دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

مطالعه ساختار ژنتیکی عملکرد دانه و برخی ویژگی‌های اگرو-مورفولوژیک در گندم نان (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از تجزیه دی‌آلل و روش GGE بای‌پلات

علی صارمی‌راد[۱]، سمیرا عباسی[۲] و خداداد مصطفوی[۳]

۱- دانشجوی دکتری تخصصی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، باشگاه پژوهشگران و نخبگان جوان، کرج، ایران، (نویسنده مسوول: Asaremirad@gmail.com)

۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

۳- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۲/۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۵/۴

صفحه: ۱۳۰ تا ۱۳۹

چکیده

به‌منظور برآورد اجزای ژنتیکی عملکرد دانه و برخی صفات اگرو- مورفولوژیکی در گندم نان، هفت رقم شامل هامون، الموت، C-84-12، گاسپارد، قدس، مغان ۱ و افشار در قالب آزمایش تلاقی دی‌آلل یک‌طرفه ارزیابی شدند. والدین و هیبریدهای حاصل از تلاقی دی‌آلل یک‌طرفه آن‌ها (۲۱ هیبرید) طی سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. اثر ژنوتیپ برای صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک و قطر ساقه معنی‌دار شد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به‌جز قطر ساقه معنی‌دار بود. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک و قطر ساقه معنی‌دار و برای صفت ارتفاع بوته غیر معنی‌دار شد. ترکیب‌پذیری عمومی رقم گاسپارد برای صفت عملکرد دانه مثبت و معنی‌دار بود. در رابطه با عملکرد دانه ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدهای هامون × C-84-12، الموت × مغان ۱، الموت × افشار، C-84-12 × مغان ۱ و گاسپارد × قدس مثبت و معنی‌دار و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدهای هامون × افشار و گاسپارد × C-84-12 منفی و معنی‌دار بود. نمودار GGE بای‌پلات دو گروه هتروتیک مشخص نمود که گروه اول شامل ارقام هامون، مغان ۱ و افشار و گروه دوم شامل ارقام الموت، C-84-12، گاسپارد و قدس بود. با توجه به وجود اثرات افزایشی در مواد گیاهی تحت مطالعه و اثر تجمعی در توارث ژن‌ها به نسل بعد، این امکان وجود دارد که از طریق گزینش در نسل‌های اولیه برای افزایش عملکرد مفید واقع شود.

واژه‌های کلیدی: ترکیب‌پذیری، توارث، ژن، گندم، نسل، GGE بای‌پلات

مقدمه

نقش غلات، به‌ویژه گندم در تأمین نیاز تغذیه‌ای مستقیم انسان و نیز غیرمستقیم آن از طریق تعلیف دام و طیور بر همگان آشکار است. گندم به‌عنوان محصول محوری و کلیدی کشاورزی جایگاه ویژه‌ای در تغذیه ملل جهان دارد و غذای اصلی تقریباً ۳۵ درصد جمعیت جهان را تشکیل می‌دهد (۲۸). این گیاه بیش از ۲۵ درصد انرژی و ۲۰ درصد پروتئین مورد نیاز در رژیم غذایی جامعه بشری را تأمین می‌کند (۱۷،۴) و بعد از ذرت و برنج با اختصاص حدود ۲۰ درصد از زمین‌های زراعی جهان به خود، تحت عنوان سومین گیاه تغذیه‌ای مهم محسوب می‌شود (۳۰). طبق آخرین آمار سازمان خواروبار جهانی که مربوط به سال ۲۰۱۹ است (۸)، سطح برداشت گندم در جهان برابر با ۲۱۵/۹ میلیون هکتار با تولید محصول نزدیک به ۷۶۵/۷ میلیون تن دانه می‌باشد. کشورهای چین، هند، روسیه، آمریکا، فرانسه، کانادا، اوکراین، پاکستان و آلمان بزرگ‌ترین تولیدکننده‌های گندم در جهان به شمار می‌روند (۸). در ایران ۸ میلیون هکتار از زمین‌های زراعی به کشت گندم اختصاص داشته است که با میانگین ۲/۰۹ تن تولید دانه در هکتار، حدود ۱۶/۸ میلیون تن تولید محصول گندم در سال ۲۰۱۹ بوده است (۸). بر پایه بررسی‌های سازمان ملل متحد (۲۷) پیش‌بینی می‌شود، جمعیت از ۷/۷ میلیارد نفر در سال ۲۰۱۹ به ۸/۵ میلیارد نفر در سال ۲۰۳۰، ۹/۷ میلیارد نفر در سال ۲۰۵۰ و در سال ۲۱۰۰ میلادی به ۱۰/۹ میلیارد نفر افزایش یابد. طبیعتاً با رشد جمعیت، تقاضای غذا نیز به میزان قابل ملاحظه‌ای افزایش خواهد یافت. تضمین امنیت غذایی برای این جمعیت در حال افزایش نیاز به تلاش‌هایی برای بهبود تولید محصول گندم از طریق اصلاح ژنوتیپ‌های با پتانسیل ژنتیکی مطلوب دارد (۳۱،۷).

تولید و آزادسازی ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد کمی و کیفی مطلوب همواره یکی از اهداف اصلی به‌نژادگران گیاهی می‌باشد. جهت ایجاد چنین ژنوتیپ‌هایی به اطلاعات جامعی در ارتباط با ساختار ژنتیکی والدین به‌کار رفته در تلاقی و نیز قابلیت ترکیب‌پذیری آن‌ها مورد نیاز است؛ از این‌رو برای تحقق این امر می‌توان از تلاقی‌های دی‌آلل بهره جست. طرح‌های تلاقی دی‌آلل در تحقیقات ژنتیک به‌طور گسترده برای به دست آوردن اطلاعات مربوط به وراثت‌پذیری صفات کمی، انتخاب بهترین ترکیب‌پذیری والدین برای تلاقی‌ها و شناسایی پاسخ‌ها و الگوهای هتروتیک در بین گروه‌های ژنوتیپی استفاده می‌شود (۱۴). این طرح‌ها از ابزارهای مهم در برنامه‌های اصلاح گیاهان تلقی می‌شوند و به به‌نژادگران در جهت تولید هیبریدهای برتر کمک می‌کنند (۴۱). به‌طور معمول تجزیه‌های دی‌آلل بر اساس روش‌هایی که گریفینگ پیشنهاد نمود، اجرا می‌شود که باعث شکستن واریانس کل به قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی والدین و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها می‌گردد. جهت بررسی عمل ژن و تعیین گروه‌ها و الگوهای هتروتیک می‌توان از این تلاقی‌ها بهره برد (۲۲-۲۳). استفاده از روش بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، برای تلاقی‌های دی‌آلل، روشی است که توسط یان و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]

[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

هانت (۴۰) پیشنهاد شد. رویکرد بای‌پلات بر اساس داده‌های حاصل از آزمایش دی‌آلل برای تخمین میزان ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و نیز شناسایی روابط هتروتیک بالقوه در میان ژنوتیپ‌های مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرد (۴۰). هنگامی درجه بالایی از هتروزیس (Heterosis) رخ می‌دهد که والدین از لحاظ ژنتیکی متنوع و یا غیر خویشاوند باشند و منجر به ترکیبی شوند که در تعداد زیادی از مکان‌های ژنومی هتروزیگوت است (۲۱). دو مزیت روش بای‌پلات در مقایسه با سایر روش‌های تجزیه و تحلیل طرح‌های دی‌آلل، ارائه نمودارهای گرافیکی و تفسیرپذیری بهتر داده‌ها است که توانایی درک الگوهای داده‌ها را به‌صورت قابل ملاحظه‌ای افزایش می‌دهد. روش‌های مرسوم تجزیه دی‌آلل به‌منظور توصیف عملکرد فنوتیپی تلاقی‌ها ارائه شده بودند، حال آنکه رویکرد بای‌پلات سعی به توضیح تنوع فنوتیپی تلاقی‌ها از طریق درک روابط والدین می‌کند (۴۰). بای‌پلات در تجزیه دی‌آلل درک بهتری از والدین را ارائه می‌دهد. برای یک مجموعه مجزا از داده‌ها می‌توان به‌راحتی اطلاعات مربوط به تأثیر ترکیب‌پذیری عمومی در هر یک از والدین، تأثیر ترکیب‌پذیری خصوصی در هر یک از والدین، شناسایی بهترین تلاقی‌ها، تعیین بهترین تسترها، شناسایی گروه‌های هتروتیک و ترکیبات ژنی والدین با توجه به ویژگی مد نظر را به دست آورد (۴۱).

مطالعات مختلفی در خصوص بررسی خصوصیات ژنتیکی و تولید ارقام با پتانسیل ژنتیکی مطلوب با اهداف مختلف در گندم و سایر گیاهان زراعی با استفاده از تلاقی دی‌آلل صورت پذیرفته است. صادقی (۳۳) در پژوهشی با استفاده از تلاقی دی‌آلل بیان کرد که اثرات افزایشی و غیر افزایشی در کنترل صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه نقش دارند، اما در مقابل سهم اثرات افزایشی برای وزن هزار دانه بیشتر است. زارع کوهان و حیدری (۴۲) صفات عملکرد و اجزای عملکرد را با استفاده از روش دی‌آلل مورد مطالعه قرار داد و گزارش نمودند که اثرات افزایشی و غیر افزایشی جهت مطالعه صفات کافی نمی‌باشد و اثرات برهمکنش میان آلل‌ها نیز در کنترل صفات نقش دارند. رشید و همکاران (۲۹) نیز از روش دی‌آلل به‌منظور بررسی ژنتیکی عملکرد و اجزا آن در پنج رقم گندم استفاده نمودند و اظهار کردند که میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای همه صفات تفاوت قابل‌توجهی وجود دارد. همچنین گزارش کردند که بر اساس نمودار گرافیکی صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته تحت کنترل اثرات افزایشی و غالبیت نسبی است و صفت وزن هزار دانه توسط اثرات فوق غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌گردد. توپال و همکاران (۳۹) با استفاده از روش تلاقی دی‌آلل کامل ۴×۴ گندم دوروم نشان دادند که وزن هزار دانه و سختی بذر تحت اثر غالبیت ژن است. در مطالعه‌ای که با هدف بررسی ژنتیکی صفات کمی و کیفی در ۱۰ والد گندم هگزاپلوئید به روش تلاقی دی‌آلل توسط جوشی و همکاران (۲۰) انجام گردید، مشخص شد، اجزای واریانس، قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای تمامی صفات تفاوت قابل ملاحظه‌ای دارند. در بیشتر صفات عمل ژن به‌صورت افزایشی بود. طی این مطالعه رقم Raj 3077 دارای بهترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌های HO 2285×H 2329، Raj 19922×HD 2428 و CPAN 157 WH ×3004 دارای بهترین ترکیب‌پذیری خصوصی بودند. برنارد و همکاران (۳) مطالعه‌ای در خصوص بررسی ژنتیکی صفات کیفی گندم نان به روش تلاقی دی‌آلل در آفریقای جنوبی انجام دادند و گزارش نمودند توارث‌پذیری صفات کیفی گندم پیچیده بوده و تحت کنترل صفات پلی ژنی می‌باشد. آن‌ها نتیجه گرفتند که توارث‌پذیری خصوصی بالایی برای وزن هزار دانه و هکتولیتر وجود دارد. امیری و همکاران (۱)گزارش کردند که اثرات افزایشی، غالبیت و انواعی از اپیستازی در وراثت اکثر صفات نقش داشته و در بسیاری از موارد نقش اثر غالبیت بیشتر است.

محققین متعددی از روش GGE بای‌پلات برای تجزیه و تحلیل داده‌های دی‌آلل در گندم استفاده کرده و به نتایج سودمندی دست یافته‌اند. فرشادفر و هاشمی نسب (۱۰) و فرشادفر و همکاران (۱۱) ساختار ژنتیکی و توانایی ترکیب‌پذیری شاخص‌های فیزیولوژیکی تحمل به خشکی را با استفاده از روش بای‌پلات در گندم نان مورد مطالعه قرار دادند. دهقانی و همکاران (۶) روش بای‌پلات را برای تجزیه داده‌های دی‌آلل مربوط به واکنش تیپ آلودگی ژنوتیپ‌های گندم در برابر بیماری زنگ زرد به کار گرفتند. مصطفوی و ضابط (۲۵) با استفاده از روش بای‌پلات به بررسی خصوصیات ژنتیکی در عملکرد و برخی صفات زراعی پرداختند. گزارش‌های مختلفی از به‌کارگیری روش بای‌پلات برای تجزیه و تحلیل داده‌های دی‌آلل در گندم دوروم (۳۴)، جو (۳۵)، برنج (۳۶–۳۸)، یونجه (۱۲)، ذرت (۲۴) و آفتابگردان (۵) ارائه شده است.

با توجه به نتایج مطالعات صورت پذیرفته در دو بند قبل، می‌توان به اهمیت روش تلاقی دی‌آلل در ارزیابی خصوصیات ژنتیکی و تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد کمی و کیفی مطلوب پی برد. پژوهش حاضر با اهداف متعددی به مرحله اجرا درآمد؛ اما مهم‌ترین هدف از انجام این آزمایش تعیین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، هتروزیس و تعیین تسترهای مناسب برای ارزیابی ارقام بر اساس عملکرد دانه و برخی از صفات اگرو– مورفولوژیکی به مرحله اجرا درآمد.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی مورد بررسی در پژوهش حاضر شامل هفت رقم گندم نان به نام‌های هامون، الموت، C-84-12، گاسپارد، قدس، مغان ۱ و افشار بود که از بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج دریافت شد. این ارقام در پاییز سال ۱۳۹۶ کشت و در بهار سال ۱۳۹۷ به‌صورت تلاقی دی‌آلل یک‌طرفه با یکدیگر تلاقی داده شدند. والدین و F1های حاصل در سال زراعی ۱۳۹۸–۱۳۹۷ در مزرعه پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج کشت و ارزیابی شدند. ارتفاع این منطقه از سطح دریا ۱۳۲۱ متر می‌باشد. از نظر مختصات جغرافیایی در ۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه طول شرقی و ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه عرض شمالی واقع شده

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

است. کرج دارای آب‌وهوای استوایی سرد با میانگین درجه حرارت سالیانه ۱۲/۴ درجه سانتی‌گراد و مجموع بارندگی سالیانه ۲۶۵/۷ میلی‌متر می‌باشد.

هفت رقم گندم مذکور و ۲۱ هیبرید حاصل از تلاقی‌های دی‌آلل یک‌طرفه آن‌ها (مجموعاً ۲۸ تیمار) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد کشت قرار گرفتند. عملیات زراعی به‌طور یکنواخت انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در چهار خط به طول دو متر کشت شدند. فاصله بین خطوط ۵۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. کلیه اقدامات زراعی در مرحله داشت از جمله مبارزه با علف‌های هرز، به‌صورت دستی صورت پذیرفت. در پایان فصل دو خط وسط با رعایت ۲۵ سانتی‌متر از ابتدا و انتهای کرت‌ها به‌عنوان حاشیه برداشت شدند. صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، قطر ساقه، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک و طول پدانکل یادداشت‌برداری گردیدند.

اطلاعات یادداشت‌برداری شده بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی، تحت بررسی و تجزیه و تحلیل قرار گرفت. ابتدا بر روی داده‌های به‌دست‌آمده از آزمایش با استفاده از نرم‌افزار SAS تجزیه واریانس انجام شد. با توجه به تأیید وجود تنوع میان ژنوتیپ‌ها، تجزیه دی‌آلل بر اساس روش دوم در مدل ثابت گریفینگ (۱۴-۱۵) به‌وسیله نرم‌افزار SAS و D2 با رعایت برنامه ارائه‌شده توسط ژانگ و همکاران (۴۳) انجام شد. با استفاده از این روش مجموع مربعات تلاقی‌ها به دو جز مربوط به قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی تفکیک شده و اثرات ترکیب‌پذیری عمومی برای هر والد و ترکیب‌پذیری خصوصی برای تلاقی‌ها محاسبه گردید (۱۴). بررسی برهمکنش لاین‌ها و تسترها نیز با استفاده از روش تجزیه‌وتحلیل گرافیکی بای‌پلات طبق مدل یان و هانت (۴۰) انجام پذیرفت. جهت ترسیم نمودار بای‌پلات داده‌های دی‌آلل از نرم‌افزار GGE- biplot (۴۱) بر اساس الگوهای ۱- نمایش موقعیت لاین‌ها، تسترها و میانگین تسترها، ۲- نمایش چندوجهی موقعیت لاین‌ها و تسترها، ۳- ترسیم محور میانگین ارقام جهت تعیین روابط بین آن‌ها، ۴- ترسیم محور میانگین تسترها جهت تعیین روابط بین آن‌ها، ۵- رتبه‌بندی ارقام بر اساس بهترین رقم و ۶- رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر استفاده گردید. نسبت بیکر به‌منظور بررسی اهمیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در تعیین عملکرد نتاج بر اساس رابطه ۱ در محیط Excel محاسبه گردید (۹).

(رابطه ۱)

$$\text{Baker ratio} = \frac{(2 \times MSGCA)}{(2 \times MSGCA) + MSSCA}$$

در این رابطه MSGCA و MSSCA به ترتیب میانگین مربعات مربوط به ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی می‌باشد.

نتایج و بحث

نتایج به‌دست‌آمده از تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه بر اساس روش دوم گریفینگ در جدول ۱ قابل مشاهده است. اثر ژنوتیپ برای صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک و قطر ساقه در سطح احتمال یک درصد و ارتفاع بوته در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار شد. با توجه به معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ برای همه صفات تحت مطالعه، امکان تجزیه ژنتیکی و برآورد خصوصیات ژنتیکی بر اساس تلاقی دی‌آلل میسر شد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به‌جز وزن هزار دانه و قطر ساقه و میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی برای همه صفات به‌جز ارتفاع بوته در سطوح احتمال یک و پنج درصد معنی‌دار بودند. در صفات معنی‌دار شده اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها به‌صورت توأم دخالت دارند. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی در تحقیقات حیدری و همکاران (۱۸)، گل‌پرور و همکاران (۱۳) و صارمی‌راد و مصطفوی (۳۵) نیز معنی‌دار گزارش شده است.

متوسط هتروزیس برای صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول ریشک و قطر ساقه مثبت و برای صفت طول سنبله منفی بود. مثبت بودن متوسط هتروزیس برای صفات نامبرده مبین آن است که نتاج به‌طرف والدی که از نظر آن صفت مقدار بیشتری دارد، گرایش داشته‌اند و منفی بودن آن بیانگر این موضوع است که نتاج به‌طرف والد واجد مقدار کمتر صفت، گرایش داشته‌اند (۳۲). ایکرام و تاناک (۱۹) در مطالعه برخی صفات زراعی گندم دوروم نشان دادند که برای صفت عملکرد دانه نقش اثرات غیر افزایشی و اپیستازی ژن‌ها مهم‌تر از نقش اثرات افزایشی در کنترل این صفت می‌باشد. مصطفوی و ضابط (۲۵) و موسوی و همکاران (۲۶) تا حدودی در آزمایش‌های خود به نتایج مشابهی دست یافتند.

نسبت بیکر اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها را به شکل آشکارتری به نمایش می‌گذارد. اگر این نسبت برای صفتی برابر یک محاسبه شود، به مفهوم آن است که آن صفت به‌صورت کامل توسط اثرات افزایشی ژن‌ها کنترل می‌گردد. در صورتی که این نسبت برابر ۰/۵ برآورد شود، حاکی از برابری اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل صفت می‌باشد. چنانچه این نسبت به پایین‌تر از ۰/۵ کاهش یابد، نشان‌دهنده نقش مؤثرتر و مهم‌تر اثرات غیر افزایشی (غالبیت، فوق غالبیت و اپیستازی) در کنترل صفت است (۲). بر اساس این نسبت، اثر افزایشی ژن‌ها نقش بیشتری در کنترل صفات عملکرد دانه و طول ریشک دارند، زیرا مقادیر بالایی از این نسبت (به ترتیب ۰/۹۱ و ۰/۷۹) را به خود اختصاص داده‌اند (جدول ۱). وزن هزار دانه از پایین‌ترین (۰/۳۷) مقدار نسبت بیکر برخوردار بود که نشان‌دهنده دخالت بالای اثر غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفت است. سایر صفات اعم از ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله و قطر ساقه دارای مقادیر متوسطی از نسبت بیکر بودند (جدول ۱) که بیانگر اهمیت اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات می‌باشد. صارمی‌راد و مصطفوی (۳۵) به‌منظور تعیین میزان دخالت هر یک از اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل صفات مختلف از نسبت بیکر استفاده نمودند و بیان

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

کردند که اثرات افزایشی در کنترل قطر ساقه و طول دانه سهم بیشتری دارند.

مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی والدین برای صفات مورد بررسی در ارقام آزمایشی در جدول ۲ ارائه شده است. ترکیب‌پذیری عمومی رقم گاسپارد برای صفت عملکرد دانه در جهت مثبت معنی‌دار بود. استفاده از رقم مذکور به‌عنوان بهترین ترکیب‌شونده عمومی سهم واریانس افزایشی و بازده انتخاب را افزایش خواهد داد. همچنین می‌توان از این رقم جهت افزایش ژن‌هایی با اثر افزایشی و بهره‌برداری از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش، استفاده نمود. برای صفات وزن هزار دانه و طول پدانکل هیچ‌کدام از والدین ترکیب‌پذیری عمومی معنی‌داری نشان ندادند. در خصوص ارتفاع بوته رقم الموت دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار و رقم گاسپارد دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی و معنی‌داری بود. در رابطه با طول سنبله رقم افشار دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌داری بود. برای طول ریشک لاین C-84-12 دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار و رقم گاسپارد دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی و معنی‌داری بود. در خصوص قطر ساقه رقم هامون از ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌داری برخوردار بود (جدول ۲). حیدری و همکاران (۱۸) گزارش کردند که ارقام الوند و روشن برای عملکرد دانه در بوته، الوند برای تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی و الوند و الموت برای وزن هزار دانه از بهترین ترکیب‌پذیرهای عمومی بودند، لذا استفاده از آن‌ها جهت بهبود ژنتیکی صفات مذکور مفید خواهد بود.

مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها برای صفات مورد بررسی در جدول ۳ ارائه شده است. در رابطه با عملکرد دانه ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدهای هامون × C-84-12، الموت × مغان ۱، الموت × افشار، C-84-12 × مغان ۱ و گاسپارد × قدس مثبت و معنی‌دار و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدهای هامون × افشار و گاسپارد × C-84-12 منفی و معنی‌دار بود؛ بنابراین استفاده از این ارقام که از ترکیب‌پذیری مثبت و معنی‌دار بالایی برخوردار هستند، می‌تواند در افزایش ژن‌هایی با اثر غیر افزایشی جهت تولید هیبرید مفید واقع شود. در خصوص وزن هزار دانه هیبریدهای هامون × قدس، C-84-12 × مغان ۱، گاسپارد × قدس و مغان ۱ × افشار دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار و هیبریدهای الموت × C-84-12 و گاسپارد × افشار دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی و معنی‌دار بودند. در خصوص ارتفاع بوته و طول پدانکل هیچ‌یک از هیبریدها ترکیب‌پذیری خصوصی معنی‌داری نشان ندادند. در خصوص طول سنبله هیبریدهای الموت × قدس و گاسپارد × افشار دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار و هیبریدهای الموت × افشار و گاسپارد × قدس دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی و معنی‌دار بودند. برای قطر ساقه هیبریدهای هامون × الموت و هامون × C-84-12 دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار و هیبریدهای هامون × قدس و الموت × C-84-12 از ترکیب‌پذیری خصوصی منفی و معنی‌دار برخوردار بودند (جدول ۳). در آزمایش‌هایی که بر روی گندم انجام شد، بیان گردید که میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و طول پدانکل اختلاف معنی‌داری ندارند (۲۶،۱۶).

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی بر پایه روش دوم گریفینگ و برآورد پارامترهای مختلف برای هفت رقم جو
Table 1. Analysis of variance for studied traits based on the second method of Griffing and estimation of different parameters for seven wheat cultivars

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات						
		عملکرد دانه	وزن هزار دانه	ارتفاع بوته	طول پدانکل	طول سنبله	طول ریشک	قطر ساقه
بلوک	۲	۳۵۰۱۹۷۶/۲۳**	۱۷/۶۷^{ns}	۲۵۸/۳۰**	۵۶۰/۴۰**	۳/۸۶**	۱۲/۷۳**	۰/۰۲^{ns}
ژنوتیپ	۲۷	۱۵۱۵۴۸۳/۸۳**	۳۹/۸۵**	۳۳/۷۵*	۱۷/۰۲**	۱/۱۴**	۳/۲۸**	۰/۱۸**
ترکیب‌پذیری عمومی	۶	۹۴۹۴۴۷۰/۸۶*	۱۴/۰۹ ^{ns}	۴۷/۲۲*	۲۱/۹۰**	۱/۷۸**	۵/۲۴**	۰/۱۲^{ns}
ترکیب‌پذیری خصوصی	۲۱	۱۶۷۷۲۰۱/۸۳**	۴۷/۲۲**	۲۹/۹۰^{ns}	۱۵/۶۲**	۲/۳۸**	۲/۷۲**	۰/۲۱**
خطا	۵۴	۳۶۶۰۸۳/۱۳	۱۳/۶۳	۱۸/۱۴	۶/۱۹	۰/۴۰	۰/۴۲	۰/۰۵
ضریب تغییرات (درصد)		۱۴/۵۹	۱۱/۰۳	۶/۰۰	۱۰/۳۷	۶/۵۹	۱۱/۲۴	۷/۸۸
میانگین هتروزیس		۱۷۸/۰۰	۰/۲۸	۱/۷۵	۱/۶۳	-۰/۰۹	۰/۷۰	۰/۰۶
ضریب بیکر		۰/۹۱	۰/۳۷	۰/۷۶	۰/۷۴	۰/۶۰	۰/۷۹	۰/۵۳

*، ** و ns: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیر معنی‌دار.

جدول ۲- قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه و برخی ویژگی‌های اگرو-مورفولوژیک در هفت رقم گندم نان بر اساس تلاقی دی‌آلل
Table 2. General combining ability for grain yield and some of agro-morphological traits in seven bread wheat base diallel cross

ارقام	عملکرد دانه	وزن هزار دانه	ارتفاع بوته	طول پدانکل	طول سنبله	طول ریشک	قطر ساقه
افشار	-۲۰۲/۵۶^{ns}	۰/۶۹^{ns}	۰/۸۱^{ns}	-۰/۹۲^{ns}	۰/۳۱*	۰/۰۱^{ns}	-۰/۰۱^{ns}
الموت	۲۳۳/۷۷^{ns}	-۰/۶۹^{ns}	۲/۲۶*	۱/۰۶^{ns}	۰/۱۵^{ns}	۰/۲۷^{ns}	۰/۰۱^{ns}
C-84-12	۱۳۵/۶۹^{ns}	۰/۶۱^{ns}	-۰/۵۳^{ns}	۰/۳۵^{ns}	-۰/۰۴^{ns}	۰/۳۵*	۰/۰۰۱^{ns}
گاسپارد	۲۴۸/۴۸*	-۰/۳۳^{ns}	-۱/۹۶*	-۱/۰۱^{ns}	-۰/۴۲**	-۰/۸۹**	-۰/۰۶^{ns}
قدس	۱۱۹/۶۲^{ns}	۰/۴۹^{ns}	-۰/۶۴^{ns}	۰/۷۶^{ns}	۰/۰۵^{ns}	۰/۲۹^{ns}	۰/۰۱^{ns}
هامون	۲۷/۷۳^{ns}	-۱/۱۴^{ns}	-۰/۱۹^{ns}	-۰/۸۷^{ns}	-۰/۲۴^{ns}	۰/۱۶^{ns}	۰/۱۲**
مغان ۱	-۲۹/۷۸^{ns}	۰/۳۶^{ns}	۰/۲۶^{ns}	۰/۶۲^{ns}	۰/۱۸^{ns}	-۰/۲۰^{ns}	-۰/۰۷^{ns}

*، ** و ns: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیر معنی‌دار.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

جدول ۳- قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی برای عملکرد دانه و برخی ویژگی‌های اگرو- مورفولوژیک در هفت رقم گندم نان بر اساس تلاقی دی‌آلل

Table 3. Specific combining ability for grain yield and some of agro-morphological traits in seven bread wheat base diallel cross

هیبرید	عملکرد دانه	وزن هزار دانه	ارتفاع بوته	طول پدانکل	طول سنبله	طول ریشک	قطر ساقه
هامون × الموت	۳۹۲/۶۱^{ns}	-۲/۴۲^{ns}	۰/۸۱^{ns}	-۰/۲۷^{ns}	-۰/۴۶^{ns}	-۰/۰۷^{ns}	۰/۵۳**
هامون × C-84-12	۱۱۴۲/۰۱**	-۰/۳۹^{ns}	-۰/۴۷^{ns}	-۱/۷۹^{ns}	۰/۰۱^{ns}	-۰/۳۹^{ns}	۰/۶۱**
هامون × گاسپارد	۱۴۴/۲۰^{ns}	-۲/۳۲^{ns}	-۳/۲۲^{ns}	-۱/۶۵^{ns}	۰/۲۱^{ns}	۰/۴۹^{ns}	۰/۰۵^{ns}
هامون × قدس	-۴۹۳/۲۴^{ns}	۴/۰۷*	-۲/۶۰^{ns}	۰/۷۳^{ns}	۰/۵۶^{ns}	-۰/۳۶^{ns}	-۰/۳۶**
هامون × مغان ۱	-۵۷۷/۱۶^{ns}	۰/۸۱^{ns}	۴/۸۸^{ns}	۴/۵۲^{ns}	-۰/۳۳^{ns}	۰/۰۱^{ns}	-۰/۲۰^{ns}
هامون × افشار	-۱۱۲۱/۰۵**	-۰/۵۸^{ns}	۱/۷۹^{ns}	-۲/۱۸^{ns}	۰/۴۱^{ns}	-۰/۲۰^{ns}	-۰/۲۱^{ns}
الموت × C-84-12	-۲۴۸/۶۸^{ns}	-۸/۲۷**	۳/۶۸^{ns}	۲/۶۷^{ns}	۰/۳۱^{ns}	-۰/۱۹^{ns}	-۰/۴۷**
الموت × گاسپارد	-۳۹۵/۱۶^{ns}	۱/۸۶^{ns}	-۰/۳۵^{ns}	۲/۲۱^{ns}	۰/۱۵^{ns}	۰/۸۲^{ns}	-۰/۱۲^{ns}
الموت × قدس	-۳۹۹/۲۷^{ns}	-۰/۹۶^{ns}	۴/۷۹^{ns}	۱/۰۹^{ns}	۱/۰۷**	۰/۱۳^{ns}	۰/۲۱^{ns}
الموت × مغان ۱	۱۰۴۴/۷۹**	۰/۹۱^{ns}	۱/۳۱^{ns}	۱/۴۶^{ns}	۰/۲۴^{ns}	-۰/۱۹^{ns}	۰/۰۲^{ns}
الموت × افشار	۹۴۷/۲۴*	-۲/۲۰^{ns}	-۵/۰۷^{ns}	-۱/۹۷^{ns}	-۰/۷۵*	-۰/۴۷^{ns}	-۰/۱۱^{ns}
C-84-12 ×گاسپارد	-۱۱۹۷/۰۹**	۳/۶۳^{ns}	۴/۸۵^{ns}	۱/۴۲^{ns}	۰/۱۲^{ns}	۰/۸۴^{ns}	۰/۰۱^{ns}
C-84-12 × قدس	۲۷۸/۴۶^{ns}	۲/۴۳^{ns}	۱/۲۶^{ns}	۱/۰۱^{ns}	-۰/۲۹^{ns}	-۰/۳۸^{ns}	۰/۲۱^{ns}
C-84-12 × مغان ۱	۱۳۳۹/۲۰**	۴/۷۶*	-۴/۳۱^{ns}	-۰/۵۱^{ns}	-۰/۴۲^{ns}	-۰/۱۸^{ns}	۰/۰۰۱^{ns}
C-84-12 × افشار	۶۱۸/۰۱^{ns}	-۲/۳۳^{ns}	-۱/۴۶^{ns}	-۰/۷۱^{ns}	-۰/۴۷^{ns}	۰/۹۶*	-۰/۲۰^{ns}
گاسپارد × قدس	۸۱۱/۶۴*	۴/۷۷*	-۰/۳۷^{ns}	۰/۶۵^{ns}	-۱/۱۸**	۱/۹۷**	۰/۰۶^{ns}
گاسپارد × مغان ۱	-۹۸/۲۷^{ns}	۰/۱۴^{ns}	۱/۸۵^{ns}	۲/۴۴^{ns}	۰/۱۸^{ns}	۱/۳۳**	-۰/۰۴^{ns}
گاسپارد × افشار	-۶۳/۵۰^{ns}	-۵/۲۲**	-۰/۶۴^{ns}	۱/۱۵^{ns}	۰/۹۲*	۰/۵۳^{ns}	۰/۰۷^{ns}
قدس × مغان ۱	-۳۲۶/۳۸^{ns}	۰/۷۷^{ns}	۲/۰۰^{ns}	۰/۵۶^{ns}	۰/۲۰^{ns}	-۰/۱۵^{ns}	۰/۲۲^{ns}
قدس × افشار	۱۰۳/۷۲^{ns}	-۲/۰۲^{ns}	۲/۵۷^{ns}	۰/۲۲^{ns}	-۰/۶۸^{ns}	-۰/۲۹^{ns}	-۰/۰۴^{ns}
مغان ۱ ×افشار	۲۸۶/۴۶^{ns}	۴/۱۱*	-۲/۰۶^{ns}	-۲/۴۷^{ns}	-۰/۲۸^{ns}	-۰/۴۹^{ns}	۰/۰۴^{ns}

*، ** و ns: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیر معنی‌دار

نمودار بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عملکرد دانه برای ارقام مورد بررسی در شکل ۱ ارائه شده است. در این نمودارها حروف بزرگ موقعیت هر رقم یا لاین و حروف کوچک موقعیت تسترها را نشان می‌دهد. ذکر این نکته ضروری است که در این روش هر ژنوتیپ یا والد هم به‌عنوان لاین و هم به‌عنوان تستر در نظر گرفته می‌شود (۴۰). موقعیت میانگین تسترها با دایره نشان داده شده است. مؤلفه اول و دوم نمودار GGE بای‌پلات مجموعاً ۶۵/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد، به‌طوری که سهم مؤلفه اول معادل ۴۲/۵ درصد و سهم مؤلفه دوم معادل ۲۲/۸ درصد بود (شکل A۱، B، C، D، E، F). صادق‌زاده اهری و همکاران (۳۴) نشان دادند که دو مؤلفه اول برای عملکرد دانه بیش از ۶۳ درصد، وزن هزار دانه بیش از ۷۰ درصد، طول کلئوپتیل بیش از ۶۴ درصد، تعداد بذر جوانه‌زده بیش از ۷۸ درصد، قدرت رشد بیش از ۷۱ درصد، طول ریشه‌چه بیش از ۷۳ درصد و تعداد دانه در سنبله نیز بیش از ۷۳ درصد از تغییرات کل را تبیین می‌کنند.

در شکل A۱ ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین تسترها نشان داده شده است. برای این کار از مبدأ مختصات خطی به میانگین تسترها اتصال و به دو طرف ادامه می‌یابد تا دیواره‌ها نمودار را قطع کند، این خط، بردار میانگین تسترها نامیده می‌شود. ژنوتیپ‌هایی که در انتهای مثبت آن قرار دارند دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی و ژنوتیپ‌هایی که در انتهای منفی آن قرار دارند، کم‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی را دارا می‌باشند (۴۰)؛ بنابراین ترتیب ژنوتیپ‌ها از بیش‌ترین به کمترین ترکیب‌پذیری عمومی به‌صورت C-84-12، الموت، هامون، مغان ۱، افشار، گاسپارد و قدس می‌باشد. فاصله هر لاین از بردار میانگین تسترها، ترکیب‌پذیری خصوصی آن را تخمین می‌زند این شاخص تمایل هر لاین به تولید هیبرید بهتر با لاین‌های دیگر را مشخص می‌کند. به این ترتیب ارقام مغان ۱، گاسپارد، هامون، C-84-12 و الموت دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه لاین‌ها می‌باشند. در این اشکال محور میانگین تسترها معیاری جهت تقسیم‌بندی لاین‌ها به گروه‌های هتروتیک می‌باشد. لاین‌های هر طرف این خط داخل یک گروه قرار می‌گیرند. به این ترتیب دو گروه هتروتیک خواهیم داشت. گروه اول شامل ارقام هامون، مغان ۱ و افشار و گروه دوم شامل ارقام الموت، C-84-12، گاسپارد و قدس گردید. یان و هانت (۴۰) داده‌های مربوط به تلاقی دی‌آلل هفت ژنوتیپ گندم را از نظر مقاومت به فوزاریوم بررسی و با استفاده از روش گرافیکی بای‌پلات آن‌ها را به دو گروه هتروتیک تقسیم نمودند. این محققین همچنین ۱۰ لاین اینبرد ذرت را از نظر مقاومت به کرم ساقه خوار ذرت ارزیابی نمودند و ضمن تعیین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی لاین‌ها، بهترین ترکیب‌ها را جهت تولید ارقام هیبرید مشخص و دو گروه هتروتیک را پیشنهاد کردند.

نمایش چندوجهی نمودار دو بعدی (شکل B۱) روش بسیار مناسبی جهت بررسی الگوها و تفسیر برهمکنش بین ژنوتیپ‌ها و تسترها می‌باشد. این چندوجهی از طریق وصل کردن ژنوتیپ‌هایی که بیش‌ترین فاصله را از مبدأ مختصات دارند، حاصل می‌شود. به‌طوری که سایر لاین‌ها داخل این چندوجهی قرار می‌گیرند. از مبدأ بر هر ضلع چندوجهی خطی عمود می‌شود به‌نحوی‌که شکل را به چند بخش تقسیم می‌کند. به این ترتیب هر لاین و هر تستر ناگزیر در داخل یکی از این بخش‌ها قرار می‌گیرد. ویژگی جالب توجه این چندوجهی این است که هر تستر در همان بخشی قرار می‌گیرد که بهترین لاین‌های ترکیب‌شونده با آن قرار گرفته‌اند. در بین ژنوتیپ‌هایی که در یک بخش واقع می‌شوند،

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]

[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

بهترین ژنوتیپ ترکیب‌شونده با تسترهای آن بخش ژنوتیپی است که در رأس چندوجهی در همان بخش قرار گرفته است. لاین‌هایی که در گوشه‌های چندوجهی قرار گرفته‌اند بهترین ترکیب‌شونده‌ها با تسترهای بخش مربوطه و ضعیف‌ترین ترکیب‌شونده با تسترهای سایر بخش‌ها هستند. لاین‌هایی که نزدیک مبدأ قرار می‌گیرند، ترکیب‌پذیری ضعیفی با تمام تسترها دارند و عکس‌العمل قابل توجهی نسبت به‌عوض شدن تستر نشان نمی‌دهند (۴۰). لاین افشار با تسترهای الموت و C-84-12 در یک بخش قرار گرفته‌اند، این موضوع نشان‌دهنده‌ی ترکیب‌پذیری خوب آن‌ها می‌باشد. از دیگر تلاقی‌هایی که هتروزیس زیادی نشان می‌دهند مغان ۱×الموت، مغان ۱×C-84-12، هامون×الموت، گاسپارد×قدس و گاسپارد×افشار می‌باشند. لاین C-84-12 و تستر مغان ۱ در یک بخش قرار گرفته‌اند و بالعکس یعنی لاین مغان ۱ با تستر C-84-12 در یک بخش دیگر باهم هستند، این وضعیت نشان می‌دهد که بین ارقام C-84-12 و مغان ۱ ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد. همچنین توضیح فوق در مورد ارقام گاسپارد و قدس نیز صادق است. درویش‌زاده و همکاران (۵) در آفتابگردان، قطبی و همکاران (۱۲) در یونجه و صارمی‌راد و همکاران (۳۵) در جو با استفاده از نمودار چندوجهی به بررسی روابط بین لاین‌ها و تسترها پرداخته و بهترین ترکیبات را مشخص کردند.

جهت تعیین ارقام مناسب از نظر عملکرد بالا از شکل C۱ استفاده شد. محور هر رقم که در این شکل رسم شده است، معیاری برای این موضوع می‌باشد. زاویه بین محور هر رقم و محور میانگین ارقام هر چه کوچک‌تر باشد آن رقم از عملکرد بالاتری برخوردار است. بر این اساس ارقام الموت و C-84-12 در یک گروه، ارقام هامون و مغان ۱ در یک گروه و ارقام قدس و افشار در یک گروه قرار دارند.

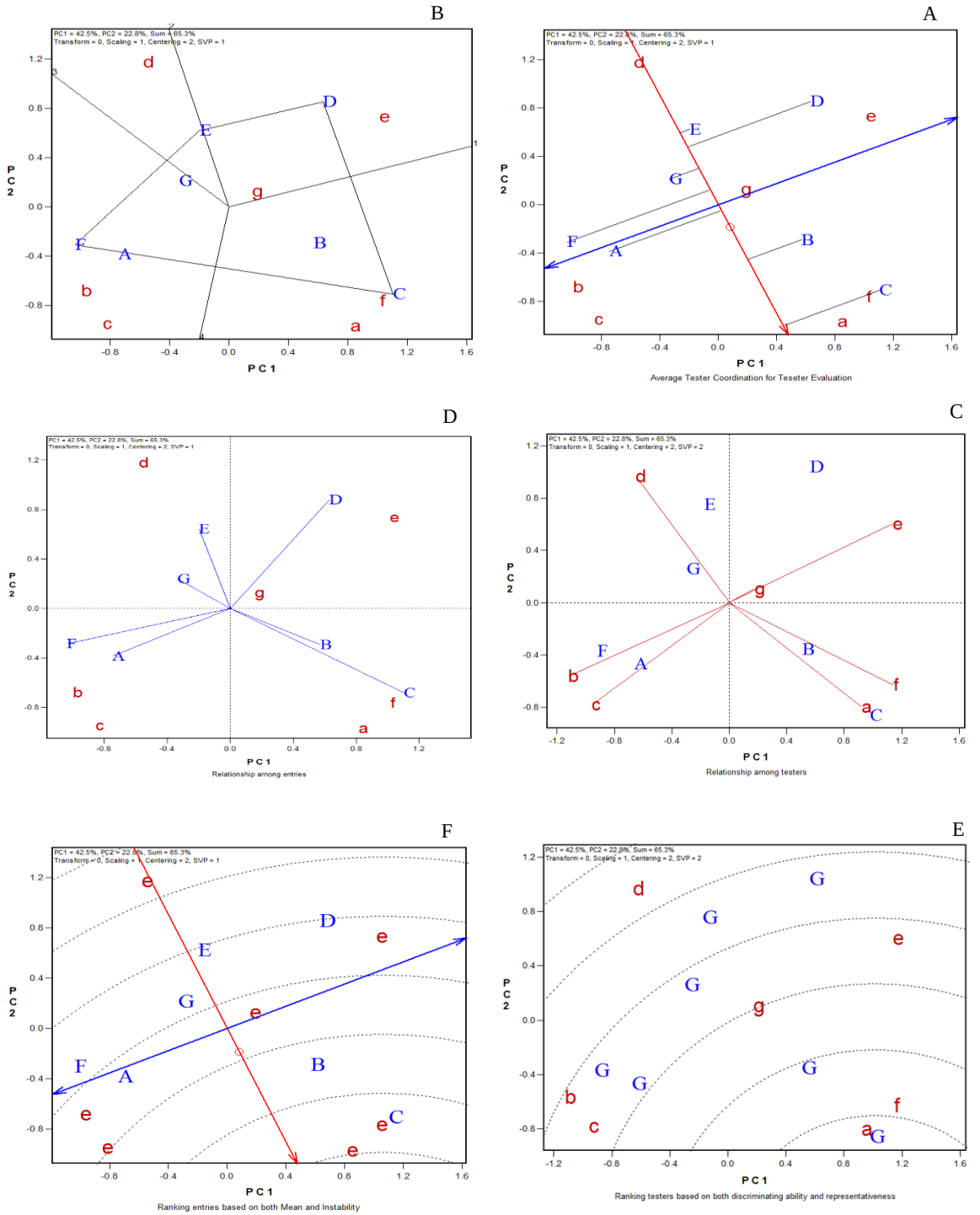
شکل D۱، جهت تعیین تسترهای مناسب از نظر عملکرد بالا و قدرت آن‌ها در تمایز لاین‌ها استفاده می‌شود. محور هر تستر که در این شکل رسم شده است معیاری برای این موضوع می‌باشد. زاویه بین محور هر تستر و محور میانگین تسترها هر چه کوچک‌تر باشد آن تستر از عملکرد بالاتری برخوردار است. بر این اساس تسترهای هامون با مغان ۱ و الموت با C-84-12 از شباهت بیشتری برخوردار می‌باشند. همچنین طول محور هر تستر قدرت تستر را در تمیز لاین‌ها نشان می‌دهد، این محور هر چقدر بلندتر باشد تستر مربوطه از قدرت تمیز بیشتری برخوردار است؛ بنابراین تسترهای هامون، الموت، C-84-12، گاسپارد، قدس و مغان ۱ نسبت به تستر افشار مشخص‌تر می‌باشند و قدرت تمیز بیشتری دارند.

از شکل E۱ جهت رتبه‌بندی ارقام بر اساس بهترین رقم استفاده می‌شود. بهترین رقم باید دارای عملکرد بالائی باشد و همچنین پایدار باشد. بر این اساس موقعیت بهترین رقم در این شکل با علامت پیکان مشخص شده است. به مرکزیت رقم ایدئال دوایر هم‌مرکزی رسم می‌شود، ارقامی که به مرکز نزدیک‌تر می‌باشند، ارقام مناسب‌تری هستند. بر پایه توضیحاتی که ارائه شد ترتیب ارقام از ایده‌آل‌ترین رقم به‌صورت C-84-12، الموت، هامون، مغان ۱، افشار، قدس و گاسپارد می‌باشد. نمودار بای‌پلات، جهت رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر در شکل F۱ نشان داده شده است. بهترین تستر باید دارای عملکرد بالائی باشد و همچنین پایدار نیز باشد. به‌عبارت‌دیگر دارای ترکیب‌پذیری عمومی بالایی باشد. بر این اساس موقعیت بهترین تستر در این شکل مرکز دوایر متحدالمرکز می‌باشد. به مرکزیت تستر ایده‌آل دوایر هم‌مرکزی رسم می‌شود، تسترهایی که به مرکز نزدیک‌تر هستند، تسترهای مناسب‌تری می‌باشند. بر این اساس، ترتیب تسترها به‌صورت هامون، مغان ۱، افشار، C-84-12، الموت، قدس و گاسپارد است.

نتیجه‌گیری کلی

بین ارقام از نظر صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک و قطر ساقه تنوع معنی‌داری مشاهده شد. ترکیب‌پذیری عمومی رقم گاسپارد برای صفت عملکرد دانه مثبت و معنی‌دار بود. در رابطه با عملکرد دانه ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدهای هامون × C-84-12، الموت × مغان ۱، الموت × افشار، C-84-12 × مغان ۱ و گاسپارد × قدس مثبت و معنی‌دار و ترکیب‌پذیری خصوص هیبریدهای هامون × افشار و گاسپارد × C-84-12 منفی و معنی‌دار بود. بر اساس نمودار GGE بای‌پلات که ۶۵/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه نمود در خصوص عملکرد دانه ترتیب لاین‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی به‌صورت C-84-12، الموت، هامون، مغان ۱، افشار، گاسپارد و قدس بود. بر اساس نتایج این نمودار ارقام مغان ۱، گاسپارد، هامون، C-84-12 و الموت دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه لاین‌ها بودند. این نمودار همچنین دو گروه هتروتیک مشخص نمود. گروه اول شامل ارقام هامون، مغان ۱ و افشار و گروه دوم شامل ارقام الموت، C-84-12، گاسپارد و قدس بودند. در مواد گیاهی مورد مطالعه اثر افزایشی و اثر تجمعی در توارث ژن‌ها به نسل بعد وجود دارد، لذا امکان این که از طریق گزینش در نسل‌های اولیه برای افزایش عملکرد مفید واقع شود، وجود دارد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]



شکل ۱– نمودار دو بعدی داده‌های دی‌آلل برای عملکرد دانه هفت رقم گندم: A: نمایش موقعیت لاین‌ها، تسترها و میانگین تسترها، B: نمایش چندوجهی و موقعیت لاین‌ها و تسترها، C: ترسیم محور میانگین ارقام جهت تعیین روابط بین آن‌ها، D: ترسیم محور میانگین تسترها جهت تعیین روابط بین آن‌ها، E: رتبه‌بندی ارقام بر اساس بهترین رقم و F: رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر. حروف بزرگ نشان‌دهنده لاین‌ها و حروف کوچک نشان‌دهنده تسترها می‌باشد. دایره موقعیت میانگین تسترها را نشان می‌دهد. کد و نام ارقام عبارت‌اند از A: هامون، B: الموت، C: C-84-12، D: گاسپارد، E: قدس، F: مغان ۱ و G: افشار

Figure 1. The GGE biplot based on the seven wheat cultivars grain yield. A: Average-tester coordination (ATC) view of the cultivars and testers, B: Polygon view of the biplot showing the cultivars and testers position, C: Draw the middle axis of the cultivars to determine the relationships between them, D: Draw the middle axis of the tester to determine the relationship between them, E: Ranking of cultivars based on ideal cultivar, F: Ranking of testers based on ideal tester. The uppercase letters represent the lines and lowercase letters representing the tester. The circle shows the average position of the testers. The code and name of the cultivars are A: Hamun, B: Alamut, C: C-84-12, D: Gaspard, E: Ghods, F: Moghan 1 and G: Afshar

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

منابع

1. Amiri, R., S. Bahraminejad and K. Cheghamirza. 2020. Estimation of genetic components and inheritance of bread wheat agronomic traits using regression method through generation mean analysis. Journal of Crop Breeding, 12(36): 101-116.
2. Baker, R. 1978. Issues in diallel analysis. Crop Science, 18(4): 533-536.
3. Barnard, A., M. Labuschagne and H. Van Niekerk. 2002. Heritability estimates of bread wheat quality traits in the Western Cape province of South Africa. Euphytica, 127(1): 115-122.
4. Braun, H.J., G. Atlin and T. Payne. 2010. Multi-location testing as a tool to identify plant response to global climate change. Climate change and crop production, 1: 115-138.
5. Darvishzadeh, R., I. Bernousi, S.P. Kiani, G. Dechamp-Guillaume and A. Sarrafi. 2009. Use of GGEbiplot methodology and Griffing's diallel method for genetic analysis of partial resistance to phoma black stem disease in sunflower. Acta Agriculturae Scandinavica Section B–Soil and Plant Science, 59(6): 485-490.
6. Dehghani, H., M. Moghaddam, M.R. Bihamta, N. Sabaghnia and R. Mohammadi. 2013. Biplot analysis of diallel data in strip rust of wheat. Australasian Plant Pathology, 42(5): 601-608.
7. Edgerton, M.D. 2009. Increasing crop productivity to meet global needs for feed, food, and fuel. Plant physiology, 149(1): 7-13.
8. FAO. 2021. Plant production and area harvested. http://faostat.fao.org/.
9. Farshadfar, E. 1998. Application of biometrical genetics in plant breeding. Razi University of Kermanshah Publications. Kermanshah, Iran.
10. Farshadfar, E. and H. Hasheminasab. 2012. Investigating the combining ability and genetic constitution of physiological indicators of drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using GGE biplot methods. International Journal of Plant Breeding, 6(2): 121-128.
11. Farshadfar, E., H. Hasheminasab and A. Yaghotipoor. 2012. Estimation of combining ability and gene action for improvement drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using GGE biplot techniques. Journal of Agricultural Science, 4(9): 1.
12. Ghotbi, V., F. Azizi, M.J. Zamani and A. Rozbehani. 2018. Biplot and Heterosis Analysis in Half-Diallel Crosses from Second Selfing Generation of Alfalfa. Journal of Crop Breeding, 10(27): 104-114.
13. Golparvar, A., S. Mottaghi and O. Lotfifar. 2012. Diallel Analysis of Grain Yield and its Components in Bread Wheat Genotypes under Drought Stress Conditions. Plant production technology, 3(1): 51-62.
14. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian journal of biological sciences, 9(4): 463-493.
15. Griffing, B. 1956. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, 10(1): 31-50.
16. Hasani, M., G. Saeidi and A. Rezaei. 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.
17. Hawkesford, M.J., J.L. Araus, R. Park, D. Calderini, D. Miralles, T. Shen, J. Zhang and M.A. Parry. 2013. Prospects of doubling global wheat yields. Food and Energy Security, 2(1): 34-48.
18. Heidari, B., A. Rezaie and S.M. Maibody. 2006. Diallel analysis for the estimation of the genetic parameters of grain yield and grain yield components in bread wheat. Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 10(2): 121-139.
19. Ikram, U. and L. Tanach. 1991. Diallel analysis of grain yield and other agronomic traits in durum wheat. Rachis, 10(1): 8-13.
20. Joshi, S., S. Sharma, D. Singhania and R. Sain. 2004. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). Hereditas, 141(2): 115-121.
21. Krishnamoorthy, G. 2005. A study of heterotic relationships in sorghum. PhD Thesis, Texas A&M University, College Station, TX, USA.
22. Melani, M. and M. Carena. 2005. Alternative maize heterotic patterns for the Northern Corn Belt. Crop Science, 45(6): 2186-2194.
23. Miranda, G.V., L.V. De Souza, J.C.C. Galvão, L.J.M. Guimarães, A.V. De Melo and I.C. Dos Santos. 2008. Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. Euphytica, 162(3): 431-440.
24. Mostafavi, K., R. Choukan, M. Taeb, H.E. Majidi and M.R. Bihamta. 2012. Heterotic grouping of Iranian maize inbred lines based on yield-specific combining ability in diallel crosses and GGE biplot. Journal of Research Agriculture Science, 8(2): 113-125.
25. Mostafavi, K. and M. Zabet. 2013. Genetic study of yield and some agronomic traits in bread wheat using biplot of diallel data. Seed and Plant Improvement Journal, 29(1): 503-518.
26. Mousavi, S.S., B. Yazdi- Samadi, A.A. Zali and M.R. Bihamta. 2008. Genetic analysis of quantitative traits in bread wheat under normal and moisture stress conditions. Seed and Plant improvement, 23(4): 587-601.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

27. Nations, U. 2019. World population prospects 2019: Highlights. (Department of Economic and Social Affairs, Population Division). Retrieved from https://www.un.org/development/desa/publications/world-population-prospects-2019-highlights.html.
28. Rajaram, S. 2010. Challenges in wheat research and development. The International Dimension of the American Society of Agronomy: Past and Future, 39-47.
29. Rashid, M.A.R., A.S. Khan and R. Iftikhar. 2012. Genetic studies for yield and yield related parameters in bread wheat. American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences, 12(12): 1579-1583.
30. Ray, D.K., N.D. Mueller and C. Paul. 2013. West, and Jonathan A. Foley. Yield trends are insufficient to double global crop production by, 20(50): 1-8.
31. Reynolds, M., J. Foulkes, R. Furbank, S. Griffiths, J. King, E. Murchie, M. Parry and G. Slafer. 2012. Achieving yield gains in wheat. Plant, cell & environment, 35(10): 1799-1823.
32. Rezaei, A., B. Yazdisamadi, A. Zali, A. Rezaei, A. Tallei and H. Zeinali. 2005. An estimate of heterosis and combining ability in corn using diallel crosses of inbred lines. Iranian Journal of Applied Animal Science, 36(2): 385-397.
33. Sadeghi, F. 2014. Estimation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallele method. Journal of Crop Breeding, 6: 101-113.
34. Sadeghzadeh-Ahari, D., P. Sharifi, R. Karimizadeh and M. Mohammadi. 2014. Biplot Analysis of diallel crosses for yield and some morphological traits in durum wheat. Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding, 3(2): 28-40.
35. Saremirad, A. and K. Mostafavi. 2018. Genetic analysis of important agronomic traits in some of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars under normal and drought stress conditions. Cereal Research, 8(3): 397-408.
36. Sharifi, P. 2012. Graphic analysis of salinity tolerance traits of rice (*Oryza sativa* L.) using biplot method. Cereal Research Communications, 40(3): 342-350.
37. Sharifi, P. 2013. Genotype plus genotype by environment interaction (GGE) biplot analysis of nutrient quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). Philippine Journal of Crop Science, 38(2): 9-20.
38. Sharifi, P. and M.R.S. Motlagh. 2011. Biplot analysis of diallel crosses for cold tolerance in rice at the germination stage. Crop and Pasture Science, 62(2): 169-176.
39. Topal, A., C. Aydın, N. Akgün and M. Babaoglu. 2004. Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. Field crops research, 87(1): 1-12.
40. Yan, W. and L. Hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Science, 42(1): 21-30.
41. Yan, W. and M.S. Kang. 2002. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
42. Zare-kohan, M. and B. Heidari. 2012. Estimation of genetic parameters for maturity and grain yield in diallel crosses of five wheat cultivars using two different models. Journal of Agricultural Science, 4(8): 74-85.
43. Zhang, Y., M.S. Kang and K.R. Lamkey. 2005. DIALLEL‐SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner–Eberhart analyses. Agronomy Journal, 97(4): 1097-1106.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]

Study of Genetic Structure of Grain Yield and Some Agro-Morphological Characteristics in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) using Diallel Analysis and GGE Biplot Method

Ali Saremirad[1], Samira Abbasi[2] and Khodadad Mostafavi[3]

1- Plant Breeding Ph.D. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Young Researchers and Elite Club, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran,
(Corresponding author: Asaremirad@gmail.com)
2- Graduated M.Sc. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Shahed University, Tehran, Iran
3- Associated Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran
Received: April 25, 2021 Accepted: July 26, 2021

Abstract

In order to investigate grain yield and some of the agro- morphological traits genetical characterization in bread wheat, seven cultivars of wheat including Hamun, Alamut, C-84-12, Gaspard, Ghods, Moghan 1 and Afshar were evaluated in a one-way diallel cross experiment. Parents and hybrids resulting from their one-way dial cross (21 hybrids) during the 2018-2019 crop year were studied in a randomized complete block design with three replications. Analysis of variance related to genotype effect was significant for grain yield, 1000-kenal weight, plant height, peduncle length, spike length, awn length and stem diameter. The general combining ability of Gaspard cultivar was positive and significant for grain yield. Regarding grain yield, the specific combining ability of Hamun × C-84-12, Alamut × Moghan 1, Alamut × Afshar, C-84-12 × Moghan 1 and Gaspard × Ghods were positive and significant and the specific combining ability of Hamun × Afshar and Gaspard × C-84-12 hybrids were negative and significant. GGE biplot showed two heterotic groups, the first group including Hamun, Moghan 1 and Afshar cultivars and the second group including Alamut, C-84-12, Gaspard and Ghods cultivars. Due to the additive effects in the studied plant materials and the cumulative effect on the inheritance of genes to the next generation, it is possible that through selection in the first generations to be useful to increase yield.

Keywords: Combining ability, Gene, Generation, GGE biplot, Inheritance, Wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-04-23]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1400.13.39.14.4]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.130]