعاد الوراثية  $D^2$  بين التراكيب الوراثية (الهجن الفردية) فكان أعلى متوسط قيم للمسافات الوراثية بين الهجين الفردي 12 و 15 بلغ 7.15 يليه قيمه البعد الوراثي بين 14 و 15 بلغ 6.90، ثم يليه البعد الوراثي بين 8 و 12 بلغ 6.88، وأقل قيمه للبعد الوراثي كانت بين الهجين 6 و 11 بلغت 1.94. أما بقية

المسافات بين الهجن المدروسة كانت وسطا بين أقل القيم وأعلىها. وتتفق هذه النتائج مع كل من (5 و 21 و 22 و 32). يبين جدول (9) معدل قيم  $D^2$  للتراكيب الوراثية ضمن كل مجموعته والقيم مآبين تراكيب أي مجموعتين للآباء كانت المسافة بين مجاميع الآباء أوطأ من المسافة مآبين تراكيب أي مجموعتين من هذه المجاميع الثلاثة، وان التراكيب الموجودة ضمن أي مجموعته فأنها تمتلك اقل بعد وراثي بينها.

جدول 8 قيم الأبعاد الوراثية بين التراكيب الوراثية (الهجن الفردية)

الهجن الفردية	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	0.0	4.25	3.75	2.82	5.27	2.06	3.19	3.13	3.07	4.11	2.33	6.09	4.04	5.42	4.62
2	0.0	2.51	4.83	4.42	3.98	5.73	5.88	3.33	5.59	3.26	4.97	4.48	5.03	4.46	4.46
3	0.0	0.0	4.50	2.80	3.89	4.32	5.07	2.75	2.69	3.59	3.82	4.01	3.85	4.24	4.24
4	0.0	0.0	0.0	5.29	3.87	3.58	5.22	4.43	5.08	3.74	6.20	4.50	5.33	5.92	5.92
5	0.0	0.0	0.0	0.0	5.18	4.41	6.25	3.65	3.24	5.45	3.06	4.98	3.35	5.11	5.11
6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.90	3.05	2.64	4.06	1.94	5.65	3.95	5.04	4.50	4.50
7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.40	3.71	4.42	3.82	5.35	4.61	4.72	5.26	5.26
8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.89	5.19	4.12	6.88	4.25	6.31	5.35	5.35
9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.50	2.64	4.92	2.93	4.23	4.07	4.07
10	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.85	3.43	4.75	3.30	5.63	5.63
11	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.28	3.38	5.56	3.78	3.78
12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.49	2.43	7.15	7.15
13	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.57	4.75	4.75
14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.90	6.90
15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

كانت أعلى مسافة بين المجاميع بلغت 3.03 وهي عائده للمجموعة الأولى وأقل مسافة بلغت صفر الذي كان عائدا للمجموعة الثالثة لأنها تتضمن تركيب وراثي واحد. وبلغت أعلى مسافة 6.57 وكانت بين التراكيب الوراثية للمجموعة الأولى والتراكيب الوراثية للمجموعة الثالثة مما يشير إلى ان أكثر اختلافا وراثيا بين هاتين المجموعتين، وان التراكيب الوراثية العائدة لهاتين المجموعتين واللاتي يمتلكن أعلى مسافة إحصائية يمكن استخدامها في برامج التهجين للحصول على قوه هجين عالية ولذلك يمكن الاستفادة منها في الانعزالات الوراثية لتحسين صفه معينه. تتفق هذه النتائج مع كل من (3 و 4 و 5 و 7 و 9 و 14 و 21 و 26).

يبين جدول 10 معدلات قيم  $D^2$  للتراكيب الوراثية ضمن كل مجموعة والقيم ما بين تراكيب أي مجموعتين للهجن الفردية وفي الهجن الفردية كآباء للهجن الزوجية كانت المسافة بين المجاميع الستة أوطأ من المسافة بين تراكيب أي مجموعتين من هذه المجاميع. وان التراكيب الوراثية (الهجن الفردية) الموجودة ضمن أي مجموعة فأنها تمتلك أقل بعد وراثي بينها.

إذ كانت أعلى مسافة بين المجاميع الستة عائده للمجموعة الأولى بلغت 3.89 وأقل مسافة بلغت صفر وهي عائده للمجموعة الثانية والثالثة والخامسة والسادسة لان كل مجموعته من هذه المجاميع تتضمن

تركيب وراثي واحد فقط (هجين فردي). أما أعلى مسافة بين تراكيب أي مجموعتين فقد كانت بين تراكيب (الهجين الفردي) المجموعة الرابعة وتراكيب المجموعة السادسة بلغت (7.03) وتليها المسافة بين تراكيب المجموعة الثانية وتراكيب المجموعة السادسة التي بلغت 6.60 وهذه المسافة أيضاً كانت بين تراكيب المجموعة الثالثة وتراكيب المجموعة الرابعة. مما يشير إلى ان أكثر اختلافا وراثيا كان بين هذه المجاميع لأنها تمتلك أعلى مسافة وعليه يمكن استخدام تراكيبها الوراثية (الهجين الفردي) في برامج التهجين للحصول على قوه هجين عالية وبالتالي زيادة في حاصل حبوب النبات للهجين الزوجية وكذلك يمكن الاستفادة منها في الانعزالات الوراثية في تحسين صفة معينة. تتفق هذه النتائج مع كل من (5 و16 و20 و28).

جدول 9 معدلات قيم  $D^2$  للمجاميع وبين المجاميع للسلالات

السلالات			
	I	II	III
I	3.03	4.41	6.49
II		2.06	3.85
III			0.00

جدول 10 معدلات قيم  $D^2$  للمجاميع وبين المجاميع للهجين الفردي

الهجين الفردي						
	I	II	III	IV	V	VI
I	3.98	4.03	4.74	4.75	4.11	4.70
II		0.00	4.40	5.04	4.61	5.26
III			0.00	6.60	4.25	5.35
IV				2.43	5.03	7.03
V					0.00	4.75
VI						0.00

#### المصادر

- 1- Ahmed, S, 2013. Study of Genetic Diversity in Maize .Inbred Lines for The Development of Hybrids .PhD. Thesis, Dep. of Gen. and plant Breeding. Bangladesh Agri. Uni. Bangladesh.
- 2- Ahmad, S. Q; S. Khan, M. Ghaffel and G. Ahmad, 2011. Genetic diversity analysis for yield and other parameters in maize genotypes .Asian J. of Agri-Sci. Bak. J. of Biol. Sci. 3(5):385-388.
- 3- Alam, M. S. and M. F. Alam, 2009. Studies on combining ability in inbred lines of maize using line x tester method. Inter. J. Sustainable Agri. Technology. 5(3):32-36.
- 4- Aloam, A .K .M. M.; A. S .M. H. Masum; N. Nahar; M. A. Matin and A .K .M .J. Pasha .2003. Genetic divergence in maize. 6 (22): 1910 - 1911.
- 5- Amin, M. N., M, Amiruzzaman; A. Ahmed, M. M. Rohman and M. R. Ali, 2013 Genetic diversity of white inbred lines of quality protein maize .Eco friendly Agri. J.6(09):198-198.

- 6- Azad, M. A. K.; Biswas, N. Alam and S. S. Alam, 2012. Genetic diversity in maize inbred lines .The Agricultrists.10:64-70.
- 7- Betran, F. J., J. M. Ribaut, D. Beck and D. G. Leon, 2003. Genetic diversity. specific combining ability and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. Crop Sci.43:797-806.
- 8- Chen, F. B., K. C. Yang, T. Z. Rong and G. T. Pan, 2007. Analysis genetic diversity of maize hybrids in the regional tests of Sichuan and Southwest China, Acta Agro .Sin.33:284-291.
- 9- Dahiya, D. and B. K. Mukherjee, 2004. Genetic divergence among maize inbreds and restricting traits for group constellation. Indian .J. of Genetics and plant breeding .64(3):201-207.
- 10- Elshookie, M. M., 1990. Maize Production and Breeding. Mosul Press. Iraq. pp. 400.
- 11- FAO, 2011. <http://www.Fao.Org/Crop/statistics/ar/>.
- 12- Ganesh, K. N, G. Nallathambi, N. Thura, Senthil and P. M. Tamilarasi, 2010. Genetic divergence analysis in indigenous maize germplasms. Elect. J. Plant Breeding 1(4):1241-1243.
- 13- Hema vathy, A.T.; S. M. Ibrahim; and Aiywaraya, 2006. Genetic divergence studies in maize .Agric. Sci .Digest. 26(4):303-305.
- 14- Hoque, M. M., M. Asaduzzaman, M. M. Rahman, S. Zaman and S. A. Begum, 2008. Genetic divergence in maize. Bang. J. Agei. Res. 9:145-148.
- 15- Iqbal, J. ; Z. Kh. Shinwari and M. A. Rabbani, 2015. Maize germplasm agromorphological characterization based on descriptive, cluster and principal component analysis. Pak. J. Bot. 47(5):255-264.
- 16- Ivy, N. A, M. S. Uddin, R. Sultana and M. M. Masud, 2007. Genetic divergence in maize. Bangladeshi .J. Plant Breeding Genetic. 20:53-56.
- 17- Khodarahmpour, Z., 2012. Morphological classification of maize genotypes in heat stress condition. J. of Agri. Sci. 4(5):31-40.
- 18- Khodarahmpour, Z. and R. Choukan, 2011. Study of the genetic variation of maize inbred lines in heat stress condition using cluster analysis. seed and Plant j. 4:1-27.
- 19- Kumar, P. S., 2008. Studies on genetic divergence in maize .Advances in plant Sciences. 21(1):107-108.
- 20- Kumar, M. S.; and R. D. Singh, 2002. Divergence analysis of elite inbred lines of maize .Annals. of Agri. Res.23(4):595-601.
- 21- Lingaiah, N.; M. Bharathi and V. Venkanna, 2013. Studies on genetic diversity for grain yield and physiological parameters in maize. Inter. J. Appl. Biol. and Phar. Tech. 4(3):27-30.
- 22- Marker, S. and A. Krupakar, 2009. Genetic divergence in exotic maize germplasm. ARPN J. Agri. And Bio. Sci.4(4):44-470

- 23- Mor, A. J., K. D. Bhoite, and S. R. Pardeshi, 2006. Genetic diversity studies in forage Maize. *Res. on Forage Crops*. 7(3):728-730.
- 24- Rahman, S.; M. M. Mia; T. Quddus; L. Hassan and M. A. Haque, 2015. Assessing genetic diversity of maize genotype for agronomic traits, *Res. Agric. Livest. Fish*. 2(1):53-61.
- 25- Rao, C. R., 1952. *Advanced Statistical Methods in Barometrical Research*. John Willey and Sons. New York.
- 26- Reddy, V. R, 2012. *Studies on Genetic Divergence, Combining Ability and Stability for Grain Yield and its Components in Maize* PhD. Genetic and Plant Breeding Dep. University Acharya, N. G. Ranga. Agr. Hyderabad.
- 27- Rigon, J. P. G.; G. A. G. Rigon and S. Capuani, 2014. Quantitative descriptors and their direct and indirect effects on corn yield. *Bioscience J*. 30, 356-362.
- 28- Rigon, J. P. G.; S. Capuani and C. A. G. Rigon, 2015. Genetic divergence among maize hybrids by morphological descriptors. *Bragantia, Campinas*, 74(2):156-160.
- 29- Shahrokhi, M. and K. K. Khora sami, 2013. Study of morphological traits. Yield and yield components on 28 commercial corn hybrids. *Inter. J. of Agro. and plant Production*. 4:2649-2655.
- 30- Singh, S. B.; B. B. Gupta and S. P. Singh. 2007. Genetic divergence in exotic inbreds of maize *Progressive Agriculture*. 7(1/2):1-4.
- 31- Singh, R. K. and B. D. Chaudhary, 2007. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Rev. ed., Kalyani Publishers Ludhiana, New Delhi, PP. 318.
- 32- Subramanian, A.; and N. Subbaraman, 2010. Hierarchical cluster analysis of genetic diversity in maize germplasm. *Elec. J. Plant Breeding* 1(4):431-436.
- 33- Yin, Z. T., L. Xue; D. Deng; Y. Bian, G. Chen, and H. Lu, 2004. Cluster analysis of plant traits in maize inbreds. *Southwest China J. of Agric. Sci*. 17(5):563-566.