

مطالعه ژنتیکی عملکرد و برخی صفات زراعی در گندم نان با استفاده از بای پلات داده‌های دای آلل

Genetic Study of Yield and some Agronomic Traits in Bread Wheat Using Biplot of Diallel Data

خداداد مصطفوی^۱ و محمد ضابط^۲

۱- استادیار، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، گروه زراعت و اصلاح نباتات، کرج

۲- استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۱۱/۲۶

تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۶/۲۱

چکیده

مصطفوی، خ. و ضابط، م. ۱۳۹۲. مطالعه ژنتیکی عملکرد و برخی صفات زراعی در گندم نان با استفاده از بای پلات داده‌های دای آلل. مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۲۹: ۵۱۸-۵۰۳.

به منظور مطالعه ژنتیکی عملکرد و برخی صفات زراعی در گندم نان از بای پلات داده‌های دای آلل استفاده شد. والدین شامل ارقام گاسکوژن، قدس، گاسپارد، پیشتاز، البرز، طوس و سرداری و دورگ‌های اصلی حاصل از تلاقی آن‌ها طی دو سال زراعی (۸۸-۱۳۸۷ و ۸۹-۱۳۸۸) با استفاده از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج ارزیابی شدند. تجزیه واریانس تنوع معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات مورد بررسی نشان داد. برای ارزیابی پتانسیل ارقام از روش گرافیکی GGE bi-plot استفاده شد. صفات مورد بررسی شامل عملکرد دانه در کورت، وزن سنبله، وزن صد دانه، تعداد پنجه بارور، طول سنبله، طول ریشک، طول پدانکل و ارتفاع بوته بودند. ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. برای عملکرد دانه رقم گاسکوژن بهترین ترکیب‌شونده عمومی بود، هیبریدهای گاسکوژن × گاسپارد و قدس × پیشتاز دارای بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی بودند. این نتایج با روش گرافیکی بای پلات نیز تأیید شد. در مجموع رقم گاسپارد و سرداری بهترین تسترها برای عملکرد دانه تشخیص داده شدند.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، دای آلل، ترکیب‌پذیری، بای پلات.

مقدمه

تلاقی‌های دای آلل در تحقیقات ژنتیک جهت بررسی توارث صفات مهم در بین گروهی از ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود. تجزیه‌های دای آلل معمولاً بر اساس روش‌های گریفینگ انجام می‌شود که سبب شکستن واریانس کل به ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی می‌شود. از تلاقی‌های دای آلل جهت بررسی عمل ژن و تعیین گروه‌ها و الگوهای هتروژنیک نیز می‌توان استفاده کرد (Miranda et al., 2007؛ Melani and Carena, 2005). مفهوم بای‌پلات اولین بار توسط گابریل (Gabriel, 1971) به منظور توضیح گرافیکی یک ماتریس با رتبه دو استفاده شد. از آن زمان به بعد از بای‌پلات به منظور تجزیه داده‌های مربوط به چند محیط استفاده زیادی شده است. علاوه بر مطالعات مربوط به چند محیط این روش برای سایر داده‌های دو طرفه از قبیل داده‌های دای آلل نیز قابل استفاده است. زمانی که GGE biplot برای داده‌های دای آلل استفاده می‌شود هر ژنوتیپ هم به عنوان لاین و هم به عنوان تستر در نظر گرفته می‌شود. همچنین در این مواقع اصطلاحات میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها به ترتیب با ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی والدین معادل است (Yan, 2001, 2002؛ Yan and Hunt, 2001؛ Ortiz et al., 2001). مقاله حاضر نتایج تلاقی‌های دای آلل را از طریق

روش بای‌پلات به صورت گرافیکی ارائه می‌دهد، این روش حاصل تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است روی ماتریس داده‌های حاصل از تلاقی‌های دای آلل انجام می‌شود. GGE bi-plot مکمل تلاقی‌های دای آلل بوده و جهت تفسیر نتایج برنامه‌های اصلاح نباتات بسیار مؤثر است. به عنوان مثال در تعیین سازگاری خصوصی ارقام به محیط‌های خاص نظیر مقاومت به بیماری‌ها، تحمل به گرما، خشکی و سرما و نیز جهت تعیین بهترین هیبریدها به ما کمک می‌کنند (Yan et al., 2001؛ Yan et al., 2000؛ Ebdon and Gauch, 2002). یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) داده‌های مربوط به تلاقی دای آلل هفت ژنوتیپ گندم را از نظر مقاومت به فوزاریوم بررسی و با استفاده از روش گرافیکی بای‌پلات آن‌ها را به دو گروه هتروژنیک تقسیم کردند. این محققین همچنین ده لاین اینبرد ذرت را از نظر مقاومت به کرم ساقه‌خوار ذرت ارزیابی کردند و ضمن تعیین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی لاین‌ها، بهترین ترکیبات را جهت تولید ارقام هیبرید مشخص و دو گروه هتروژنیک را برای مواد مورد ارزیابی پیشنهاد کردند.

دنسیک و همکاران (Dencic et al., 2000) در ارزیابی ارقام گندم در دو محیط تنش خشکی و بدون تنش دریافتند که میزان توارث پذیری عملکرد در محیط نرمال بیشتر از محیط تنش است. این محققین اظهار کردند برای

شدند. هر ژنوتیپ در دو خط به طول یک متر و با فاصله روی ردیف ۱۰ سانتی متر کشت شد. صفات عملکرد دانه در کرت، وزن سنبله، وزن صد دانه، تعداد پنجه بارور، طول سنبله، طول ریشک، طول پدانکل و ارتفاع بوته مورد یادداشت برداری شدند. تجزیه واریانس مرکب داده‌ها و تجزیه دای آلل با استفاده از نرم افزار SAS (Zhang *et al.*, 2005) و D2 انجام شد. تجزیه گرافیکی توسط نرم افزار GGE bi-plot (Yan, 2001; Yan and Kang, 2003) بر اساس روش پیشنهادی یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) و ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2002) انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف بر اساس روش ۲ گریفینگ در جدول ۱ ارائه شده است. همان طور که مشاهده می شود تفاوت معنی داری بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات وجود داشت. همچنین میانگین مربعات ترکیب پذیری عمومی و ترکیب پذیری خصوصی برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. نتایج مشابهی توسط موسوی و همکاران (Mousavi *et al.*, 2007)، حسنی و همکاران (Hasani *et al.*, 2006) و طالعی (Talei, 1996) برای صفات وزن هزار دانه، طول سنبله و طول پدانکل گزارش شده است. احمدی و همکاران (Ahmadi *et al.*, 2004) هشت لاین و رقم

افزایش عملکرد گندم در شرایط تنش، گزینش در یک محیط (تنش یا بدون تنش) کافی نیست، بلکه بایستی گزینش در هر دو محیط انجام شود.

مصطفوی و همکاران (Mostafavi *et al.*, 2009) در مطالعه‌ای با بررسی نتایج تلاقی‌های دای آلل گندم با روش بای پلات ضمن تعیین گروه‌های هتروتیکی مطابقت خوبی بین نتایج روش گریفینگ و نتایج گرافیکی روش بای پلات گزارش کردند. هدف از این تحقیق، برآورد ترکیب پذیری عمومی و خصوصی، تعیین گروه‌ها و الگوهای هتروتیکی در بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی، تعیین بهترین هیبریدها و تعیین تسترهای مناسب با استفاده از بای پلات داده‌های دای آلل برای تحقیقات آینده در گندم نان بود.

مواد و روش‌ها

به منظور مطالعه ژنتیکی عملکرد و صفات زراعی در گندم نان، هفت رقم گندم شامل گاسکوژن، قدس، گاسپارد، پشتاز، البرز، طوس و سرداری مورد بررسی قرار گرفتند. در پائیز سال ۱۳۸۶ این ارقام کشت و در بهار سال ۱۳۸۷ به صورت یک طرفه تلاقی داده شدند. والدین به همراه F1 های حاصل از تلاقی دای آلل آنها (روش دوم گریفینگ) طی دو سال زراعی ۸۸-۱۳۸۷ و ۱۳۸۹-۱۳۸۸ در مزرعه پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی

جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف هفت رقم گندم نان بر اساس روش ۲ گریفینگ

Table 1. Combined analysis of variance for different traits of seven bread wheat cultivars based on Griffing's method 2

S.O.V.	منابع تغییر	درجه آزادی df.	عملکرد دانه در کرت Yield per plot	وزن سنبله Spike weight	وزن هزار دانه 1000 kernel weight	تعداد پنجه Tiller number	طول سنبله Spike length	طول ریشک Awn length	طول پدانکل Pedankel length	ارتفاع بوته Plant height
Genotype	ژنوتیپ	27	25669.58**	5.78**	2.01**	7.02**	8.52**	3.76**	67.20**	169.31**
GCA	ترکیب پذیری عمومی	6	28668.45**	5.23**	3.17**	8.18**	28.91**	10.05**	173.38**	440.56**
SCA	ترکیب پذیری خصوصی	21	24812.77**	5.94**	1.67**	6.69**	2.69**	1.96**	36.86**	91.81**
Year × Genotype	ژنوتیپ × سال	27	2659.96 ^{ns}	0.14 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.46 ^{ns}	0.44 ^{ns}	1.34**	16.39 ^{ns}	46.33**
Year × GCA	سال × GCA	6	3718.38 ^{ns}	0.12 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.45 ^{ns}	0.60 ^{ns}	2.62**	15.06 ^{ns}	123.70**
Year × SCA	سال × SCA	21	2357.56 ^{ns}	0.15 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.47 ^{ns}	0.39 ^{ns}	0.97 ^{ns}	16.77 ^{ns}	24.22 ^{ns}
CV%	ضریب تغییرات		24.00	10.94	8.43	16.45	6.25	11.09	13.04	7.03

ns و **: به ترتیب غیر معنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۱٪.

ns and **: Not significant, significant at 1% probability level, respectively.

بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی و مثبت بودند بنابراین برای گزینش به منظور افزایش این صفت از این ارقام می‌توان استفاده کرد. احمدی و همکاران (Ahmadi *et al.*, 2004) نیز ترکیب‌پذیری عمومی رقم سرداری را برای صفت وزن ۵۰۰ دانه معنی‌دار گزارش کردند. در مورد صفت تعداد پنجه مشابه با عملکرد دانه در کورت رقم گاسپارد دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بود. در مورد صفت طول سنبله ۵۷ درصد از ارقام دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند که به ترتیب مربوط به ارقام گاسپارد، البرز، گاسکوژن و پیشتاز بود. برای طول ریشک فقط رقم طوس دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بود. نتایج مربوط به صفات طول پدانکل و ارتفاع بوته با هم مطابقت داشتند و برای هر دو صفت ارقام گاسکوژن و گاسپارد دارای ترکیب‌پذیری مثبت و معنی‌دار و ارقام قدس، البرز و سرداری دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی و معنی‌دار بودند. موسوی و همکاران (۲۰۰۸) در مطالعه‌ای در گندم نان با استفاده از تلاقی‌های دای آلل ده رقم گندم را ارزیابی کردند. در بررسی این محققین صفات تعداد سنبلچه در سنبله، طول پدانکل، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه، وزن هزار دانه، تعداد روزنه در واحد سطح و شاخص برداشت بررسی شدند. در تحقیق آن‌ها ترکیب‌پذیری عمومی هیچ‌کدام از صفات برای رقم سرداری معنی‌دار نبود اما برای رقم قدس

گندم را با استفاده از تلاقی‌های دای آلل ارزیابی و گزارش کردند ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات شامل ارتفاع بوته، طول ریشک، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن ۵۰۰ دانه و عملکرد دانه معنی‌دار بود. در این بررسی ترکیب‌پذیری خصوصی برای تمامی صفات به جز طول سنبله معنی‌دار بود. اثر متقابل ژنوتیپ و سال به جز صفات طول ریشک و ارتفاع بوته برای سایر صفات معنی‌دار نبود.

مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی والدین برای صفات مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به غیرمعنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ و سال برای اکثر صفات جهت محاسبه ترکیب‌پذیری عمومی والدین و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها از میانگین داده‌های دو سال استفاده شد. بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار برای صفت عملکرد دانه در کورت مربوط به رقم گاسپارد بود. بنابراین در این رقم فراوانی ژن‌های با اثر افزایشی زیاد بوده و برای برنامه‌های به‌نژادی مبتنی بر گزینش می‌توان از آن سود جست. از آنجائی که روش‌های هیبریداسیون در گیاهان خودگشن نسبت به گیاهان دگرگشن کمتر استفاده می‌شوند بنابراین شناسایی ارقامی در گندم که برای صفت یا صفات مورد نظر به گزینش پاسخ مطمئن‌تری بدهد مهم است. برای وزن سنبله ارقام قدس و پیشتاز دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند. برای صفت وزن صد دانه ارقام سرداری و البرز به ترتیب دارای

جدول ۲- مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات مختلف در تلاقی دای‌آلل هفت رقم گندم نان
Table 2. General combining ability for different traits in a seven bread wheat base diallel cross

والدین Parents	عملکرد دانه در کرت Yield	وزن سنبله Spike weight	وزن هزار دانه 1000 kernel weight	تعداد پنجه Tiller number	طول سنبله Spike length	طول ریشک Awn length	طول پدانکل Pedankel length	ارتفاع بوته Plant height
A	-0.23 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	-0.36 [*]	0.35 ^{**}	-0.20 ^{**}	2.45 ^{**}	4.94 ^{**}
B	4.66 ^{ns}	0.48 ^{**}	-0.24 ^{**}	-0.20 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	-0.28 ^{**}	-1.66 ^{**}	-2.59 ^{**}
C	39.52 ^{**}	-0.21 [*]	-0.21 ^{**}	0.83 ^{**}	0.62 ^{**}	-0.04 ^{ns}	2.44 ^{**}	2.95 ^{**}
D	-22.23 [*]	0.47 ^{**}	-0.12 [*]	0.29 ^{ns}	0.18 [*]	-0.42 ^{**}	-0.22 ^{ns}	-0.70 ^{ns}
E	-28.59 ^{**}	-0.38 ^{**}	0.13 [*]	-0.39 [*]	0.40 ^{**}	0.02 ^{ns}	-1.34 ^{**}	-2.25 ^{**}
F	14.96 ^{ns}	-0.21 [*]	0.03 ^{ns}	-0.13 ^{ns}	-1.58 ^{**}	0.90 ^{**}	-0.03 ^{ns}	-0.82 ^{ns}
G	-8.08 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	0.46 ^{**}	-0.03 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.02 ^{ns}	-1.64 ^{**}	-1.52 ^{**}

ns، * و **: به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪؛ ns، * and **: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.
A: گاسکوژن؛ B: قدس؛ C: گاسپارد؛ D: پیشتاز؛ E: البرز؛ F: طوس؛ G: سرداری.
A: Gascogne; B: Ghods; D: Gaspard; D: Pishtaz; E: Alborz; F: Toos; G: Sardari.

پیشتاز × سرداری و البرز × سرداری برای این صفت دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی دار بودند. نتایج مشابهی برای این صفات در گندم توسط مصطفوی و همکاران (Mostafavi *et al.*, 2009) گزارش شده است. برای صفت تعداد پنجه فقط هیبرید گاسپارد × سرداری دارای ترکیب‌پذیری مثبت و معنی دار بود. برای صفت طول سنبله تلاقی‌های گاسکوژن × گاسپارد، گاسکوژن × طوس و قدس × گاسپارد دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی دار بودند. در مورد صفت ارتفاع بوته ۱۹ درصد از هیبریدها دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی و معنی دار بودند که مربوط به تلاقی‌های قدس × طوس، قدس × پیشتاز، گاسپارد × طوس و طوس × سرداری بود بنابراین از این هیبریدها جهت تولید ژنوتیپ‌هایی با ارتفاع بوته کمتر می‌توان استفاده

ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات تعداد روزنه در واحد سطح و شاخص برداشت معنی دار بود. مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی در جدول ۳ نشان داده شده است. برای صفت عملکرد دانه در کرت بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی دار مربوط به تلاقی‌های گاسکوژن × گاسپارد و قدس × پیشتاز بود. بنابر این استفاده از این ارقام برای افزایش فراوانی ژن‌های با اثر غیرافزایشی جهت تولید هیبرید می‌تواند مفید باشد. برای صفت وزن سنبله بیشترین مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی دار به ترتیب مربوط به تلاقی‌های قدس × پیشتاز، گاسپارد × البرز، پیشتاز × طوس و گاسکوژن × قدس بود. برای صفت وزن صد دانه ۲۵ درصد از هیبریدها ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی دار نشان دادند. تلاقی‌های گاسکوژن × پیشتاز، گاسکوژن × طوس، گاسپارد × پیشتاز،

جدول ۳- مقادیر ترکیب پذیری خصوصی برای صفات مختلف در تلاقی دای آلل هفت رقم گندم نان
Table 3. Specific combining ability for different traits in a seven bread wheat base diallel cross

هیبرید	عملکرد دانه در کرت	وزن سنبله	وزن هزار دانه	تعداد پنجه	طول سنبله	طول ریشک	طول پدانکل	ارتفاع بوته
Hybrid	Yield	Spike weight	1000 kernel weight	Tiller number	Spike length	Awn length	Pedankel length	Plant height
A×B	-135.50**	0.62*	0.26 ^{ns}	-0.34 ^{ns}	-1.08**	0.37 ^{ns}	-0.96 ^{ns}	-0.85 ^{ns}
A×C	98.04**	0.13 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	0.11 ^{ns}	1.09**	0.31 ^{ns}	3.38**	3.64*
A×D	-51.98 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	0.52**	-1.47**	-0.42 ^{ns}	0.65**	2.61**	3.86**
A×E	-25.05 ^{ns}	-0.50 ^{ns}	0.01 ^{ns}	-0.82 ^{ns}	0.44 ^{ns}	0.43*	3.00**	3.58**
A×F	-18.41 ^{ns}	0.33 ^{ns}	0.52**	-0.31 ^{ns}	0.86**	-0.29 ^{ns}	2.61**	3.15*
A×G	39.14 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.11 ^{ns}	-0.66 ^{ns}	0.24 ^{ns}	0.02 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	-1.43 ^{ns}
B×C	3.19 ^{ns}	-0.93**	-0.22 ^{ns}	0.58 ^{ns}	1.31**	0.29 ^{ns}	0.28 ^{ns}	-0.24 ^{ns}
B×D	169.41**	3.33**	-0.52**	-0.90 ^{ns}	-0.38 ^{ns}	0.35 ^{ns}	0.48 ^{ns}	2.43 ^{ns}
B×E	47.28 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	0.21 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	0.29 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	-0.83 ^{ns}	0.18 ^{ns}
B×F	-42.27 ^{ns}	-1.29**	-0.55**	-0.23 ^{ns}	-0.54*	0.35 ^{ns}	-1.56 ^{ns}	-5.26**
B×G	-26.54 ^{ns}	-0.25 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	-0.68 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	-0.30 ^{ns}	-0.95 ^{ns}	-5.00**
C×D	-3.61 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.54**	-1.08*	-0.30 ^{ns}	0.48*	0.76 ^{ns}	4.63**
C×E	-3.81 ^{ns}	1.06**	0.23 ^{ns}	0.75 ^{ns}	0.29 ^{ns}	0.36 ^{ns}	-0.92 ^{ns}	-0.38 ^{ns}
C×F	-35.48 ^{ns}	-1.35**	-1.01**	0.11 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.11 ^{ns}	-3.55**	-3.49*
C×G	-0.47 ^{ns}	0.42 ^{ns}	0.05 ^{ns}	2.11**	-0.49 ^{ns}	0.06 ^{ns}	1.73 ^{ns}	0.74 ^{ns}
D×E	-31.06 ^{ns}	-0.44 ^{ns}	-0.49**	-0.43 ^{ns}	-0.36 ^{ns}	0.25 ^{ns}	-0.35 ^{ns}	-2.44 ^{ns}
D×F	-5.61 ^{ns}	0.88**	0.01 ^{ns}	-0.09 ^{ns}	-0.36 ^{ns}	-1.41**	-0.51 ^{ns}	-1.90 ^{ns}
D×G	10.76 ^{ns}	-0.35 ^{ns}	0.68**	-0.25 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	0.51*	2.47**	-0.76 ^{ns}
E×F	-37.52 ^{ns}	0.36 ^{ns}	0.30 ^{ns}	-1.40**	-0.79**	-0.06 ^{ns}	2.52**	-0.01 ^{ns}
E×G	12.43 ^{ns}	0.24 ^{ns}	0.47**	-0.89 ^{ns}	0.17 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.69 ^{ns}	2.98*
F×G	-46.75 ^{ns}	-0.97**	-0.76**	-1.24*	0.34 ^{ns}	0.58**	-3.56**	-5.02**

ns، * و **: به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪. ns، * and **: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.
A: گاسکوژن؛ B: قدس؛ C: گاسپارد؛ D: پیشتاز؛ E: البرز؛ F: طوس؛ G: سرداری.
A: Gascogne; B: Ghods; D: Gaspard; D: Pishtaz; E: Alborz; F: Toos; G: Sardari.

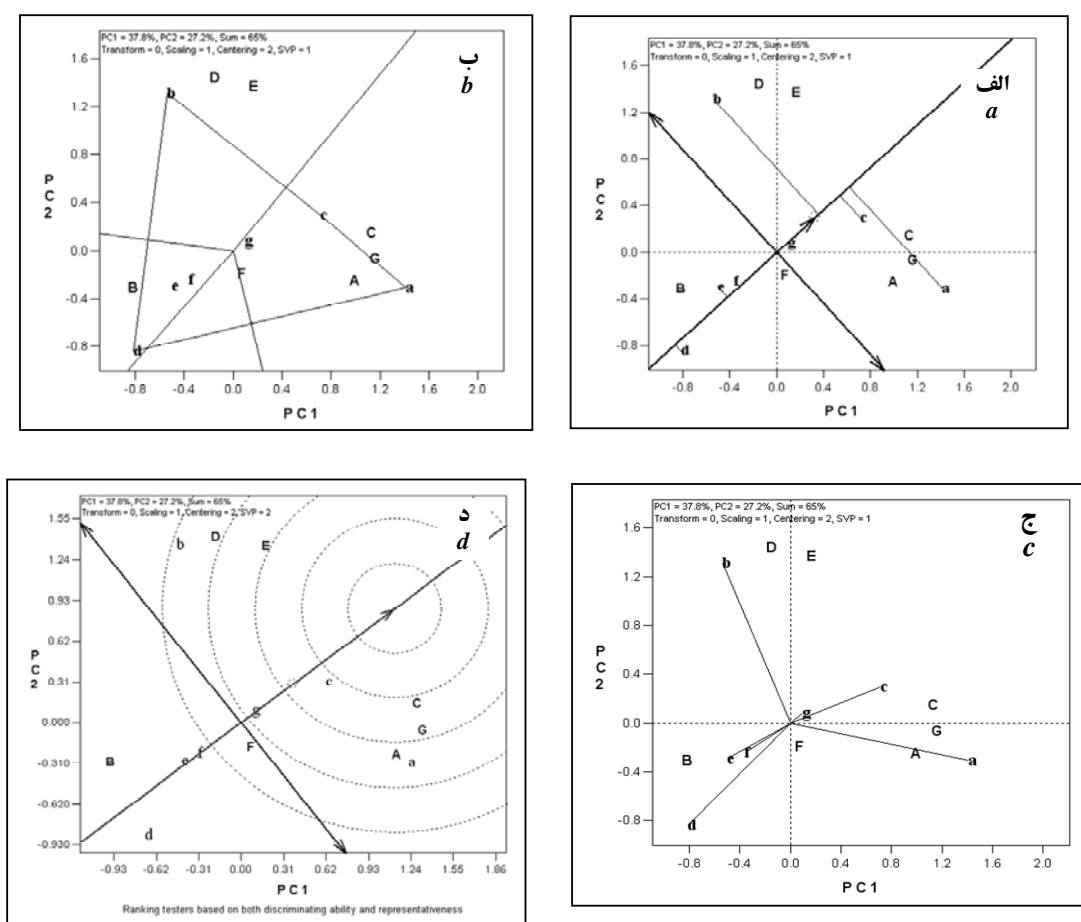
نمودارهای دو بعدی داده‌های دای آلل عملکرد دانه در کرت برای ارقام مورد بررسی بر اساس میانگین داده‌های دو سال در شکل ۱ ارائه شده است. در این شکل‌ها حروف کوچک موقعیت ارقام یا لاین‌ها و حروف

کرد. از آنجائی که در هیبریدهای تولید شده در برخی از گیاهان خودگشن از جمله گندم در سال‌های اخیر هتروزیس مشاهده شده و تمایل جهت تولید ارقام هیبرید بیشتر شده است این نتایج می‌تواند در این زمینه مفید باشد.

شامل ارقام گاسکوژن، گاسپارد، پیشتاز و سرداری و گروه دوم شامل ارقام گاسپارد، البرز و طوس. یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) با استفاده از این روش هفت رقم گندم را از نظر مقاومت به فوزاریم مطالعه و علاوه بر بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها، ارقام را به دو گروه هتروتیک تقسیم کردند.

بهترین تستر اولاً باید بتواند ژنوتیپ‌ها را بهتر از هم تمیز دهد، ثانیاً باید دارای عملکرد (Performance) خوبی نیز باشد. بر این اساس ژنوتیپی به عنوان بهترین تستر شناخته می‌شود که نزدیک به میانگین تسترها و متمایل به انتهای مثبت محور میانگین تسترها قرار گرفته باشد. با توجه به شکل ۱ الف ژنوتیپ یا تستر C (گاسپارد) به عنوان بهترین تستر شناخته شد. نمایش چند وجهی نمودار دو بعدی (شکل ۱ ب) روش بسیار مناسبی برای بررسی الگوها و تفسیر اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و تسترها بود. این چند وجهی از طریق وصل کردن ژنوتیپ‌هایی حاصل می‌شود که بیشترین فاصله را از مبدأ مختصات دارند به طوری که سایر لاین‌ها داخل این چند وجهی قرار گیرند. از مبدأ بر هر ضلع چند وجهی یا ادامه آن خطی عمود می‌شود به طوری که شکل را به چند بخش تقسیم کنند. به این ترتیب هر لاین و هر تستر ناگزیر داخل یکی از این بخش‌ها قرار می‌گیرد. ویژگی جالب توجه این چند وجهی این است که هر تستر در همان بخشی قرار می‌گیرد که بهترین لاین‌های ترکیب شونده با

بزرگ موقعیت تسترها را نشان می‌دهند. لازم به ذکر است که در این روش هر ژنوتیپ یا والد هم به عنوان لاین و هم به عنوان تستر در نظر گرفته می‌شود (Yan and Hunt, 2002). موقعیت میانگین تسترها با دایره نشان داده شده است. این نمودار ۶۵ درصد از واریانس داده‌ها را توضیح می‌دهد (شکل ۱ الف، ب، ج، د). ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین تسترها تعیین می‌شود. بدین منظور از مبدأ مختصات خطی به میانگین تسترها وصل و به دو طرف ادامه می‌یابد تا دیواره‌های نمودار را قطع کند. این خط بردار میانگین تسترها نام دارد. ژنوتیپ‌هایی که در انتهای مثبت آن هستند دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی و بالعکس هستند. بنابراین ترتیب لاین‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی به صورت پیشتاز > البرز > طوس > سرداری > قدس > گاسپارد > گاسکوژن بود. فاصله هر لاین از بردار میانگین تسترها، ترکیب‌پذیری خصوصی آن را تخمین می‌زند این شاخص تمایل هر لاین را به تولید هیبرید بهتر با لاین‌های دیگر نشان می‌دهد. به این ترتیب ارقام گاسکوژن و قدس دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه لاین‌ها است. در این اشکال محور میانگین تسترها معیاری جهت تقسیم‌بندی لاین‌ها به گروه‌های هتروتیک است. لاین‌های هر طرف این خط یک گروه هتروتیک را تشکیل می‌دهند. به این ترتیب دو گروه هتروتیک وجود خواهد داشت. گروه اول



شکل ۱- نمودار دو بعدی داده‌های دای آلل عملکرد دانه در کرت برای هفت رقم (لاین) گندم نان. الف: نمایش موقعیت ارقام، تسترها و میانگین تسترها. ب: نمایش چند وجهی و موقعیت لاین‌ها و تسترها. ج: ترسیم محور میانگین لاین‌ها جهت تعیین روابط بین آن‌ها. د: رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر. حروف کوچک نشان‌دهنده لاین‌ها و حروف بزرگ نشان‌دهنده تسترها است. دایره موقعیت میانگین تسترها را نشان می‌دهد. کد و نام ارقام عبارتند: A: گاسکوژن، B: قدس، C: گاسپارد، D: پیشتاز، E: البرز، F: طوس و G: سرداری.

Fig. 1. The GGE biplot based on the seven wheat cultivars yield performance. a: Average-tester coordination (AEC) view of the cultivars and testers. b: Polygon view of the biplot show the cultivars and testers position. c: The vector view of the cultivars to show relationship among them. d: Ranking of testers base ideal tester. The genotype codes are A: Gaskojen; B: Ghods; C: Gaspard; D: Pishtaz; E: Alborz; F: Toos; G: Sardari.

چند وجهی قرار گرفته‌اند بهترین ترکیب شونده‌ها با تسترهای بخش خودشان و ضعیف‌ترین ترکیب شونده با تسترهای سایر بخش‌ها هستند. لاین‌هایی که نزدیک مبدأ قرار می‌گیرند، ترکیب‌پذیری ضعیفی با تمام تسترها

آن قرار گرفته‌اند. در بین ژنوتیپ‌هایی که در یک بخش واقع می‌شوند، بهترین ژنوتیپ ترکیب شونده با تسترهای آن بخش ژنوتیپی است که در رأس چند وجهی در همان بخش قرار گرفته است. لاین‌هایی که در گوشه‌های

تمیز ارقام نشان می‌دهد. هر چقدر طول این پاره خط بزرگ‌تر باشد آن تستر از قدرت تمیز بالاتری برخوردار است. بنابر این تسترهای پیشتاز و البرز نسبت به سایر تسترها مشخص‌تر بودند.

شکل ۱ د برای رتبه بندی تسترها بر اساس بهترین تستر برای صفت عملکرد دانه در کرت استفاده شد. بهترین تستر باید اولاً دارای عملکرد بالایی بوده و ثانیاً پایدار نیز باشد به عبارتی دیگر دارای ترکیب‌پذیری عمومی بالایی بوده و ترکیب‌پذیری خصوصی پائینی داشته باشد. بر این اساس موقعیت بهترین تستر در این شکل با علامت پیکان مشخص شده است و در مرکز دواير هم مرکز قرار دارد. به مرکزیت تستر ایده‌آل دواير هم مرکز رسم می‌شود، تسترهایی که به مرکز نزدیک‌تر باشند تسترهای مناسب‌تری هستند. بر این اساس ترتیب تسترها به صورت زیر بود: قدس > طوس > پیشتاز > البرز ~ گاسکوژن > سرداری > گاسپارد.

نمودار دو بعدی داده‌های دای آلل وزن سنبله برای ارقام مورد بررسی بر اساس میانگین داده‌های دو سال در شکل ۲ ارائه شده است. نمودار GGE2 بای‌پلات ۲/۶۸ درصد از واریانس داده‌ها را توضیح داد (شکل ۲ الف، ب، ج، د). بر اساس شکل ۲ الف ترتیب لاین‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی وزن سنبله به این صورت بود: طوس > گاسکوژن ~ البرز > پیشتاز > قدس > سرداری > گاسپارد.

دارند و به عوض شدن تستر واکنش زیادی نشان نمی‌دهند. لاین b (گاسپارد) و تستر D (پیشتاز) در یک بخش قرار گرفتند و بالعکس یعنی لاین d (پیشتاز) با تستر B (گاسپارد) در یک بخش دیگر با هم بودند، این وضعیت نشان می‌دهد که بین ارقام گاسپارد و پیشتاز ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیك است. برای لاین‌های قدس و البرز هم، چنین وضعیتی مشاهده شد. لاین گاسکوژن با تسترهای گاسپارد و سرداری در یک بخش قرار داشتند اما عکس این وضعیت مشاهده نشد، این موضوع نیز ترکیب‌پذیری خوب آن‌ها را نشان می‌دهد. لاین پیشتاز و البرز در یک بخش قرار داشتند و تسترهای آن‌ها یعنی پیشتاز و البرز با هم در بخش دیگری بودند. این موضوع نشان‌دهنده ترکیب‌پذیری پائین این ارقام با هم است.

شکل ۱ ج برای گروه‌بندی ارقام و تعیین شباهت و عدم شباهت ژنوتیپ‌ها استفاده شد. بر اساس نواحی چهارگانه ارقام به چهار گروه تقسیم‌بندی شدند. گروه اول شامل ارقام گاسپارد و سرداری. گروه دوم شامل ارقام البرز، طوس و پیشتاز. ارقام گاسکوژن و قدس نیز هر کدام در یک گروه جدا قرار داشتند. زاویه بین محور لاین‌ها نیز همبستگی یا شباهت لاین‌ها را نشان می‌دهد. این زاویه هر چقدر کوچک‌تر باشد همبستگی ارقام بیشتر است. بر اساس این زاویه نیز گروه‌بندی لاین‌ها امکان‌پذیر است. طول محور هر تستر نیز قدرت آن تستر را در

برای این صفت عبارت بودند از ترکیب سرداری در ارقام گاسکوژن، قدس، گاسپارد، پیشتاز و البرز. تسترهای گاسپارد، پیشتاز، البرز و سرداری دارای فاصله بیشتری از مبدأ بودند، بنابراین از توانایی بیشتری در تشخیص ارقام برخوردار می باشند. در مقابل تسترهای گاسکوژن و طوس از مبدأ مختصات فاصله کمی داشتند، بنابراین این ارقام به عوض شدن رقم واکنش چندانی نشان نمی دهند و تسترهای مناسبی نیستند.

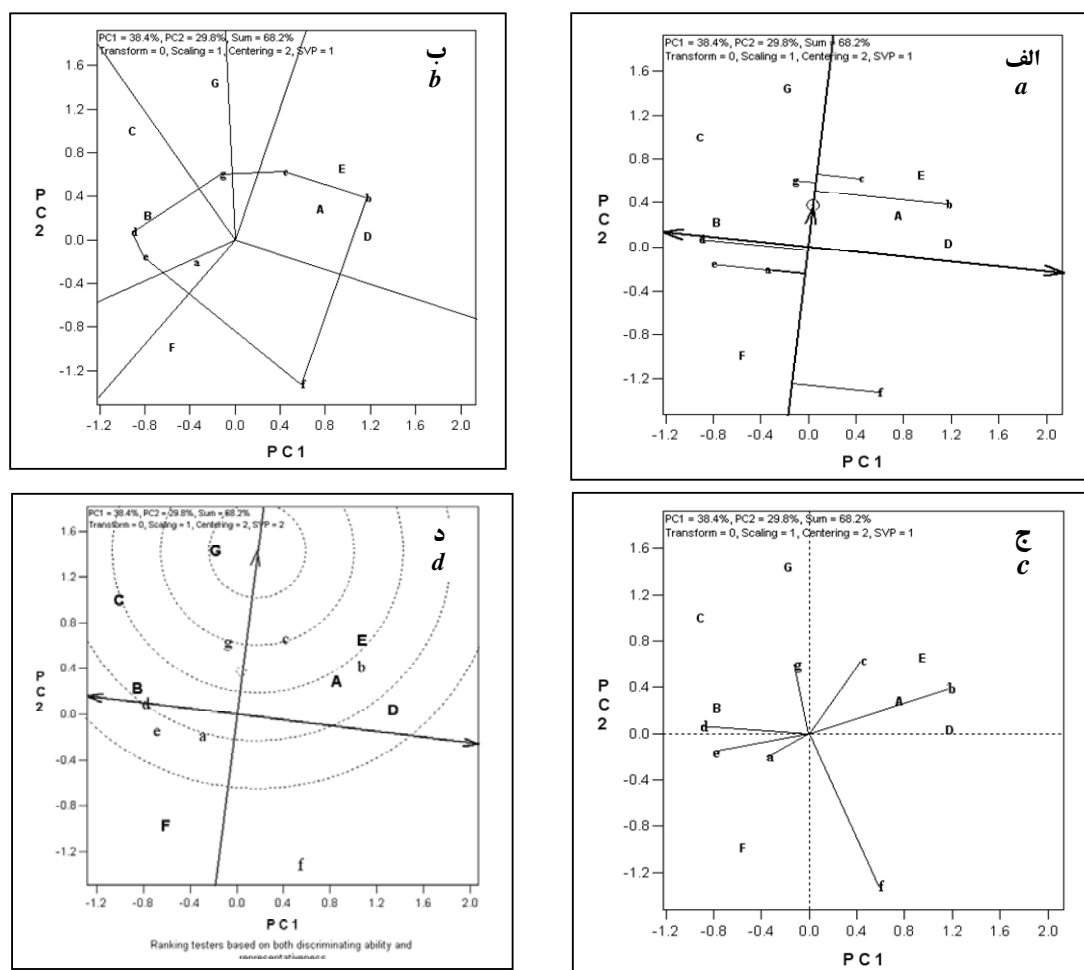
نمودار دو بعدی مربوط به تعداد پنجه بارور ۶۸ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد. بر اساس نتایج گرافیکی برای تعداد پنجه بارور ارقام گاسپارد و قدس دارای بیشترین و ارقام گاسکوژن و گاسپارد دارای کمترین ترکیب پذیری عمومی بودند. تلاقی‌های سرداری × پیشتاز، سرداری × طوس و سرداری × سرداری و گاسپارد × گاسکوژن، گاسپارد × قدس و گاسپارد × البرز هیبریدهای مناسبی با ترکیب پذیری خصوصی بالا تشخیص داده شدند. بر اساس قدرت تمیز ارقام و عملکرد، تستر قدس بهترین تستر تشخیص داده شد.

نمودار بای پلات مربوط به طول سنبله ۸۴ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد. برای این صفت ترتیب ارقام از نظر ترکیب پذیری عمومی به صورت طوس > قدس > سرداری > پیشتاز > البرز ~ گاسکوژن > گاسپارد بود. بهترین هیبریدها نیز گاسکوژن (گاسپارد، سرداری، البرز) و گاسپارد (قدس، پیشتاز،

همچنین لاین‌های گاسپارد، پیشتاز و طوس دارای ترکیب پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه ارقام بودند. گروه‌های هترو تیک مشخص شده توسط این شکل به این صورت بود: گروه اول شامل ارقام گاسکوژن، پیشتاز، البرز و سرداری و گروه دوم شامل ارقام قدس، گاسپارد و طوس. با توجه به شکل ۲ الف ژنوتیپ سرداری به عنوان بهترین تستر شناخته شد. نمایش چند وجهی نمودار دو بعدی نیز برای وزن سنبله در شکل ۲ ب نشان داده شده است. در این شکل لاین قدس با تسترهای گاسکوژن، پیشتاز و البرز در یک بخش قرار گرفتند که نشان می‌دهد لاین قدس ترکیب پذیری خوبی با این تسترها دارد.

بر اساس شکل ۲ ج لاین‌های قدس و گاسپارد در یک گروه و لاین‌های گاسکوژن، پیشتاز و البرز در گروه دیگر قرار گرفتند. همچنین بر اساس طول محور هر تستر یا فاصله تسترها از مبدأ، تسترهای گاسپارد و سرداری نسبت به سایر تسترها جهت تمیز لاین‌ها مناسب تر بودند. با توجه به شکل ۲ د ترتیب تسترها به صورت زیر بود: طوس > قدس ~ پیشتاز > گاسکوژن > البرز ~ گاسپارد > سرداری یعنی سرداری مناسب‌ترین تستر بود.

برای سایر صفات نیز تجزیه‌های فوق انجام شد که خلاصه نتایج به این صورت بود: برای صفت وزن صد دانه رقم سرداری دارای بیشترین و رقم طوس دارای کمترین ترکیب پذیری عمومی بودند. بهترین تلاقی‌ها



شکل ۲- نمودار دو بعدی داده‌های دای آلل وزن سنبله هفت رقم (لاین) گندم نان. الف: نمایش موقعیت لاین‌ها، تسترها و میانگین تسترها. ب: نمایش چند وجهی و موقعیت لاین‌ها و تسترها. ج: ترسیم محور میانگین لاین‌ها جهت تعیین روابط بین آن‌ها. د: رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر. حروف کوچک نشان‌دهنده لاین‌ها و حروف بزرگ نشان‌دهنده تسترها است. دایره موقعیت میانگین تسترها را نشان می‌دهد. کد و نام ارقام عبارتند: A: گاسکوژن، B: قدس، C: گاسپارد، D: پیشتاز، E: البرز، F: طوس و G: سرداری.

Fig. 2. The GGE biplot based on the seven wheat cultivars for spike weight. a: Average-tester coordination (AEC) view of the cultivars and testers. b: Polygon view of the biplot show the cultivars and testers position. c: The vector view of the cultivars to show relationship among them. d: Ranking of testers base ideal tester. The genotype codes are A: Gaskojen; B: Ghods; C: Gaspard; D: Pishtaz; E: Alborz; F: Toos; G: Sardari.

شامل گاسکوژن و قدس. گروه سوم نیز شامل رقم طوس بود. بر اساس قدرت تمیز و طول سنبله ترتیب تسترها به این صورت بود: گاسپارد

طوس) بود. از نظر این صفت ارقام به سه گروه تقسیم‌بندی شدند. گروه اول شامل ارقام سرداری، البرز، پیشتاز و گاسپارد. گروه دوم

دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی و رقم قدس دارای کمترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. برای این صفت هیبریدهای گاسپارد (گاسکوژن، قدس، سرداری) و گاسکوژن (گاسپارد، پیشتاز، البرز، طوس) بسیار هتروتیک بودند. ترتیب تسترها براساس بهترین تستر برای این صفت به این صورت بود: گاسکوژن > طوس > البرز > پیشتاز > گاسپارد > سرداری > قدس.

برای ارتفاع بوته نیز مشابه با طول پدانکل رقم گاسکوژن دارای بیشترین و رقم قدس دارای کمترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. تلاقی‌های هتروتیک برای این صفت عبارت بودند از گاسکوژن (گاسپارد، قدس، پیشتاز، البرز، طوس، سرداری). از تلاقی‌هایی که برای ارتفاع بوته هتروتیک نبودند و باعث کاهش ارتفاع بوته می‌شوند می‌توان البرز × طوس، قدس × سرداری و گاسپارد × پیشتاز را نام برد. برای این صفت ترتیب تسترها در مقایسه با بهترین تستر به صورت گاسکوژن > البرز > طوس > قدس ~ گاسپارد > سرداری > پیشتاز بودند.

بر اساس نتایج این تحقیق بین ارقام مورد بررسی تنوع ژنتیکی قابل توجهی وجود داشت که سبب وجود اثرهای افزایشی و غیرافزایشی برای صفات مورد بررسی از جمله عملکرد می‌شود (Miranda et al., 2007). بنابراین برای علی‌رغم خودگشن بودن گندم، برای دست‌ورزی بعضی از صفات علاوه بر روش‌های

> گاسکوژن > پیشتاز > قدس > سرداری > البرز > طوس.

نمودار بای پلات طول ریشک ۷۱/۷ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد. بر اساس این نمودار لاین طوس دارای بیشترین و لاین‌های قدس و پیشتاز دارای کمترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. ارقام گاسکوژن، پیشتاز و طوس دارای بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی نیز بودند. بهترین ترکیب‌ها عبارت بودند از طوس (گاسکوژن، قدس، گاسپارد، البرز، طوس، سرداری) و پیشتاز × گاسپارد. بنابراین رقم طوس چون با بسیاری از ارقام (۶ رقم از ۷ رقم) ترکیب‌پذیری خوبی داشت می‌تواند در تحقیقات آینده مورد استفاده قرار گیرد. بر اساس نمودار بای پلات ارقام به سه گروه تقسیم شدند. گروه اول شامل ارقام گاسکوژن، گاسپارد و سرداری. گروه دوم شامل قدس، پیشتاز و البرز. گروه سوم شامل رقم طوس. در بین تسترها، تستر قدس دارای بیشترین مقدار طول برای طول ریشک و از قدرت تمیز قابل توجهی نیز برخوردار بود. تستر پیشتاز از قدرت تمیز بالایی برخوردار بود اما دارای نمود پائینی برای این صفت بود. ترتیب تسترها در مقایسه با بهترین تستر به صورت پیشتاز > گاسکوژن > گاسپارد > سرداری ~ طوس بود. ترتیب ارقام بر اساس رقم ایده‌آل نیز برای این صفت به صورت پیشتاز ~ قدس > البرز > گاسکوژن > سرداری > گاسپارد > طوس بود.

در رابطه با طول پدانکل رقم گاسکوژن

گزینش، استفاده از روش‌های هیبریداسیون و بهره‌برداری از پدیده هتروزیس می‌تواند مفید باشد. معنی دار بودن اثر افزایشی و غالبیت ژن‌ها برای اکثر صفات دلیل این موضوع است. همچنین مقایسه نتایج تجزیه‌های عددی با نتایج گرافیکی نشان‌دهنده مطابقت خوب نتایج این دو روش بود. با توجه به برتری روش‌های گرافیکی از نظر تفسیر سریع‌تر و ساده‌تر نتایج، استفاده از این روش‌ها در تحقیقات توصیه می‌شود. از طرفی شکل‌های ارائه شده ترکیب‌پذیری عمومی والدین و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها را همزمان بررسی می‌کنند که اعتبار آن را دو چندان می‌کند.

References

- Ahmadi, J., Zali, A., Yazdi Samadi, B., Talei, A., Ghanadha, M. R., and Saeidi, A. 2004.** Investigation of general combining ability and gene effect in bread wheat under drought stress conditions using diallel analysis. *Iranian Journal of Agricultural Sciences* 34(1): 1-8 (in Persian).
- Dencic, S., Kastori, R., Kobiljski, B., and Duggan, B. 2000.** Evaluation of grain yield and its componenets in wheat cultivares and landrace under near optimal and drought conditions. *Euphytica* 113: 43-52.
- Ebdon, J. S., and Gauch, H. G. 2002.** Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interaction of genotype \times environment. *Crop Science* 42: 489-496.
- Gabriel, K. R. 1971.** The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453-467.
- Hasani, M., Saeidi, G., and Rezaei, A. 2006.** Estimation of genetics parameters and combining ability for grain yield and yield components in bread wheat. *Agricultural and Natural Resources Science and Technology Journal* 9 (1): 157-170 (in Persian).
- Melani, M. D., and Carena, M. J. 2005.** Alternative maize heterotic patterns for the northern corn belt. *Crop Science* 45: 2186-2194.
- Miranda, G. V., Souza, L. V., Galvao, J. C. C., Guimaraes, L. J. M., Melo, A. V., and Santos, I. C. 2007.** Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. *Euphytica* 162: 431-440.
- Mostafavi, K., Mirzaei, R., Bihamta, M. R., Changizi, M., and Babaei, T. 2009.** Genetic investigation of resistance to drought stress in bread wheat using graphical

- methods: GGE bi-plot and AMMI model. *Environmental Stresses in Crop Sciences* 2 (2): 170-180.
- Moosavi, S. S., Yazdi Samadi, B., Zali, A., and Bihamta, M. R. 2007.** Genetic analysis of quantitative traits in bread wheat under normal and drought stress conditions. *Seed and Plant* 23 (4): 587-601 (in Persian).
- Moosavi, S. S., Yazdi Samadi, B., Zali, A., and Bihamta, M. R. 2008.** Investigation of general and specific combining ability of quantitative traits in bread wheat under normal and drought stress conditions. *Iranian Journal of Agricultural Research* 1(2): 227-238 (in Persian).
- Ortiz, S., Madsen, W. W., and Hill, J. 2001.** Additive main effect and multiplicative interaction model for a diallel-cross analysis. *Theoretical and Applied Genetics* 102: 1103-1106.
- Talei, A., 1996.** Investigation of combining ability and heterosis in bread wheat cultivars using diallel cross method. *Iranian Journal of Agricultural Sciences* 27 (2): 67-75 (in Persian).
- Yan, W. 2001.** GGE biplot-A widows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal* 93: 1111-1118.
- Yan, W. 2002.** Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. *Agronomy Journal* 94:990-996.
- Yan, W., Cornelius, P. L. Crossa, J., and Hunt, L. A. 2001.** Two types of GGE biplots for analysis multi – environment trial data. *Crop Science* 41: 565-663.
- Yan, W., and Hunt, L. A. 2001.** Genetic and environmental causes of genotype \times environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Science* 41:19-25.
- Yan, W., and Hunt, L. A. 2002.** Biplot analysis of diallel data. *Crop Science* 42: 21-30.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., and Szlavnic, Z. 2000.** Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science* 40: 597-605.
- Yan, W., and Kang, M. S. 2003.** *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists and Agronomist.* CRC Press, Boca Raton, Florida, USA.

Zhang, S., Li, X., Yuan, L., Li, M., and Peng, Z. 2002. Heterotic groups and exploitation of heterosis-metodology, strategy, and use in hybrid maize breeding in China. Proceedings of the 8th Asian Regional Maize Workshop, August 5-8, Bangkok, Thailand.

Zhang, Y., Kang, M. S., and Lamkey, K. R. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. Agronomy Journal 97: 1097-1106.

