المجلد 01
العدد 01

نوفمبر
2026

الهيئة العربية
للاستثمار والإنماء الزراعي
ARAB AUTHORITY FOR
AGRICULTURAL INVESTMENT & DEVELOPMENT

مجلة
الاستثمار والأمن الغذائي المستدام

مجلة الهيئة العربية للاستثمار والإنماء الزراعي

مجلة علمية محكمة

الرقم الدولي المطبوع: 3080-2644
الرقم الدولي الإلكتروني: 3080-2652



https://doi.org/10.68363/jifs.01.01.46

تحليل التباين الوراثي لصفة الغلة البذرية ومكوناتها لطرز وراثية من الفول في ظروف الزراعة المطرية بمحطة بحوث إزرع – أكساد(*Vicia faba* L.)

سعود شهاب
بهاء جميلة

المركز العربي/أكساد ACSAD، الإدارة النباتية، برنامج الحبوب، ص.ب: 2440 دمشق، سورية

تاريخ الاستلام: 20-02-2026 تاريخ القبول: 31-05-2026

الملخص:

نُفِّذت تجربة البحث في محطة بحوث إزرع التابعة للمركز العربي لدراسات المناطق الجافة والأراضي القاحلة (أكساد) في الموسم الزراعي 2024، بهدف تقدير المعايير الوراثية لصفة الغلة البذرية ومكوناتها في 28 طرازاً وراثياً من الفول، إضافة إلى الشاهد المحلي (الصنف البلدي)، استُعمل تصميم القطاعات كاملة العشوائية بثلاثة مكررات. تبيّن من النتائج وجود فروق معنوية بين الطرز المدروسة والشواهد في جميع الصفات المدروسة: عدد العناقيد الثمرية/نبات، عدد القرون/نبات، عدد البذور/قرن، عدد البذور/نبات، وزن 100 بذرة، والغلة البذرية، وقد تفوق على الشاهد 3 طرز في صفة عدد العناقيد الثمرية/نبات، و 12طرازاً في صفة عدد القرون/نبات، و18 طرازاً في صفة عدد البذور/نبات، في حين أظهر 5 طرز فروقاً معنويةً مقارنة بغلة الشاهد البذرية على مستوى دلالة إحصائية 5%، وهي: WI11-18-3xEthiopia bulk-54 وEddamerxsel2009lat.620-1-2 وBaracaxGiza 843-34 وBaracaxGiza 843-36وGoraxSel.Br/20640-1/2010-1 بالقيم (1090،1050 ،1054 ، 1038، 1015 كغ. هكتار-1، على التوالي). تفاوتت الصفات المدروسة في قيم معاملي التباين الوراثي GCV والمظهريPCV ، إذ سُجلت أعلى قيم للتباين الوراثي في صفات عدد القرون/نبات، عدد البذور/نبات، والغلة البذرية بمقدار (25، 26.6، 29%، على التوالي). وكانت قيمة درجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي مرتفعة لصفات عدد القرون/نبات، عدد البذور/نبات، وزن 100 بذرة، والغلة البذرية (92-53، 88-50، 97-27.6، 53-43.5%، على التوالي)، في حين أظهرت صفة عدد البذور/قرن قيمة معتدلة لدرجة التوريث وأخرى مرتفعة للتقدم الوراثي النسبي (27،43 %، على التوالي). ارتبطت الغلة البذرية إيجابياً مع صفات عدد العناقيد الثمرية/نبات، وعدد القرون/نبات، وعدد البذور/نبات، ويمكن أن تُعدّ من مؤشرات الانتخاب التي تُستعمل في تحسين الغلة البذرية ومكوناتها للطرز الوراثية المدروسة باتباع عدد قليل من دورات التربية والتحسين بالانتخاب المباشر.

الكلمات المفتاحية: الفول، تحليل التباين، معامل التباين الوراثي والمظهري، معامل التوريث الواسع، التقدم الوراثي.

المقدمة:

يُعدّ الفول Faba bean (Vicia faba L.) من أقدم محاصيل البقوليات الغذائية في العالم، إضافة إلى فول الصويا (Glycine max L.) والبازلاء (Pisum sativum L.)، ويُعرف شعبياً بعدة تسميات ومنها الفاصوليا العريضة، فول الحصان، الفاصوليا العجيبة، الفاصوليا الحقلية، فاصوليا القراد، الفاصوليا الشتوية، حبوب الحمام (Mihailovic et al., 2005; Torres et al., 2010). وهو محصول ثنائي الصبغيات (n = 2x = 12) ذاتي التلقيح ويحدث التلقيح الخلطي بواسطة الحشرات. يمتلك محصول الفول القدرة على التأقلم والنمو في ظروف مناخية مختلفة (Kaur et al., 2014). يتميز الفول باحتواء بذوره على نسبة مرتفعة من البروتين 22-24%، وتتكون من 79% جلوبيولين و7% ألبومين و6% جلوتيلين، وبذلك يتفوق بمحتواه العالي من البروتين على العديد من محاصيل البقوليات الأخرى (Burstin et al., 2011).

يُستعمل الفول غذاءً للإنسان في معظم الدول النامية، وأيضاً يُستعمل في تغذية الثروة الحيوانية في الدول المتقدمة (Singh et al., 2010). كما أن له أهمية كبيرة في زيادة خصوبة التربة والحفاظ عليها خاصة في المناطق الجافة وشبه الجافة (Kopke & Nemecek, 2010). وإن زيادة إنتاجية الفول تتطلب استنباط أصناف عالية الغلة، إضافة إلى التوسع الأفقي في زراعته، الأمر الذي يتطلب وجود اختلافات وراثية عند اختيار الآباء في برنامج التربية والتهجين. فإن التباين الوراثي والتقدم الوراثي لهما أهمية قصوى لتحليل السلوكية الوراثية والمساهمات النسبية للعوامل الوراثية وغير الوراثية في إجمالي التباينات المظهرية في عشائر الفول، ويعكس التباين الوراثي مستوى التقدم الوراثي في تربية المحاصيل وعدد دورات التربية والتحسين (Ouji et al., 2017). وجد Dewangan et al. (2022) قيماً مرتفعة للتباين الوراثي ولدرجة التوريث والتقدم الوراثي في صفات مكونات الغلة، وعزى ذلك إلى سيطرة الفعل الوراثي التراكمي في الطرز المدروسة، كما أوصى Abo-Hegazy (2022) باستعمال الانتخاب المباشر للغلة البذرية ومكوناتها في محصول الفول، نتيجة لارتفاع قيمتي درجة التوريث والتقدم الوراثي، وأشار Kumar et al. (2022a) لدى اختباره عدداً من أصناف الفول إلى أن تحسين صفتي وزن 100 بذرة وعدد القرون والبذور/نبات، ساهم في تحسين الغلة البذرية. وبيّن Ahmad (2016) وجود علاقة ارتباط إيجابية بين صفة الغلة البذرية وصفتي عدد القرون وعدد الحبوب/نبات، كما سجل Peyman (2014) وجود علاقة ارتباط موجبة ومعنوية بين الغلة البذرية وبعض مكوناتها عدد القرون/نبات، عدد الحبوب/قرن، عدد الفروع/نبات، عدد البذور/نبات، والغلة البذرية/القطعة التجريبية. يهدف البحث إلى دراسة التباين وتقدير المعايير الوراثية وعلاقات الارتباط لصفة الغلة البذرية ومكوناتها في بعض الطرز الوراثية من محصول الفول.

مواد البحث وطرائقه:

نُفِّذت تجربة البحث فى محطة بحوث إزرع (محافظة درعا) التابعة للمركز العربى لدراسات المناطق الجافة والأراضى القاحلة/أكساد، خلال الموسم الزراعى 2024. تقع المحطة فى منطقة الاستقرار الثانية على ارتفاع 575 م وخط عرض 032.53 شمالاً وطول 036.15 شرقاً، وتتميز بمناخ بارد وماطر شتاءً وحار وجاف صيفاً، ومعدل هطولها المطري 290 ملم/سنة، وقد بلغت كمية الأمطار الهاطلة بالموسم 310 ملم. تتصف تربة المحطة بالطينية الثقيلة والفقيرة بمحتواها العضوي (جدول 1).

الجدول 1. التحليل الكيميائي والفيزيائي لتربة موقع زراعة التجربة، محطة بحوث إزرع.

التحليل الكيميائي							التحليل الميكانيكى		
EC Ds/m	PH	المادة العضوية %	كربونات الكالسيوم %	N الكلي %	P المتاح mg/kg	K المتاح mg/kg	رمل %	سلت %	طين %
0.712	7.7	1.015	7.56	0.08	5.34	602.8	14.3	19.9	65.6

تم تحليل البيانات الناتجة عن الصفات المدروسة باستخدام برنامج GenStat Release 12.1 (VSN International Ltd., UK).وقد تم إجراء تحليل التباين (ANOVA) وفق تصميم القطاعات الكاملة العشوائية (RCBD) لدراسة الفروق بين الطرز الوراثية. كما تم التحقق من افتراضات التحليل الإحصائى، بما فى ذلك التوزيع الطبيعى وتجانس التباين، قبل إجراء التحليل. وتم حساب المعاملات الوراثية، بما فى ذلك معامل التباين الوراثى (GCV) والمظهري(PCV) ، ودرجة التوريث بالمفهوم الواسع، والتقدم الوراثى المتوقع، وفق المعادلات القياسية المعتمدة.

الصفات المدروسة:

- عدد العناقيد الثمرية/نبات: سُجِّل متوسط عدد العناقيد الثمرية لخمسة نباتات بالقطعة التجريبية فى طور تشكل القرون.
- عدد القرون/نبات: سُجِّل متوسط عدد القرون لخمسة نباتات بالقطعة التجريبية فى طور النضج الفيزيولوجى.
- عدد البذور/قرن: سُجِّل متوسط عدد البذور لخمسة نباتات بالقطعة التجريبية فى طور النضج التام.
- عدد البذور/نبات: سُجِّل متوسط عدد البذور لخمسة نباتات بالقطعة التجريبية فى طور النضج التام.
- وزن 100 بذرة (غ): تم تسجيل وزن عينة عشوائية مكونة من 100 بذرة لكل قطعة تجريبية على حدة.
- الغلة الحبية (طن. هكتار-1): سُجِّل وزن البذور الناتجة عن فرط قرون النباتات الجافة لكل قطعة تجريبية على حدة، وقُدِّرت الإنتاجية بتحويل أوزان البذور إلى كغ. هكتار-1.

المعايير الوراثية: قُدِّرت المعايير التالية:

لحساب التباين الوراثي للصفات المدروسة، تم استخدام معامل التباين الوراثي كما يلي:

$$GCV\ (\%) = (\sqrt{\sigma^2 g} / \bar{X}) \times 100$$

حيث:

σ^2 = التباين الوراثي للصفة

$\bar{X}$ = المتوسط العام للصفة

يعكس هذا المعامل نسبة التباين الوراثي بالنسبة لمتوسط الصفة، ويعطي فكرة عن مدى اختلاف الطرز الوراثية في الصفة المدروسة. تم حساب معامل التباين المظهري (PCV %) باستخدام المعادلة التالية:

$PCV\ (\%) = (\sqrt{\sigma^2 p} / \bar{X}) \times 100$ حيث:

$\sigma^2 p$ = التباين المظهري (Phenotypic variance) = التباين الوراثي + التباين البيئي

$\bar{X}$ = المتوسط العام للصفة

يعكس هذا المعامل مقدار التباين الكلي للصفة، بما يشمل التأثيرات الوراثية والبيئية.

((Sivasubramanian and Madhavamenon, 1973; Burton, 1952

تم حساب التقدم الوراثي المتوقع (GA) باستخدام المعادلة التالية:

$$GA = K \times \sigma p \times H^2$$

حيث:

GA = التقدم الوراثي المتوقع (Genetic Advance)

K = الفارق الانتخابي (Selection differential) عند شدة اختيار معينة (هنا 5%)

σp = الانحراف المعياري للصفة (Phenotypic standard deviation)

H^2 = درجة التوريث بالمفهوم الواسع (%)

يُستخدم GA لتقدير مقدار التحسن المتوقع في الصفة بعد جيل واحد من الانتخاب المباشر.

(Johnson et al., 1955a)

تم حساب التقدم الوراثي النسبي (GAM %) باستخدام المعادلة التالية:

$GAM\ (\%) = (GA / \bar{X}) \times 100$

حيث:

GA = التقدم الوراثي المتوقع

$\bar{X}$ = المتوسط العام للصفة

يعطي GAM النسبة المئوية للتحسن المتوقع مقارنة بالمتوسط العام للصفة، مما يسهل مقارنة الصفات المختلفة.

النتائج والمناقشة:

عدد العناقيد الثمرية/نبات:

يُستنتج من نتائج التحليل الإحصائي لصفة عدد العناقيد الثمرية/نبات لطرز الفول المدروسة (الجدول 2)، وجود تباين في قيم صفة العناقيد الثمرية/نبات، إذ تراوحت بين 1 و4 عناقيد/نبات، وكان أقلها للطراز الوراثي Hashbenge وأعلاها للطراز BaracaxGiza 843-36، وقد تفوق على الشاهد ثلاثة طرز هي BaracaxGiza 843-36، GoraxSel.Br/20640-1/2010-1، WI11-18-3xEthiopia bulk-54

بقيم (4، 3، 3 عناقيد/نبات، على التوالي)، تماثل هذه النتيجة ما وجده (Kolig et al., 2022; Rehaan et al., 2020) والعائد إلى الاختلاف الوراثي بين الطرز المدروسة. كما يُلاحظ ارتفاع قيمة معامل التباين الوراثي 21% ومعامل التباين المظهري 26%، ويمكن أن يُعزى ذلك إلى انخفاض التأثير البيئي على هذه الصفة، التي عبّرت عن مكوناتها الوراثية إلى حد بعيد، وقد ترافق ذلك مع ارتفاع قيمتي درجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي (62، 33)%، على التوالي)، مما يؤكد أن سلوك صفة عدد العناقيد/نبات يُعزى بمعظمه إلى التأثير الوراثي الناتج عن فعل المورثات التراكمية مما يجعل للانتخاب المباشر أهمية كبيرة في تحسينها، تتوافق هذه النتيجة مع ما توصل إليه:

(Ouje et al., 2017; Kolig et al., 2022; Verma et al., 2015).

عدد القرون/نبات:

يتبيّن من نتائج التحليل الإحصائي لصفة عدد القرون/نبات (الجدول 2) وجود تباين وراثي واسع بين متوسطات الطرز المدروسة، إذ تراوح من 3 قرون/نبات في الطرز الوراثية Sakha 2 x IG159162، GoraxSel.Br/20640-1/2010xS2011-111، Sel.Br/20640-1/2010xS2011-111، Ed-damer x ILB4358، GoraxSel.Br/20640-1/2010-3

إلى 7 قرون/نبات في الطراز BaracaxGiza 843-36، وقد تفوق 12 طرازاً وراثياً على الشاهد (3 قرون/نبات)، وبفروق معنوية في صفة عدد القرون في النبات، وهذا التباين الواسع يعود إلى اختلاف التراكيب الوراثية للطرز الوراثية في صفة عدد القرون/نبات، وهذا يتوافق مع ما سجله (Kolig et al., 2022). أظهرت صفة عدد القرون في النبات امتلاكها قيمة مرتفعة لكل من معامل التباين الوراثي والمظهري ودرجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي وكانت القيم (25، 27، 92، 53%، على التوالي)، فالقيمة المرتفعة لدرجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي تدل على سيطرة الفعل الوراثي التراكمي، وأن الانتخاب المباشر يكون فعّالاً لتحسين هذه الصفة (Ouje et al., 2017).

الجدول 2. متوسط أفضل عشرة طرز وراثية ومعامل التباين الوراثي والمظهري ودرجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي لصفتي عدد العناقيد والبذور/نبات لطرز من الفول.

الرقم المتسلسل	الطرز الوراثية	عدد العناقيد/نبات*	الطراز الوراثي	عدد القرون/نبات*
1	baracaxGiza 843-36	3.7 a	baracaxGiza 843-36	7 a
2	GoraxSel.Br/20640-1/2010-1	3.3 ab	GoraxSel.Br/20640-1/2010-1	6 ab
3	WI11-18-3xEthiopia bulk-54	3.3 ab	WI11-18-3xEthiopia bulk-54	6 ab
4	Sakha 2 x IG159162	3 abc	Eddamerxsel2009lat.620-1-2	6 ab
5	Eddamerxsel2009lat.620-1-2	3 abc	baracaxGiza 843-34	5 bcd

الرقم المتسلسل	الطرز الوراثية	عـــــــدد العناقيد/نبات*	الطراز الوراثي	عـــــــدد القرون/نبات*
6	WS11-124-1xsel . 2006 latt.(ILB 2583)	2.7 abcd	WS11-124-1xsel . 2006 latt.(ILB 2583)	5 bcd
7	Camolina	2.7 abcd	Camolina	5 bcd
8	WS11-51-2xWS11-124-1	2.7 abcd	WS11-51-2xWS11-124-1	5 bcd
9	WI11-309-2xWS11-106-40	2.7 abcd	WI11-309-2xWS11-106-40	5 bcd
10	Camolina	2.7 abcd	Hudeiba 93xIndia 1-133	5 bcd
11	الشاهد - بلدي	2 cde	الشاهد - بلدي	3 i
أقل فرق معنوي LSD 5%		0.59		0.56
معامل الاختلاف % CV		15		8.5
معامل التباين الوراثي % GCV		21		25
معامل التباين المظهري % PCV		26		27
درجة التوريث بالمفهوم الواسع % H		62		92
التقدم الوراثي النسبي GAP		33		53

* وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز الوراثية للصفة المدروسة على مستوى دلالة إحصائية 0.05. المتوسطات ذات الأحرف الأبجدية المشتركة لا يوجد بينها فروق معنوية على مستوى دلالة إحصائية 0.05.

عدد البذور/قرن:

يتضح من الجدول 2، وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز المدروسة في صفة عدد البذور/قرن، وتراوحت ما بين بذرتين في الطرز الوراثية 1-1-14-88134 S، Eddamer، BaracaxGiza 843-36، Hudieba93 X Sel.2010TER192 -1//Sel.F7/8975/05 و5 بذور في الطرز الوراثية WI11-309-2xWS11-106-65، 1-28 Hudeiba 93xIndia، Hashbenge، ومع ذلك كانت أفضل الطرز التي حققت زيادة في عدد البذور من فئة الشاهد البلدي (3 بذور/القرن)، تماثل هذه النتيجة مع ما وجداه Tadesse and Bekele (2003)، في دراستهما لمكونات الغلة للأصناف من الجلبان. كما يُلاحظ ارتفاع قيم معامل التباين الوراثي (25%) والمظهري (27%) والتقدم الوراثي النسبي (24%) لصفة عدد البذور في القرن، بينما كانت درجة التوريث ذات قيمة متوسطة بلغت 43%، ويبيّن الفارق البسيط بين قيمتي معامل التباين الوراثي والمظهري أن سلوك هذه الصفة عائد للتأثير الوراثي أكثر منه للتأثير البيئي، ويتحكم بها المورثات التراكمية، مما يجعل من الانتخاب المباشر مناسباً لتحسين عدد البذور بالقرن (Ouje et al., 2017; Kolig et al., 2022).

عدد البذور/نبات:

يتبيّن من نتائج تحليل صـفة عدد البذور/نبات (الجدول 3)، تباين في متوسـطات الطرز المدروسـة التي تراوحت من 8 بذور/نبات للطراز Sakha 2 x IG159162 إلى 12 بذرة للطراز WI11-18-3xEthiopia bulk-54، وقد سجل 18 طرازاً وراثياً فروقاً معنوية على الشاهد الصنف البلدي (7 بذور/نبات)، ويمكن أن يُعزى هذا المدى الواسـع من التباين إلى القاعدة الوراثية الواسـعة لمجموعة الطرز المدروسـة وإلى اختلاف تركيبها الوراثي في ظروف الزراعة المطرية شـبه الجافة، يماثل ذلك ما سـجلاه Deepak and Kumar (2023) من تباين كبير بين متوسطات أصناف الفول التي قاما بتقييمها.

امتلكت صـفة عدد البذور في النبات قيماً مرتفعة لمعامل التباين الوراثي والمظهري ودرجة التوريث والتقدم الوراثي النسـبي وكانت (26.6، 33.1، 88، 50%، على التوالي)، وقد كانت صـفة عدد البذور التي ينتجها النبات خاضـعة للفعل المورثي التراكمي في ظل تأثير بيئي محدود، وتتوافق تلك النتائج مع ما توصل إليه Dewangan ومساعديه (2022) و(Koli et al., 2016) في دراسته لغلة الفول ومكوناتها.

الجدول 3. متوسـط أفضـل عشـرة طرز وراثية ومعامل التباين الوراثي والمظهري ودرجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي لصفتي عدد البذور/قرن وعدد البذور/نبات لطرز وراثية من الفول.

الرقم المتسلسل	الطراز الوراثي	عـــــــدد البذور/قرن*	الطراز الوراثي	عـــــــدد البذور/نبات*
1	WI11-309-2xWS11-106-65	5 a	WI11-18-3xEthiopia bulk-54	21 a
2	Hudeiba 93xIndia 1-28	5 a	Eddamerxsel2009lat.620-1-2	19 ab
3	Hashbenge	5 a	baracaxGiza 843-34	18 ab
4	baracaxGiza 843-34	4 ab	Rebeya 40	17 bc
5	S2011-112xSuperaquadulce	4 ab	GoraxSel.Br/20640-1/2010-1	16 bcd
6	Hudeiba 93xsel2009lat.620-1-1	4 ab	baracaxGiza 843-36	16 bcd
7	WI11-18-3xEthiopia bulk-54	4 ab	S2011-112xSuperaquadulce	15 bcd
8	GoraxSel.Br/20640-1/2010-0	4 ab	WI11-309-2xWS11-106-40	13 cde
9	Rebeya 40	4 ab	WS11-124-1xsel . 2006 latt.(ILB 2583)	13 cde
10	WI11-18-3xEthiopia bulk-	4 ab	Nubaria2xSuperaquadolce	13 cde

الرقم المتسلسل	الطراز الوراثي	عـــــــدد البذور/قرن*	الطراز الوراثي	عـــــــــدد البذور/نبات*
11	الشاهد - بلدي	3 abc	الشاهد - بلدي	7 i
أقل فرق معنوي LSD 5%		0.99		1.9
معامل الاختلاف % CV		18.1		9.7
معامل التباين الوراثي % GCV		25		26.6
معامل التباين المظهري % PCV		27		33.1
درجة التوريث بالمفهوم الواسع % H		43		88
التقدم الوراثي النسبي GAP		24		50

* وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز الوراثية للصفة المدروسة على مستوى دلالة إحصائية 0.05. المتوسطات ذات الأحرف الأبجدية المشتركة لا يوجد بينها فروق معنوية على مستوى دلالة إحصائية 0.05.

ربط المعاملات الوراثية بالأدبيات الحديثة:

تم دعم نتائج المعايير الوراثية في هذا البحث بالاستشهاد بالأدبيات الحديثة. على سبيل المثال، أظهرت دراسة حديثة أجريت على Garden Pea (Pisum sativum L. var. hortense) أن معاملات التباين الوراثي والمظهري (GCV وPCV) كانت مرتفعة في صفات عدد القرون والبذور، كما لوحظ أن القيم العالية لدرجة التوريث (H^2) ترافقها تقديرات عالية للتقدم الوراثي المتوقع (GA) والنسبة المئوية للتقدم الوراثي (GAM)، مما يشير إلى وجود قابلية كبيرة للتحسين باستخدام الانتخاب المباشر في برامج التحسين الوراثي. هذه النتائج تدعم الحسابات الحالية في بحثنا وتؤكد صحة المنهج المتبع لحساب المعايير الوراثية (Meena et al., 2025; Journal of Advances in Biology & Biotechnology).

بالإضافة إلى ذلك، أظهرت دراسة حديثة أجريت على فول (Vicia faba L.) أن معاملات التباين الوراثي والمظهري (GCV وPCV) ودرجة التوريث (H^2) والتقدم الوراثي المتوقع والنسبي (GA وGAM) كانت مرتفعة أيضاً، مما يؤكد أن الصفات الوراثية المدروسة قابلة للتحسين باستخدام الانتخاب المباشر، وتتوافق مع النتائج المحسوبة في هذا البحث (Dewangan et al., 2025). كما تدعم النتائج الحديثة في فول (Vicia faba L.) من خلال تحليل QTL عالي الكثافة وجود ارتباط قوي بين الصفات الوراثية المعقدة ومكونات الغلة، حيث تم تحديد مؤشرات وراثية ثابتة عبر الخرائط الجينية للعديد من الصفات المتعلقة بالإنتاج. وتؤكد هذه النتائج الحديثة على أهمية دراسة التباين الوراثي ودرجة التوريث (H^2) والتقدم الوراثي (GA) كأدوات فعّالة في برامج التحسين الوراثي للفول، كما هو موضح في تحليلنا الحالي للمعايير الوراثية (Aguilar-Benitez et al., 2025). وزن 100 بذرة (غ):

يُستنتج من نتائج التحليل الإحصائي في الجدول 4، وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز المدروسة في صفة وزن 100 بذرة، وتراوحت الأوزان من 47.3 غ للطراز الوراثي S2011-112xSuperaquadulce إلى 78 غ للطراز الوراثي (ILB 2583 latt. 2006 .)WS11-124-1xsel، في حين كان الطرازان الوراثيان (ILB 2583 latt. 2006 .)WS11-124-1xsel وRebeya 40 أفضل الطرز التي حققت

زيادة في وزن 100 بذرة بلغت (3.7، 0.53%، على التوالي)، مقارنة بوزن 100 بذرة للشاهد المحلي والبالغ 75.2 غ، تماثل هذه النتيجة مع ما وجده (Tadesse and Bekele, 2003; Deepak and Kumar, 2023; Sharifi, 2014)، من تباين في مكونات الغلة ومنها وزن 100 بذرة.

يُستنتج من نتائج تقدير التباين للطرز المدروسة لصفة وزن 100 بذرة اعتدال قيمتي معامل التباين الوراثي والمظهري (13.6، 13.8%، على التوالي)، ولوحظ ارتفاع في قيمتي درجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي (97، 27.6%، على التوالي)، مما يدل على أن معظم قيمة معامل التوريث ناتجة عن التأثير التراكمي للمورثات، ويكون الانتخاب المباشر فعالاً في مثل هذه الحالة (Abo-Hegazy, 2022; Gull et al., 2022).

الغلة البذرية (كغ):

يُلاحظ من نتائج التحليل الإحصائي لصفة الغلة البذرية وجود تباين وراثي واسع، إذ تراوحت الغلة البذرية من 313 كغ.هـ-1 للطراز الوراثي Hudieba93 X Sel.2010TER192-1//Sel.F7/8975/05 إلى 1090 كغ.هـ-1 للطراز الوراثي WI11-18-3xEthiopia bulk-54، وتفوق معنوياً في الغلة البذرية الطرز WI11-18-3xEthiopia bulk-54، Eddamerxsel2009lat.620-1-2، BaracaxGiza 843-34، BaracaxGiza 843-36، GoraxSel.Br/20640-1/2010-1 بقيم مقدارها (1090، 1054، 1050، 1038، 1015 كغ.هـ-1، على التوالي)، مقارنة بالشاهد البلدي (337 كغ.هـ-1)، على مستوى دلالة إحصائية 5% (الجدول 4)، ويمكن أن يُعزى ذلك إلى تباينات مكونات الغلة البذرية (Kosev et al., 2019; Deepak and Kumar, 2023; Fikere et al., 2020).

تبيّن من تقدير المؤشرات الوراثية للطرز المدروسة ارتفاع قيم معامل التباين الوراثي والمظهري والتقدم الوراثي النسبي في صفة الغلة البذرية بقيم (29، 39، 43.3%، على التوالي)، بينما كانت قيمة معامل التوريث معتدلة 53%، تتوافق هذه النتيجة مع ما سجله كل من (Waly, 2021; Hamza, 2017; Tafere et al., 2013) في بحوثهم على الفول، إذ وجدوا ارتفاعاً في قيمة التقدم الوراثي النسبي، وتُعدّ مؤشراً على إسهام الفعل الوراثي التراكمي في توريث الغلة البذرية من جيل إلى جيل.

الجدول 4. متوسط أفضل عشرة طرز وراثية ومعامل التباين الوراثي والمظهري والتوريث والتقدم الوراثي النسبي لصفتي وزن 100 بذرة والغلة البذرية لطرز وراثية من الفول.

الرقم المتسلسل	الطراز الوراثي	وزن 100بذرة* (غ)	الطراز الوراثي	الغلة البذرية* (كغ/هـ)
1	WS11-124-1xsel . 2006 latt.(ILB 2583)	78.0 a	WI11-18-3xEthiopia bulk-54	1090 a
2	BPL 5071	75.6 ab	Eddamerxsel2009lat.620-1-2	1054 a
3	الشاهد - بلدي	75.2 ab	BaracaxGiza 843-34	1050 a
4	baracaxGiza 843-36	74.6 ab	baracaxGiza 843-36	1038 a
5	S 88134-14-1-1	74.0 ab	GoraxSel.Br/20640-1/2010-1	1015 a

الرقم المتسلسل	الطراز الوراثي	وزن 100بذرة* (غ)	الطراز الوراثي	الغلة البذرية* (كغ/هـ)
6	Eddamer	71.3 ab	WS11-124-1xsel 2006 latt.(ILB 2583)	929 ab
7	Hudieba93 X Sel.2010TER192-1//Sel.F7/8975/05	70.9 bc	Rebeya 40	789 ab
8	Hudeiba 93xIndia 1-133	70.5 bcd	WS11-51-2xWS11-124-1	750 ab
9	Sel.Br/20640-1/2010xS2011-111	68.1 cd	Hudeiba 93xIndia 1-133	733 ab
10	GoraxSel.Br/20640-1/2010-1	66.9 cde	WI11-309-2xWS11-106-40	673 ab
11	Camolina	66.7 e-f	الشاهد - بلدي	313 b
أقل فرق معنوي LSD 5%		2.5		300
معامل الاختلاف CV %		2.8		27.3
معامل التباين الوراثي GCV %		13.6		29
معامل التباين المظهري PCV %		13.8		39.8
معامل التوريث H %		97		53
التقدم الوراثي GAP		27.6		43.5

* وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز الوراثية للصفة المدروسة على مستوى دلالة إحصائية 0.05. المتوسطات ذات الأحرف الأبجدية المشتركة لا يوجد بينها فروق معنوية على مستوى دلالة إحصائية 0.05.

علاقات الارتباط لصفة الغلة البذرية ومكوناتها:

يتبيّن من الجدول 5، ارتباط الغلة البذرية إيجابياً ومعنوياً مع صفات عدد العناقيد الثمرية/نبات، وعدد القرون/نبات، وعدد البذور/نبات (0.790، 0.887، 0.906 =r، على التوالي)، بينما كانت علاقات الارتباط ضعيفة وسالبة للغلة البذرية مع صفة وزن 100 بذرة، وكذلك بين صفة عدد القرون/نبات وعدد البذور/القرن (0.091 -، 0.091 -=r، على التوالي)، في حين ارتبطت صفة وزن 100 بذرة سلبياً ومعنوياً مع صفات عدد البذور/القرن وعدد البذور/نبات (0.801 -، 0.431 -=r، على التوالي)، وهذه النتائج تتوافق مع ما سجلاه Ahmad (2016) وPeyman (2014).

الجدول 5. علاقات الارتباط لصفة الغلة البذرية ومكوناتها لطرز وراثية من الفول.

الصفات	عدد العناقيد الثمرية/نبات	عدد القرون/نبات	عدد البذور/قرن	عدد البذور/نبات	وزن 100بذرة (سم)	الغلة البذرية (يوم)
عدد العناقيد الثمرية/نبات	-					
عدد القرون/نبات	0.922*	-				

عدد البذور/قرن	0.190	-0.134	-			
عدد البذور/نبات	*0.685	*0.789	*0.406	-		
وزن 100بذرة (غ)	0.072	0.047	*-0.801	*-0.431	-	
الغلة البذرية (كغ/هـ)	*0.790	*0.887	0.155	*0.906	-0.091	-

* وجود فروق معنوية بين متوسطات الطرز الوراثية للصفة المدروسة على مستوى دلالة إحصائية 0.05.

الاستنتاجات:

تباينت طرز الفول المدروسة في قيم معاملي التباين الوراثي GCV والمظهري PCV للصفات المدروسة السابقة، إذ سُجلت أعلى قيم للتباين الوراثي في صفات عدد القرون/نبات، عدد البذور/نبات، والغلة البذرية بمقدار (25، 26.6، 29%، على التوالي). وكانت قيمة درجة التوريث والتقدم الوراثي النسبي مرتفعة لصفات عدد القرون/نبات، عدد البذور/نبات، وزن 100 بذرة، والغلة البذرية (92-53، 88-50، 97-27.6، 53-43.5%، على التوالي)، في حين أبدت صفة عدد البذور/قرن قيمة معتدلة لدرجة التوريث وأخرى مرتفعة للتقدم الوراثي النسبي (27،43 %، على التوالي). وبناءً على النتائج الإيجابية السابقة يتطلب تحسين الغلة البذرية ومكوناتها في برنامج التربية عدداً قليلاً من دورات التربية والتحسين باستعمال الانتخاب المباشر.

ارتبطت صفات عدد العناقيد الثمرية/نبات، وعدد القرون/نبات، وعدد البذور/نبات إيجابياً مع الغلة البذرية، ما يؤهلها أن تُستعمل مؤشرات انتخاب يستعملها المربي في تحسين الغلة البذرية لمحصول الفول.

المراجع:

Abo-Hegazy, S. R. E. (2022). Research Article Genetic Variability, Heritability and Path Coefficient Analyses of Some Agronomic traits in Faba Bean (Vicia faba L.). Asian J. Plant Sci, 21(1), 469-477.

Ahmad, M. S. (2016). Studies on genetic variability and genetic advance in segregating generations of faba bean (Vicia faba L.). Journal of Med. East, Egypt, 5, 82-89.

Burstin, J., Gallardo, K., Mir, R. R., Varshney, R. K., & Duc, G. (2011). Improving Protein Content and Nutrition Quality. In: Biology and Breeding of Food Legumes. [Pratap A., Kumar J., (eds)]. Wallingford, UK, CAB International, 314-328.

Burton, G. W. (1952). Quantitative inheritance in grasses. Proceedings of the 6th International Grassland Congress, 1, 277-283.

Deep, K., & Kumar, R. (2023). Estimation of genetic parameters and partitioning of variation in faba bean (Vicia faba L.) genotypes for yield and its contributing traits. Forage Res., 49(1), 48-53.

Dewangan, N. K., Dahiya, G. S., Janghel, D. K., & Dohare, S. (2022). Diversity analysis for seed yield and its component traits among faba bean (Vicia faba L.) germplasm lines. Legume Research - An International Journal, 45(6), 689-694.

Fikere, M., et al. (2020). Genetic variability, heritability and genetic advance in faba bean (Vicia faba L.) genotypes for yield and yield related traits in Eastern Ethiopia. International Journal of Plant Breeding and Genetics.

Gull, S., et al. (2022). Estimation of genetic parameters for yield and its components in faba bean (Vicia faba L.). Plant Science Today, 9(3), 512-518.

Hamza, F. E. (2017). Performance assessment, genetic variability, heritability, genetic advance and correlation coefficient analysis for yield and some agro-morphological traits in faba bean (Vicia faba L.) genotypes in the Northern State, Sudan. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 6(11), 1206-1214.

Hanson, C. H., Robinson, H. F., & Comstock, R. E. (1956). Biometrical studies of yield in segregating populations of Korean Lespedeza. Agronomy Journal, 48(6), 268-272.

Johnson, H. W., Robinson, H. F., & Comstock, R. E. (1955a). Estimates of genetic and environmental variability in soybean. Agron. J., 47, 314-318.

Kaur, S., Kimber, R. B. E., Cogan, N. O. I., Materne, M., Forster, J. W., & Paull, J. G. (2014). SNP discovery and high-density genetic mapping in faba bean (Vicia faba L.) permits identification of QTLs for ascochyta blight resistance. Plant Sciences, 217, 47-55.

Koli, N. R., et al. (2016). Genetic variability, heritability and genetic advance in faba bean (Vicia faba L.). Journal of Plant Science Research, 32(1), 35-39.

Kolig, K., Chaurasia, H., Arya, R. K., & Hassan, I. (2022). Genetic divergence studies in faba bean – an overview. Forage Res., 47(4), 390-398.

Köpke, U., & Nemecek, T. (2010). Ecological services of faba bean. Field Crops Research, 115(3), 217-233.

Kosev, V., Vasileva, V., & Acar, Z. (2019). Adaptability and productive potential of initial material from grass pea (Lathyrus sativus L.). Bulgarian Journal of Agricultural Science, 25(5), 994-1000.

Kumar. (2022a). Development of new promising varieties of faba bean through traditional pedigree method for commercial cultivation in plain zone of India. Indian Journal of Traditional Knowledge, 21(4), 895-904.

Lush, J. L. (1940). Intra-sire correlation and regression offspring in rams as a method of estimating heritability of characters. Proc. American Soc. Animal Product, 33, 292-301.

Mihailovic, V., Mikic, A., Cupina, B., & Eric, P. (2005). Field pea and vetches in Serbia and Montenegro. Grain Legumes, 44, 25-26.

Ouji, A., Naouari, M., Mouelhi, M., & Ben Younes, M. (2017). Yield and Yield Components of Faba Bean (Vicia faba L.) as Influenced by Supplemental Irrigation under Semi-arid Region of Tunisia. World Journal of Agricultural Research, 5(1), 52-57.

Peyman, S. (2014). Correlation and path coefficient analysis of yield and yield component in some of broad bean (Vicia faba L.) genotypes. Genetika, 46(3), 905-914.

Rehaan, M., et al. (2020). Assessment of genetic variability and character association in faba bean (Vicia faba L.) genotypes. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 9(4), 118-121.

Sharifi, P. (2014). Genetic variability, heritability and genetic advance in faba bean (Vicia faba L.). Journal of Crop Breeding, 6(13), 49-60.

Singh, A. K., Chandra, N., Bharati, R. C., & Dimroo, S. K. (2010). Effect of seed size and seeding depth on fababean (Vicia faba L.) productivity. Journal of Environment and Ecology, 28, 1522-1527.

Sivasubramanian, V., & Madhavamenon, P. (1973). Path analysis for yield and yield components of rice. Madras Agric. J., 60, 1217-1221.

Tadesse, W., & Bekele, E. (2003). Variation and association of morphological and biochemical characters in grass pea (Lathyrus sativus L.). Euphytica, 130, 315-324.

Tafere, M., et al. (2013). Genetic variability, heritability and genetic advance in faba bean (Vicia faba L.) genotypes in Northwestern Ethiopia. International Journal of Agriculture and Bioscience.

Torres, A. M., Roman, B., Avila, C. M., Satovic, Z., Rubiales, D., Sillero, J. C., & Cubero, J. I. (2010). Faba bean breeding for resistance against biotic stresses: Towards sustainable agriculture. Field Crops Research, 115(3), 252-261.

Verma, S. K., et al. (2015). Genetic variability and heritability studies in faba bean (Vicia faba L.) for yield and its contributing traits. Legume Research, 38(6), 742-747.

Waly, F. A., Ibrahim, R. A., El-Wahab, A., & Gehad, M. M. (2021). Genetic variability, heritability and genetic advance of seed yield and its components for some promising genotypes of faba bean. J. of Pl. Prod., 12(4), 429-434.

Meena, H., Lata, R., Maurya, H.K., & Meena, M.L. (2025). Genetic variability, heritability and genetic advance in Garden Pea (Pisum sativum L. var. hortense). Journal of Advances in Biology & Biotechnology, 28(6), 48-56.

Dewangan, N.K., Dahiya, G.S., Janghel, D.K., & Dohare, S. (2025). Genetic variability, heritability, and genetic advance in faba bean (Vicia faba L.) genotypes for yield and yield-related traits under rainfed conditions. Legume Research – An International Journal, 48(1), 55-63.

Aguilar Benitez, D., Gutierrez, N., Casimiro Soriguer, I., & Torres, A.M. (2025). A high density linkage map and fine QTL mapping of architecture, phenology, and yield related traits in faba bean (Vicia faba L.). Frontiers in Plant Science, 16, 1457812.

Genetic Variance Analysis of Seed Yield Trait and Its Components in Faba Bean (*Vicia faba* L.) Genotypes under Rain-Fed Conditions in ACSAD – Izraa Research Station

Saud Shehab
Bahaa Ghamelah
The Arab Center for the Studies of Arid Zones and Dry Lands, P.O. Box 2440, Damascus, Syria

Received Date: 20-02-2026 Accepted Date: 31-05-2026

Abstract:

The research experiment was carried out at the Izraa Research Station of the Arab Center for the Studies of Arid Zones and Drylands (ACSAD) in the agricultural season 2024, with the aim of estimating the genetic parameters of the yield trait and some other plant traits in 28 genotypes of Faba bean, in addition to the local control variety. The randomized complete block design with three replicates was used in the research. The results showed that there were significant differences between the studied models in all the studied traits: number of pods/plant, number of seeds/pod, number of seeds/plant, weight of 100 seeds, and seed yield. 12 models outperformed the control in the number of pods/plant and 18 models in the number of seeds/plant, while 5 genotypes showed significant differences in seed yield over the control at the 5% level of statistical significance, which are WI11-18-3xEthiopia bulk-54, Eddamerxsel2009lat.620-1-2, Baraca x Giza 843-34, Baraca x Giza 843-36, and GoraxSel.Br/20640-1/2010-1 with values (1090, 1054, 1050, 1038, 1015 kg. ha-1, respectively). The studied traits varied in the values of the genetic variation coefficients (GCV) and phenotypic variation (PCV), as the highest values of genetic variation were recorded in the traits number of pods/plant, number of seeds/plant, and seed yield by (25, 26.6, 29%, respectively). The degree of heritability and relative genetic progression were high for the traits number of pods/plant, number of seeds/plant, weight of 100 seeds, and seed yield (53-92, 50-88, 27.6-97, 43.5-53%, respectively). The trait number of seeds/pod showed a moderate value for the degree of heritability and a high value for relative genetic progress (43.27%, respectively). Seed yield was positively associated with the characteristics of the number of fruit clusters/plant, the number of pods/plant, and the number of

seeds/plant, and is considered one of the selection indicators that can be used to improve seed yield and its components in the studied models through a few breeding cycles and improvement by direct selection.

Key words: Faba bean, analysis of variance, genotypic and phenotypic coefficient of variation, broad-sense heritability, genetic advance.