تنش‌های محیطی در علوم زراعی
Environmental Stresses in Crop Sciences
جلد نهم، شماره چهارم، زمستان ۱۳۹۵
۳۶۳-۳۷۴
http://dx.doi.org/10.22077/escs.2017.464

بررسی نتایج حاصل از تلاقی دای‌آلل در گندم نان تحت شرایط تنش رطوبتی با استفاده از روش GGE-biplot

غزاله بیریای[۱]، خداداد مصطفوی[۲*]، منوچهر خدارحمی[۳]

۱. کارشناسی ارشد. گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران.
۲. دانشیار. گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران.
۳. استادیار. موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

تاریخ دریافت: ۹۳/۱۰/۰۷؛ تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۱۴

چکیده

به‌منظور بررسی نتایج حاصل از تلاقی دای‌آلل در گندم نان از روش بای‌پلات استفاده گردید. والدین شامل ارقام هامون، الموت، C-84-12، گاسپارد، قدس، مغان ۱ و افشار و هیبریدهای حاصل از تلاقی‌های یک‌طرفه‌ی آن‌ها (۲۱ هیبرید) در سال زراعی ۹۲-۱۳۹۱ با استفاده از طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار، تحت شرایط تنش رطوبتی مورد ارزیابی قرار گرفتند. در این تحقیق ۱۲ صفت زراعی شامل عملکرد دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن سنبله، قطر ساقه، طول ریشک، طول میانگره دوم، طول پدانکل، بیرون آمدگی پدانکل، طول بذر، قطر بذر و وزن هزار دانه ارزیابی شدند. تجزیه واریانس تفاوت معنی‌داری بین ارقام ازنظر اکثر صفات موردبررسی نشان داد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به‌جز ارتفاع بوته، طول میانگره دوم و قطر ساقه معنی‌دار بود. بر اساس نتایج حاصل از بای‌پلات داده‌های دای‌آلل برای صفت عملکرد دانه، لاین‌های الموت و افشار به ترتیب بیشترین و کمترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی را دارا بودند. ارقام C-84-12، قدس و گاسپارد دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه‌ی لاین‌ها بودند. ارقام موردبررسی به دو گروه هتروتیک تقسیم‌بندی شدند. گروه اول شامل ارقام گاسپارد، C-84-12 و هامون و گروه دوم شامل ارقام الموت، قدس، مغان ۱ و افشار بود. ترسترهای قدس، الموت، C-84-12 و گاسپارد از شباهت بیشتری نسبت به سایر تسترها برای صفت عملکرد دانه، برخوردار بودند. ارقام قدس، C-84-12 و الموت نسبت به سایر ارقام قدرت تمیز بیشتری را دارا بودند.

***واژه‌های کلیدی:* ترکیب‌پذیری خصوصی، ترکیب‌پذیری عمومی، تنش خشکی، روش گرافیکی، عملکرد دانه.**

مقدمه

برای اصلاح ارقام پر محصول گیاهان زراعی ازجمله گندم نیاز به اطلاعات جامع در مورد ساختار ژنتیکی والدین مورد تلاقی و همچنین ترکیب‌پذیری صفات مطلوب آن‌ها هست که این امر از طریق استفاده از روش‌های ژنتیک کمی ازجمله تلاقی‌های دای‌آلل میسر می‌شود. تلاقی‌های دای‌آلل معمولاً طبق روش‌های گریفینگ انجام می‌شود که سبب شکستن واریانس کل به ترکیب‌پذیری عمومی والدین و ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها می‌شود. از تلاقی‌های دای‌آلل جهت بررسی عمل ژن و تعیین گروه‌ها و الگوهای هتروتیک می‌توان استفاده نمود (Melani and Carena, 2005). در دهه‌ی اخیر استفاده از روش گرافیکی یا روش GGE biplot در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در برنامه‌های به‌نژادی متداول شده است. در این روش اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از هم تفکیک‌شده و گزینش ارقام پایدار بر اساس هر دو اثر مذکور صورت می‌گیرد. روش بای‌پلات به‌طورمعمول برای آزمایش‌های ناحیه‌ای طراحی شده است، اما امکان کاربرد آن بر اساس داده‌های دوطرفه ژنوتیپ- تستر نیز وجود دارد. این روش بر

* نگارنده پاسخگو: خداداد مصطفوی. پست الکترونیک: mostafavi@kiau.ac.ir.

پایه‌ی مقادیر مؤلفه‌ی اصلی اول و دوم مطرح شده است (Yan and Hunt, 2001). زمانی که GGE biplot برای داده‌های دای‌آلل استفاده شود هر ژنوتیپ هم به‌عنوان لاین و هم به‌عنوان 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 and Hunt, 2002). روش بای‌پلات ابزاری بسیار مفید جهت ارزیابی چشمی و تفسیر پاسخ الگوی ارقام، محیط‌ها و اثر متقابل آن‌ها است. بای‌پلات نمایش گرافیکی و ارائه رفتار همزمان دو متغیر می‌باشد که برای اولین بار روش GGE بای‌پلات توسط گابریل (Gabriel, 1971) پیشنهاد و روش گرافیکی مناسبی جهت تجزیه داده‌های با حجم زیاد توسط سایر محققین معرفی شده است (Crossa et al., 2002; Gauch, 2006).

بهره‌گیری از تجزیه دای‌آلل در اصلاح گندم عمدتاً در ارزیابی قابلیت ترکیب‌پذیری صفات کمی انجام گردیده و نتایج سودمندی حاصل شده است. جوشی و همکاران (Joshi et al., 2007) در بررسی نحوه‌ی عمل ژن‌ها و ترکیب‌پذیری ارقام و لاین‌های گندم نان به این نتیجه رسیدند که صفات فیزیولوژیک مرتبط با عملکرد در گندم تحت تأثیر اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها بوده که در این میان اثرات غیرافزایشی سهم بیشتری را به خود اختصاص می‌دهند.

ریاض و چادهاری (Riaz and Chowdhry, 2003) در بررسی برخی صفات کمی گندم با استفاده از تجزیه دای‌آلل نان تحت شرایط تنش رطوبتی، پی بردند که عملکرد و اجزای آن تحت کنترل هم اثرات افزایشی و هم اثرات غالبیت ژن‌ها قرار دارند. صفت تعداد دانه در سنبله توسط اثرات افزایشی ژن‌ها کنترل شده و از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود. این صفت می‌تواند به‌عنوان معیار انتخاب غیرمستقیم جهت بهبود ژنتیکی عملکرد دانه به کار رود.

روش GGE بای‌پلات از طریق نمایش گرافیکی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به به‌نژادگر کمک می‌کند تا به‌سادگی پایداری ژنوتیپ‌ها و ترکیب پایداری با عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف را ارزیابی کرده و همچنین استفاده از این روش امکان بررسی روابط میان محیط‌ها و شناسایی محیط‌های هدف در برنامه‌های به‌نژادی را به‌سادگی میسر می‌سازد. گروه‌بندی محیط‌ها برای محصولات زراعی مختلف ازجمله، گندم دوروم و جو توسط محققان گزارش شده است (Mohammadi et al., 2010; Letta et al., 2008). مصطفوی و همکاران (Mostafavi et al., 2009) در مطالعه‌ای با بررسی نتایج تلاقی‌های دای‌آلل گندم با روش بای‌پلات ضمن تعیین گروه‌های هتروتیک مطابقت خوبی بین نتایج روش گریفینگ و نتایج گرافیکی روش بای‌پلات گزارش کردند. ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ارقام، هتروزیس صفات، نحوه عمل ژن‌ها و سایر پارامترهای ژنتیکی با تغییر شرایط محیطی تغییر کرده و به همین دلیل ارائه‌ی استراتژی‌های مناسب برای بهبود ژنتیکی هر یک از صفات در شرایط محیطی مختلف ضروری به نظر می‌رسد که خود مؤیدی بر ضرورت انجام این‌گونه تحقیقات می‌باشد. لذا، این تحقیق نتایج تلاقی‌های دای‌آلل را از طریق روش بای‌پلات به‌صورت گرافیکی ارائه می‌دهد که حاصل تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است و روی ماتریس داده‌های حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل می‌باشد. هدف از این تحقیق ارائه اطلاعات زیر در رابطه با گندم به‌صورت گرافیکی بود: (۱) تعیین ترکیب‌پذیری عمومی والدین؛ (۲) برآورد ترکیب‌پذیری خصوصی هیبریدها؛ (۳) تعیین تسترهای مناسب برای تحقیقات آینده؛ (۴) تعیین بهترین هیبریدها؛ و (۵) تعیین گروه‌ها و الگوهای هتروتیک در بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی.

مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی و تفسیر نتایج تلاقی‌های دای‌آلل، هفت رقم گندم نان هامون، الموت، C-84-12، گاسپارد، قدس، مغان ۱، افشار (به‌عنوان والدین) مورداستفاده قرار گرفتند. این ارقام همراه با ۲۱ ژنوتیپ نسل F1 حاصل از تلاقی دای‌آلل آن‌ها که به‌صورت نیمه دای‌آلل[1] (فاقد تلاقی‌های معکوس) انجام گرفته بود، در سال زراعی ۱۳۹۲-۱۳۹۱ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، (واقع در منطقه ماهدشت کرج)، در شرایط اعمال تنش رطوبتی، کشت گردیدند. جهت انجام عملیات آبیاری، یک آبیاری بعد از کشت و مراحل بعدی آبیاری بستگی به میزان بارندگی و شرایط جوی انجام گرفت. لازم به ذکر است جهت اعمال تنش رطوبتی بر روی صفات مربوطه، از مرحله‌ی گلدهی به بعد آبیاری قطع گردید. طرح آماری مورداستفاده، بلوک‌های کامل تصادفی با

[1] Half Diallel

سه تکرار بود. در این تحقیق، صفات کمی و مورفولوژیک به شرح زیر مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند: عملکرد دانه در مترمربع (میانگین وزن بذور دو ردیف در هر کرت برحسب گرم توسط ترازوی حساس وزن شد)، ارتفاع بوته (میانگین ارتفاع پنج بوته از یقه (بین ریشه و ساقه) تا نوک سنبله بدون احتساب ریشک‌ها برحسب سانتی‌متر در پایان فصل رشد)، طول سنبله (میانگین طول پنج سنبله از قاعده سنبله تا نوک آن بدون احتساب ریشک‌ها برحسب سانتی‌متر)، وزن سنبله (میانگین وزن پنج سنبله برحسب گرم)، قطر ساقه (میانگین قطر پنج ساقه برحسب میلی‌متر توسط کولیس)، طول ریشک (میانگین طول ریشک پنج سنبله برحسب سانتی‌متر)، طول میانگره دوم (فاصله بین آخرین گره و گره ماقبل آخر)، طول پدانکل (میانگین فاصله‌ی بین آخرین گره تا زیر سنبله در پنج بوته برحسب سانتیمتر)، بیرون آمدگی پدانکل (فاصله بین برگ پرچم تا یقه سنبله برحسب سانتی‌متر)، طول بذر (میانگین طول پنج بذر برحسب میلی‌متر)، قطر بذر (میانگین قطر پنج بذر برحسب میلی‌متر) و وزن هزار دانه (میانگین وزن هزار عدد بذر برحسب گرم). تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SAS و تجزیه دای‌آلل توسط نرم‌افزار D_2 انجام شد. آنالیزهای گرافیکی توسط نرم‌افزار GGE biplot طبق روش پیشنهادی یان و هانت صورت گرفت (Yan and Hunt, 2002).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مختلف بر اساس روش دوم گریفینگ در جدول ۱ ارائه شده است. با توجه به معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ برای تمامی صفات موردمطالعه امکان تجزیه ژنتیکی و برآورد خصوصیات ژنتیکی بر اساس روش دای‌آلل فراهم گردید. همچنین میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به‌جز ارتفاع بوته، طول میانگره دوم و قطر ساقه و میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی برای تمامی صفات به‌جز قطر ساقه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار گردید. نتایج مشابهی توسط مصطفوی و ضابط (Mostafavi and Zabet, 2013) و موسوی و همکاران (Mousavi et al., 2007) گزارش شده است.

بیشترین و کمترین میزان میانگین عملکرد دانه به ترتیب برای والدها در ارقام هامون و افشار و برای تلاقی‌ها در هیبریدهای هامون×قدس و C-84-12×گاسپارد مشاهده گردید. مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی والدین برای صفات موردبررسی در جدول ۲ ارائه شده است. بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار برای صفت عملکرد دانه، مربوط به رقم هامون بود. بنابراین در این رقم فراوانی ژن‌هایی با اثر افزایشی، زیاد بوده و برای برنامه‌های به‌نژادی مبتنی بر گزینش می‌توان از آن نیز بهره برد.

در صفات وزن سنبله و وزن هزار دانه، لاین C-84-12 دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بود. بنابراین برای گزینش به‌منظور افزایش این صفت از این لاین می‌توان استفاده کرد. در مورد صفت طول سنبله رقم افشار دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بود؛ بنابراین استفاده از رقم مذکور به‌عنوان بهترین ترکیب‌شونده عمومی ازنظر طول سنبله، 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 نیز استفاده نمود. برای طول ریشک ارقام هامون و الموت و قدس دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند.

ارقام هامون و الموت برای صفات طول بذر و قطر بذر دارای ترکیب‌پذیری عمومی[1] مثبت بودند. نتایج مربوط به صفات طول پدانکل و ارتفاع بوته با هم مطابقت داشتند و هیچ‌کدام از ارقام ازنظر این دو صفت معنی‌دار نبودند. مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی[2] تلاقی‌ها برای صفات موردبررسی، در جدول ۳ ارائه شده است. در صفت طول ریشک تلاقی‌های هامون×گاسپارد و الموت×گاسپارد دارای بالاترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار بودند که ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت به افزایش طول ریشک در برنامه به‌نژادی این صفت منجر خواهد شد.

بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار برای صفت عملکرد دانه در مترمربع، مربوط به تلاقی‌های هامون×قدس و C-84-12×مغان ۱ می‌باشد؛ بنابراین استفاده از این ارقام برای افزایش فراوانی ژن‌هایی با اثر غیرافزایشی جهت تولید هیبرید می‌تواند مفید باشد. برای صفت وزن سنبله بیشترین مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی معنی‌دار به ترتیب مربوط به تلاقی‌های C-84-12×افشار و الموت×گاسپارد بود.

[1]. General combining ability (GCA)
[2]. Specific combining ability (SCA)

جدول ۱. تجزیه واریانس صفات موردبررسی برای ۷ رقم گندم نان به همراه ۲۱ هیبرید حاصله، بر اساس مدل ۲ گریفینگ.

Table 1. Analysis of variance for 7 traits of wheat cultivars with 21 hybrids based on Griffing`s method 2.

منابع تغییرات S.O.V.	درجه آزادی df	ارتفاع بوته Plant height	قطر ساقه Stem diameter	طول ریشک Awn length	طول میانگره دوم Second internodes length	طول پدانکل Peduncle length	بیرون‌آمدگی پدانکل Extrusion peduncle
Replication تکرار	2	232.57**	1.15*	1.24^{ns}	16.92**	13.78^{ns}	11.21*
Genotype ژنوتیپ	27	126.74**	0.34^{ns}	16.24**	5.22*	17.65**	15.31**
GCA ترکیب‌پذیری عمومی	6	60.57^{ns}	0.44^{ns}	47.41**	5.74^{ns}	30.41**	23.17**
SCA ترکیب‌پذیری خصوصی	21	145.65**	0.32^{ns}	7.33**	5.08*	14.00**	13.06**
Error خطا	54	46.03	0.23	0.71	2.83	5.64	2.25
Average Heterosis متوسط هتروزیس		-10.04	0.07	-0.81	-0.04	0.67	-2.79

جدول ۱. ادامه.

Table 1. Continued

منابع تغییرات S.O.V.	درجه آزادی df	عملکرد دانه در مترمربع Yield per plot	طول سنبله Spike length	وزن سنبله Spike weight	طول بذر Seed length	قطر بذر Seed diameter	وزن هزار دانه Kernel weigh
Replication تکرار	2	3445.17*	1.61*	0.26^{ns}	0.38**	0.28^{ns}	62.17*
Genotype ژنوتیپ	27	5669.69**	2.82**	0.82**	0.16**	0.39**	45.51**
GCA ترکیب‌پذیری عمومی	6	6894.98**	3.72**	1.29**	0.16*	0.50**	35.87*
SCA ترکیب‌پذیری خصوصی	21	5319.60**	2.56**	0.68**	0.17**	0.36**	48.27**
Error خطا	54	1123.01	0.46	0.22	0.06	0.12	12.91
Average Heterosis متوسط هتروزیس		55.95	1.46	-0.04	0.007	-0.15	3.19

ns و * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

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

برای صفت وزن هزار دانه بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی را تلاقی‌های الموت × قدس و C-84-12 × افشار نشان دادند. برای صفت طول سنبله تلاقی‌های الموت × C-84-12 و C-84-12 × قدس، گاسپارد × افشار و قدس × مغان ۱ دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و معنی‌دار بودند. در مورد صفت ارتفاع بوته ترکیب‌پذیری خصوصی هیچ‌کدام از تلاقی‌ها معنی‌دار نشده است. تلاقی C-84-12 × قدس برای صفات طول و قطر بذر و تلاقی گاسپارد × قدس برای صفت قطر بذر ترکیب‌پذیری خصوصی مثبتی را نشان دادند. تلاقی‌های هامون × الموت و هامون × افشار، ترکیب‌پذیری مثبتی را برای صفت طول پدانکل نشان دادند. تلاقی هامون × الموت برای صفت طول میانگره دوم و قطر

ساقه، دارای ترکیب‌پذیری خصوصی معنی‌دار بودند. تلاقی الموت ×C-84-12 در صفت بیرون آمدگی پدانکل بالاترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی را دارا بود (جدول ۳). از آنجائی که در هیبریدهای تولید شده در برخی از گیاهان خودگشن ازجمله گندم، در سال‌های اخیر هتروزیس مشاهده شده و تمایل جهت تولید ارقام هیبرید بیشتر شده است، این نتایج می‌تواند در این زمینه مفید باشد.

نمودارهای دوبعدی داده‌های دای‌آلل عملکرد دانه، برای ارقام موردبررسی بر اساس میانگین داده‌ها در شکل ۱ ارائه شده است. در این شکل‌ها حروف کوچک موقعیت هر رقم یا لاین و حروف بزرگ موقعیت تسترها را نشان می‌دهند. ذکر این نکته ضروری است که در این روش هر ژنوتیپ یا والد هم به‌عنوان لاین و هم به‌عنوان تستر در نظر گرفته می‌شود (Yan and Hunt, 2002). در نمودار بای‌پلات محور افقی (PC1)، معرف اثر اصلی ژنوتیپ و محور عمودی (PC2)، نشان‌دهنده‌ی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط می‌باشد که خود معیاری از ناپایداری ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. موقعیت میانگین تسترها با دایره (به‌صورت نقطه‌چین) نمایش داده شده است. نمودار GGE2 بای‌پلات ۶۹/۹ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه می‌کند (شکل ۱- الف، ب، ج و د).

جدول ۲. مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات مختلف در تلاقی دای‌آلل ۷ رقم گندم نان.

Table 2. General combining ability for different traits in a seven bread wheat base diallel cross.

ارقام Cultivars	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	قطر ساقه (میلی‌متر) Stem diameter (mm)	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length (cm)	طول میانگره دوم (سانتی‌متر) Second internodes length (cm)	طول پدانکل (سانتی‌متر) peduncle length (cm)	بیرون آمدگی پدانکل (سانتی‌متر) Extrusion peduncle (cm)
Hamun	1.24 ns	-0.19 ns	0.62**	*0.67	0.64 ns	0.52*
Alamut	1.36 ns	-0.03 ns	0.62**	0.08 ns	0.16 ns	0.44 ns
C-84-12	-1.25 ns	0.12 ns	0.05 ns	0.14 ns	0.48 ns	0.21 ns
Gaspard	-1.70 ns	*0.17	-2.78 ns	-0.11 ns	-2.16 ns	-1.80 ns
Ghods	-1.76 ns	-0.01 ns	1.40**	-0.87 ns	-0.57 ns	-0.67 ns
Mogha1	1.40 ns	0.04 ns	0.13 ns	-0.04 ns	0.75 ns	0.81**
Afshar	0.70 ns	-0.10 ns	-0.05 ns	0.12 ns	0.70 ns	0.48 ns

جدول ۲. ادامه.

Table 2. Continued

ارقام Cultivars	عملکرد دانه در مترمربع (گرم) Yield per plot (gr)	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	وزن سنبله (گرم) Spike weight (gr)	طول بذر (میلی‌متر) Seed length (mm)	قطر بذر (میلی‌متر) Seed diameter (mm)	وزن هزار دانه (گرم) Kernel weigh (gr)
Hamun	21.07**	0.15 ns	-0.07 ns	0.06 ns	0.22**	0.26 ns
Alamut	18.17**	0.09 ns	-0.06 ns	0.14**	-0.04 ns	0.43 ns
C-84-12	0.26 ns	0.14 ns	0.45**	-0.07 ns	0.13*	2.06**
Gaspard	-13.6 ns	-0.22 ns	-0.24 ns	-0.03 ns	-0.03 ns	-1.03 ns
Ghods	-7.57 ns	-0.70 ns	0.006 ns	-0.01 ns	-0.16 ns	-1.48 ns
Mogha1	4.02 ns	0.06 ns	0.02 ns	-0.04 ns	-0.08 ns	0.17 ns
Afshar	-22.30 ns	0.46**	-0.09 ns	-0.04 ns	-0.03 ns	-0.40 ns

ns و * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

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

جدول ۳. مقادیر ترکیب‌پذیری خصوصی صفات مختلف در تلاقی دای‌آلل هفت رقم گندم نان.

Table 3. Specific combining ability for different traits in a seven bread wheat base diallel cross.

هیبرید Hybrid	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	قطر ساقه (میلی‌متر) Stem diameter (mm)	طول ریشک (سانتی‌متر) Awn length (cm)	طول میانگره دوم (سانتی‌متر) Second internodes length (cm)	طول پدانکل (سانتی‌متر) peduncle length (cm)	بیرون آمدگی پدانکل (سانتی‌متر) Extrusion peduncle (cm)
B × A	4.13 ^{ns}	0.52*	-0.16 ^{ns}	3.46**	3.40**	-0.35 ^{ns}
A × C	-5.57 ^{ns}	0.39 ^{ns}	-0.19 ^{ns}	-1.54 ^{ns}	-1.80 ^{ns}	-0.22 ^{ns}
A × D	2.66 ^{ns}	0.32 ^{ns}	2.76**	-0.15 ^{ns}	-2.30 ^{ns}	-1.69 ^{ns}
A × E	- 8.41 ^{ns}	-0.38 ^{ns}	-2.11 ^{ns}	-1.58 ^{ns}	-2.56 ^{ns}	-1.75 ^{ns}
A × F	0.81 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.91*	1.23 ^{ns}	2.88*	0.49 ^{ns}
A × G	-1.99 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.43 ^{ns}	-1.04 ^{ns}	3.22**	1.64*
B × C	0.62 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.37 ^{ns}	0.09 ^{ns}	2.84*	1.78*
B × D	-7.79 ^{ns}	0.13 ^{ns}	2.08**	-1.16 ^{ns}	-0.22 ^{ns}	-1.78 ^{ns}
B × E	-10.85 ^{ns}	0.13 ^{ns}	-1.39 ^{ns}	-1.76 ^{ns}	-2.48 ^{ns}	-2.88 ^{ns}
B × F	-3.32 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	0.41 ^{ns}	1.39 ^{ns}	-0.50 ^{ns}
B × G	-4.58 ^{ns}	-0.00 ^{ns}	-0.63 ^{ns}	0.07 ^{ns}	-0.61 ^{ns}	-0.06 ^{ns}
C × D	1.16 ^{ns}	-0.07 ^{ns}	-2.27 ^{ns}	2.29**	-0.33 ^{ns}	-1.60 ^{ns}
C × E	0.22 ^{ns}	-0.43 ^{ns}	-0.54 ^{ns}	0.31 ^{ns}	0.74 ^{ns}	-2.29 ^{ns}
C × F	-0.94 ^{ns}	0.12 ^{ns}	0.41 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.54 ^{ns}	-0.58 ^{ns}
C × G	-1.61 ^{ns}	0.47 ^{ns}	0.75 ^{ns}	-0.005 ^{ns}	0.05 ^{ns}	-0.54 ^{ns}
D × E	-2.26 ^{ns}	0.19 ^{ns}	1.73**	-0.52 ^{ns}	0.94 ^{ns}	-1.38 ^{ns}
D × F	0.56 ^{ns}	-0.20 ^{ns}	-2.20 ^{ns}	-0.55 ^{ns}	0.81 ^{ns}	-0.48 ^{ns}
D × G	2.59 ^{ns}	-0.57 ^{ns}	-2.35 ^{ns}	0.79 ^{ns}	2.25 ^{ns}	1.67*
E × F	-4.87 ^{ns}	-0.24 ^{ns}	-1.25 ^{ns}	0.01 ^{ns}	-1.33 ^{ns}	-1.19 ^{ns}
E × G	-4.65 ^{ns}	-0.00 ^{ns}	-1.06 ^{ns}	0.58 ^{ns}	-0.92 ^{ns}	0.09 ^{ns}
F × G	-8.58 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.61 ^{ns}	-1.15 ^{ns}	-2.99 ^{ns}	-2.98 ^{ns}

جدول ۳. ادامه.

Table 3. Continued

هیبرید Hybrid	عملکرد دانه در مترمربع (گرم) Yield per plot (gr)	طول سنبله (سانتی‌متر) Spike length (cm)	وزن سنبله (گرم) Spike weight (gr)	طول بذر (میلی‌متر) Seed length (mm)	قطر بذر (میلی‌متر) Seed diameter (mm)	وزن هزار دانه (گرم) Kernel weigh (gr)
B × A	22.68 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	0.35 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.27 ^{ns}	3.86*
A × C	-12.67 ^{ns}	0.34 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	-0.35 ^{ns}	1.57 ^{ns}
A × D	39.29*	0.43 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	0.10 ^{ns}	-0.30 ^{ns}	4.10*
A × E	52.03**	0.08 ^{ns}	-0.25 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	-0.68 ^{ns}	-6.05 ^{ns}
A × F	26.25 ^{ns}	0.49 ^{ns}	0.32 ^{ns}	0.21 ^{ns}	-0.22 ^{ns}	3.16 ^{ns}
A × G	-42.22 ^{ns}	0.61 ^{ns}	-0.25 ^{ns}	0.03 ^{ns}	-0.37 ^{ns}	2.20 ^{ns}
B × C	34.80*	1.56**	-0.23 ^{ns}	0.01 ^{ns}	-0.00 ^{ns}	-2.76 ^{ns}
B × D	17.27 ^{ns}	0.58 ^{ns}	0.87**	0.15 ^{ns}	0.16 ^{ns}	2.16 ^{ns}
B × E	-31.75 ^{ns}	0.26 ^{ns}	-0.12 ^{ns}	-0.75 ^{ns}	-0.51 ^{ns}	6.28**
B × F	24.68 ^{ns}	-0.37 ^{ns}	-0.64 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.08 ^{ns}	-0.51 ^{ns}
B × G	30.60 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.10 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	0.26 ^{ns}	2.83 ^{ns}
C × D	-66.53 ^{ns}	-0.51 ^{ns}	-1.03 ^{ns}	-0.21 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	-4.06 ^{ns}
C × E	43.48*	1.30**	-0.26 ^{ns}	0.29*	0.55**	1.11 ^{ns}
C × F	50.69**	-0.17 ^{ns}	0.36 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.06 ^{ns}	1.79 ^{ns}
C × G	19.67 ^{ns}	0.10 ^{ns}	1.06**	0.11 ^{ns}	0.00 ^{ns}	5.47**
D × E	31.18 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	0.63*	0.33*	-0.01 ^{ns}	3.07 ^{ns}
D × F	13.88 ^{ns}	0.30 ^{ns}	-0.09 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	2.62 ^{ns}
D × G	20.06 ^{ns}	0.98**	-0.24 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.06 ^{ns}	-5.49 ^{ns}
E × F	4.86 ^{ns}	1.43**	- 0.18 ^{ns}	0.15 ^{ns}	0.15 ^{ns}	-5.16 ^{ns}
E × G	31.00 ^{ns}	0.26 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	0.12 ^{ns}	0.16 ^{ns}	0.68 ^{ns}
F × G	-15.54 ^{ns}	0.09 ^{ns}	-0.31 ^{ns}	-0.16 ^{ns}	0.09 ^{ns}	-0.13 ^{ns}

ارقام شامل A: هامون، B: الموت، C: C-84-12، D: گاسپارد، E: قدس، F: مغان۱، G: افشار

Hibrids are A: Hamun; B: Alamut; C: C-84-12; D: Gaspard; E: Ghods; F: Moghan1; G:Afshar

در شکل ۱-الف ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین تسترها تعیین می‌شود. برای این کار از مبدأ مختصات خطی به میانگین تسترها وصل و به دو طرف ادامه می‌یابد تا دیواره‌های نمودار را قطع کند، به این خط، بردار میانگین تسترها گفته 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؛ بنابراین، ترتیب لاین‌ها ازنظر ترکیب‌پذیری عمومی به‌صورت: افشار < هامون < مغان ۱ < C-84-12 < گاسپارد < قدس < الموت می‌باشد. فاصله‌ی 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. به‌این‌ترتیب در شرایط تنش رطوبتی لاین C-84-12 و رقم قدس و در درجه بعد به ترتیب ارقام گاسپارد، مغان ۱ 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. به‌این‌ترتیب دو گروه هتروتیک خواهیم داشت. گروه اول شامل ارقام گاسپارد، C-84-12 و هامون و گروه دوم شامل ارقام الموت، قدس، مغان ۱ و افشار بود.

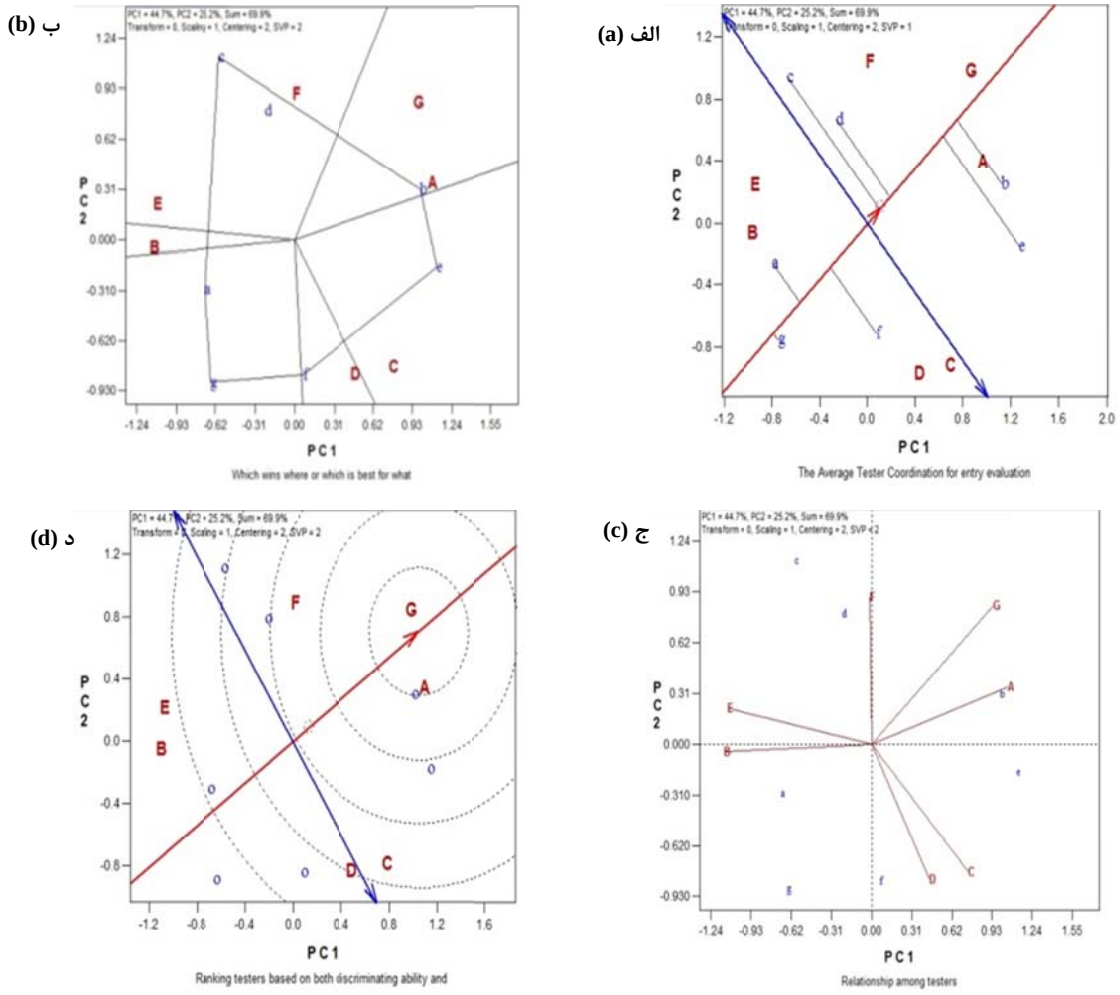
بهترین تستر اولاً باید بتواند ژنوتیپ‌ها را بهتر از هم تمیز دهد، ثانیاً باید دارای عملکرد خوبی نیز باشد، بر این اساس ژنوتیپی به‌عنوان بهترین تستر شناخته می‌شود که نزدیک به میانگین تسترها و متمایل به انتهای مثبت محور میانگین تسترها قرار گرفته باشد. با توجه به شکل ۱-الف ژنوتیپ یا تستر (B) الموت به‌عنوان بهترین تستر شناخته شد.

نمایش چندوجهی نمودار دوبعدی شکل ۱-ب روش بسیار مناسبی جهت بررسی الگوها و تفسیر اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و تسترها می‌باشد. این چندوجهی از طریق وصل کردن ژنوتیپ‌هایی که بیشترین فاصله را از مبدأ مختصات دارند، حاصل می‌شود. ویژگی جالب‌توجه این چندوجهی این است که هر تستر در همان بخشی قرار می‌گیرد که بهترین لاین‌های ترکیب‌شونده با آن قرارگرفته‌اند. در بین ژنوتیپ‌هایی که در یک بخش واقع می‌شوند، بهترین ژنوتیپ ترکیب‌شونده با تسترهای آن بخش ژنوتیپی است که در رأس چندوجهی در همان بخش قرار گرفته باشد. لاین‌هایی که در گوشه‌های چندوجهی قرارگرفته‌اند بهترین ترکیب‌شونده‌ها با تسترهای بخش خودشان و ضعیف‌ترین ترکیب‌شونده با تسترهای سایر بخش‌ها هستند.

لاین‌هایی که نزدیک مبدأ قرار می‌گیرند، ترکیب‌پذیری ضعیفی با تمام تسترها دارند و به‌عوض شدن تستر، واکنش زیادی نشان نمی‌دهند. لاین مغان ۱ همراه با تستر گاسپارد، لاین قدس همراه با تستر C-84-12، لاین الموت همراه با تسترهای هامون و افشار و لاین گاسپارد و C-84-12 همراه با تسترهای قدس و مغان ۱ در یک بخش قرارگرفته‌اند. این موضوع نیز نشان‌دهنده‌ی ترکیب‌پذیری خوب آن‌ها می‌باشد. لاین C-84-12 و تستر قدس در یک بخش قرارگرفته‌اند و بالعکس یعنی لاین قدس با تستر C-84-12 در یک بخش دیگر با هم هستند، این وضعیت نشان می‌دهد که بین لاین C-84-12 و رقم قدس ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد. همچنین توضیح فوق در مورد ارقام گاسپارد و مغان ۱ نیز صدق می‌کند. شکل ۱- ج برای گروه‌بندی ارقام و تعیین شباهت و عدم شباهت ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود. بر اساس نواحی چهارگانه، ارقام به چهار گروه تقسیم‌بندی شدند. گروه اول شامل ارقام گاسپارد و C-84-12، گروه دوم هامون و افشار، گروه سوم مغان ۱ و قدس و رقم الموت در ناحیه‌ی جداگانه قرار دارند. زاویه‌ی بین محور لاین‌ها نیز همبستگی یا شباهت لاین‌ها را نشان می‌دهد. این زاویه هرچقدر 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 تمیز ارقام نشان می‌دهد. هرچقدر طول این پاره‌خط بزرگ‌تر باشد، آن تستر از قدرت تمیز بالاتری برخوردار است. بنابراین تسترهای C-84-12 و گاسپارد نسبت به سایر تسترها از قدرت تمیز بیشتری برخوردارند.

شکل ۱- د برای رتبه‌بندی تسترها، بر اساس بهترین تستر برای صفت عملکرد دانه استفاده شد. بهترین تستر باید اولاً دارای عملکرد بالائی بوده و ثانیاً پایدار نیز باشد. به‌عبارتی‌دیگر دارای ترکیب‌پذیری عمومی بالا و ترکیب‌پذیری خصوصی پائینی داشته باشد. بر این اساس موقعیت بهترین تستر در این شکل، با علامت پیکان مشخص شده است و در مرکز دوایر هم‌مرکز قرار دارد. به

مرکزیت تستر ایده‌آل دوایر هم‌مرکزی رسم می‌شود. تسترهایی که به مرکز نزدیک‌تر باشند، تسترهای مناسب‌تری هستند. بر این اساس، ترتیب تسترها به‌صورت: الموت > قدس > گاسپارد > C-84-12 > مغان ۱ > هامون > افشار می‌باشد.



شکل ۱. نمودار دوبعدی داده‌های دای‌آلل عملکرد دانه در مترمربع، برای هفت رقم (لاین) گندم نان. الف: نمایش موقعیت ارقام، تسترها و میانگین تسترها. ب: نمایش چندوجهی و موقعیت لاین‌ها و تسترها. ج: ترسیم محور میانگین لاین‌ها جهت تعیین روابط بین آن‌ها. د: رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر. حروف کوچک نشان‌دهنده‌ی لاین‌ها و حروف بزرگ نشان‌دهنده‌ی تسترها است. 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.

Fig1. The GGE biplot based on the seven wheat cultivars grain yield. a: Average-tester coordination 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: Hamun; B: Alamut; C: C-84-12; D: Gaspard; E: Ghods; F: Moghan1; G: Afshar

نمودار دوبعدی داده‌های دای‌آلل وزن هزار دانه‌ی ارقام موردبررسی در شرایط تنش رطوبتی، در شکل ۲ نشان داده شده است. در این شکل‌ها، حروف کوچک موقعیت هر رقم یا لاین و حروف بزرگ موقعیت تسترها را نشان می‌دهند. نمودار GGE2 بای‌پلات، ۶۱ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه می‌کند (شکل ۲- الف، ب، ج و د). در شکل ۲- الف ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین تسترها تعیین می‌شود. ترتیب لاین‌ها ازنظر ترکیب‌پذیری عمومی به‌صورت: افشار < قدس < گاسپارد < مغان ۱ < هامون <C-84- 12 < الموت می‌باشد (شکل ۲-الف). ارقام هامون، قدس و سپس الموت دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه لاین‌ها می‌باشند (شکل ۲-الف). در این نمودار دو گروه هتروتیک خواهیم داشت که گروه اول شامل ارقام هامون، مغان ۱، قدس و گروه دوم شامل ارقام الموت، C-84-12، گاسپارد و افشار بود (شکل ۲- الف).

نمایش چندوجهی نمودار دوبعدی در شکل ۲-ب روش بسیار مناسبی جهت بررسی الگوها و تفسیر اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و تسترها می‌باشد. با توجه به این نمودار، لاین‌های C-84-12، الموت همراه با تسترهای قدس، هامون، مغان ۱ و افشار، لاین‌های مغان ۱، هامون همراه با تستر گاسپارد، لاین قدس همراه با تسترهای الموت و C-84-12 در یک بخش قرارگرفته‌اند. این موضوع نیز نشان‌دهنده‌ی ترکیب‌پذیری خوب آن‌ها می‌باشد. تلاقی هامون × الموت، دارای هتروزیس زیادی می‌باشد. لاین C-84-12 و تستر قدس در یک بخش قرارگرفته‌اند و بالعکس یعنی لاین قدس با تستر C-84-12 در یک بخش دیگر با هم هستند، این وضعیت نشان می‌دهد که بین ارقام قدس و C-84-12 ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد. همچنین توضیح فوق در مورد ارقام الموت و قدس نیز صدق می‌کند (شکل ۲-ب).

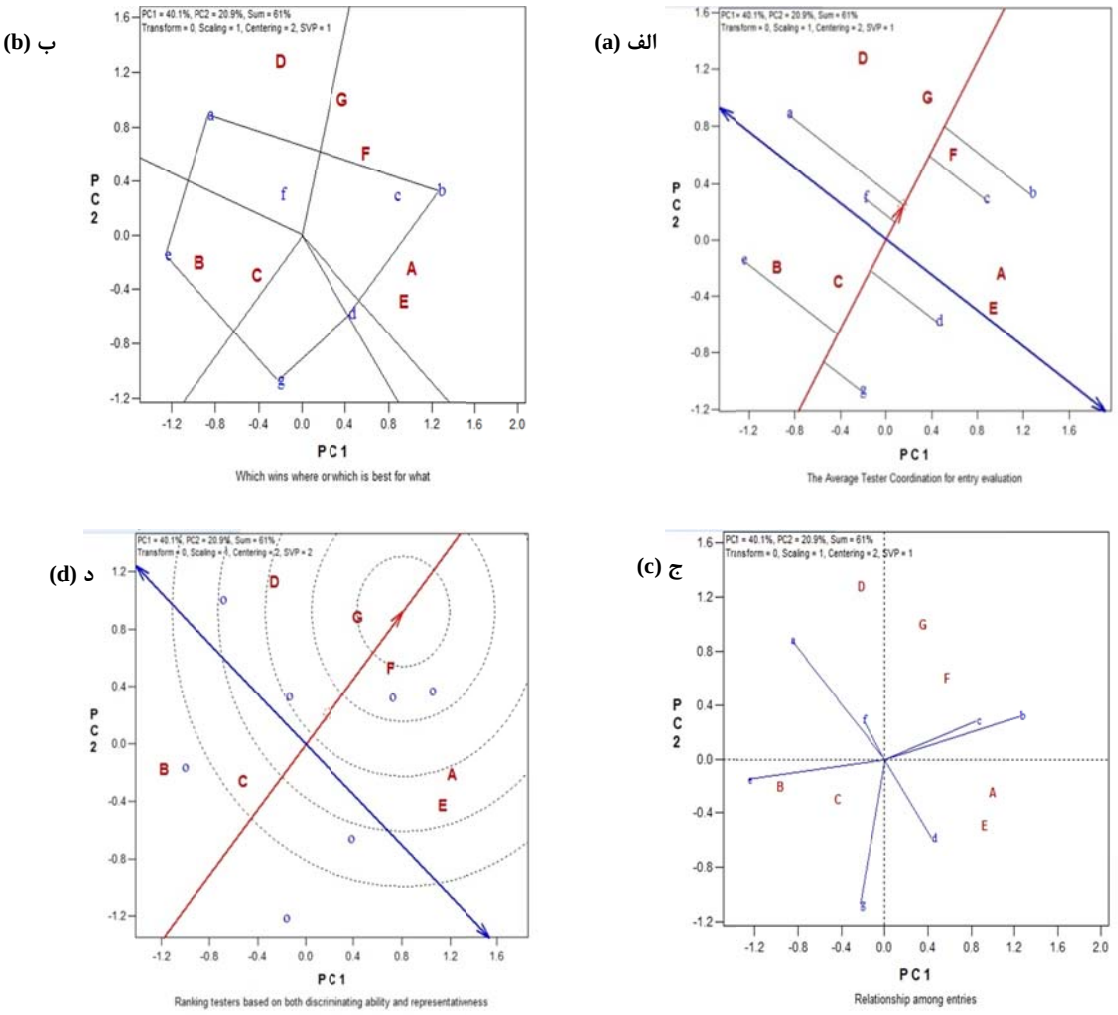
بر اساس شکل ۲-ج لاین‌های C-84-12 و الموت، مغان ۱ و هامون و همچنین لاین‌های قدس و افشار در گروه‌های جداگانه قرار گرفتند. ارقام هامون، مغان ۱، الموت، C-84-12 دارای شباهت بالاتری با یکدیگر بودند (شکل ۲-ج). با توجه به شکل ۲-د ترتیب تسترها به‌صورت: الموت < C-84-12 < قدس <هامون < گاسپارد < مغان ۱ < افشار می‌باشد. برای سایر صفات نیز تجزیه‌های فوق انجام شد که خلاصه نتایج برای برخی صفات ذکرشده به این صورت بود: برای صفت وزن سنبله رقم C-84-12 دارای بیشترین و رقم الموت دارای کمترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. لاین b (الموت) و تستر D (گاسپارد) در یک بخش قرارگرفته‌اند و بالعکس یعنی لاین d (گاسپارد) با تستر B (الموت) در یک بخش دیگر با هم هستند، این وضعیت نشان می‌دهد که بین ارقام الموت و گاسپارد ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد.

نمودار بای‌پلات مربوط به طول سنبله ۶۷/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد. برای این صفت ترتیب ارقام ازنظر ترکیب‌پذیری عمومی به‌صورت قدس < هامون< گاسپارد < الموت < C-84-12 < مغان ۱ < افشار بود. ارقام C-84-12، الموت و گاسپارد ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به سایر ارقام داشتند. برای این صفت دو گروه هتروتیک شامل گروه اول: ارقام مغان ۱، C-84-12 و گاسپارد و گروه دوم شامل ارقام افشار، الموت، هامون و قدس بودند. ارقام C-84-12 و الموت ترکیب‌پذیری بالایی را نشان دادند. نمودار بای‌پلات مربوط به طول ریشک ۸۰/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه می‌کند. بر اساس این نمودار رقم هامون دارای بیشترین و ارقام افشار و گاسپارد دارای کمترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. رقم قدس بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی را برای صفت مذکور دارا بود.

رقم هامون با مغان ۱ و افشار ترکیب‌پذیری خوبی را نشان دادند. بر اساس نمودار بای‌پلات ارقام به چهار گروه تقسیم شدند: گروه اول شامل هامون و قدس، گروه دوم شامل مغان ۱، C-84-12 و الموت و ارقام افشار و گاسپارد در گروه‌های جداگانه قرار داشتند. رقم گاسپارد و قدس قدرت تمیز بیشتری نسبت به باقی ارقام برای صفت مذکور نیز دارا بودند. ترتیب تسترها در مقایسه با بهترین تستر به‌صورت هامون < قدس <گاسپارد < الموت < مغان ۱ ≈ افشارC-84-12 < و ترتیب ارقام بر اساس رقم ایده‌آل نیز برای این صفت به‌صورت گاسپارد < قدس ≈افشار <مغان ۱ < C-84-12 <الموت <هامون بود. در رابطه با طول پدانکل، ۷۴/۵ درصد از واریانس داده‌ها توجیه شد و رقم الموت و گاسپارد به ترتیب بیشترین و کمترین ترکیب‌پذیری عمومی را نشان دادند. رقم هامون بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی را نشان داد. ارقام مغان ۱

و C-84-12، همچنین هامون و الموت ترکیب‌پذیری بالایی را نشان دادند و هیبرید آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد.

ترتیب تسترها بر اساس بهترین تستر برای این صفت به‌صورت: قدس <افشار< گاسپارد < مغان ۱< الموت < C-84-12 < هامون بود. برای ارتفاع بوته نمودار GGE2 بای‌پلات ۶۸/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه می‌کند. رقم هامون بیشترین و رقم قدس کمترین ترکیب‌پذیری را نشان دادند و هیچ‌کدام از ارقام ترکیب‌پذیری مناسبی را با یکدیگر نشان ندادند و هیبریدهای آن‌ها هتروتیک نیست، بنابراین باعث کاهش ارتفاع بوته می‌شوند.



شکل ۲. نمودار دوبعدی داده‌های دای‌آلل وزن هزار دانه هفت رقم (لاین) گندم نان. الف: نمایش موقعیت لاین‌ها، تسترها و میانگین تسترها. ب: نمایش چندوجهی و موقعیت لاین‌ها و تسترها. ج: ترسیم محور میانگین لاین‌ها جهت تعیین روابط بین آن‌ها. د: رتبه‌بندی تسترها بر اساس بهترین تستر. حروف کوچک نشان‌دهنده‌ی لاین‌ها و حروف بزرگ نشان‌دهنده‌ی تسترها است. 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.

Fig2. The GGE biplot based on the seven wheat cultivars for seed 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: Hamun; B: Alamut; C: C-84-12; D: Gaspard; E: Ghods; F: Moghan 1; G: Afshar.

رتبه‌بندی تسترها بر اساس تستر ایده‌آل به‌صورت قدس > C-84-12 > افشار > گاسپارد> مغان ۱ > الموت > هامون می‌باشد. نمودار GGE2 بای‌پلات برای صفات طول بذر و قطر بذر به ترتیب ۶۷/۲ و ۶۲/۸ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه می‌کند. در مورد صفت قطر بذر، لاین C-84-12 و برای طول بذر، رقم الموت ترکیب‌پذیری بالایی را نشان دادند. نمودار چندوجهی نشان می‌دهد که بین لاین C-84-12 و رقم قدس ترکیب‌پذیری بسیار زیادی برای هر دو صفت طول و قطر بذر وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد.

نمودار GGE2 بای‌پلات برای صفات طول میانگره دوم و بیرون آمدگی پدانکل به ترتیب ۷۰/۶ و ۶۳/۵ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کرد. در مورد صفت طول میانگره دوم، بالاترین ترکیب‌پذیری عمومی را رقم هامون و برای بیرون آمدگی پدانکل، رقم الموت نشان داد. در خصوص طول میانگره دوم، بین لاین C-84-12 و رقم گاسپارد ترکیب‌پذیری بسیار زیادی وجود دارد و هیبرید بین آن‌ها بسیار هتروتیک می‌باشد. ارقام هامون، الموت و لاین C-84-12 برای بیرون آمدگی پدانکل به رقم ایده‌آل نزدیک بودند. در نمودار GGE2 برای قطر ساقه، ۸۰/۳ درصد از واریانس داده‌ها توجیه شد. طبق دو نمودار ترسیم محور میانگین ارقام و نمایش موقعیت لاین‌ها، تسترها و میانگین تسترها نیز ارقام هامون و الموت، بالاترین GCA را نشان دادند و این ارقام از شباهت بالاتری برخوردار بودند. با توجه به نتایج حاضر، بین ارقام موردبررسی تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی وجود داشت که سبب وجود اثرهای افزایشی و غیرافزایشی برای صفات موردبررسی ازجمله عملکرد می‌شود (Miranda et al., 2007). مقایسه نتایج تجزیه‌های عددی با نتایج گرافیکی نشان‌دهنده مطابقت خوب نتایج این دو روش بود. با توجه به برتری روش‌های گرافیکی ازنظر تفسیر سریع‌تر و ساده‌تر نتایج، استفاده از این روش‌ها، جهت سهولت در تحقیقات توصیه می‌شود.

منابع

Crossa, J., Cornelius, P. L., Yan, W., 2002. Bi-plots of linear-bilinear models for studying crossover genotype × environment interaction. Crop Science. 42, 136-144.

Farshadfar, A., 1996. Genetic analysis of drought resistance in plant breeding methods. Agronomy and Plant Breeding Congress Abstracts. University of Tehran. 16p. [In Persian].

Gabriel, K. R., 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometria. 58, 453-467.

Gauch, H. G., 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. Crop Science. 46, 1488-1500.

Joshi, A. K., Mishra, B., Chatrath, R., Ortiz-Ferrara, G., Singh, R. P., 2007. Wheat improvement in India: Present status, emerging challenges and future prospects. Euphytica. 153, 135-151.

Letta, T., D'Egidio, M. G., Abinasa, M., 2008. Analysis of multi-environment yield trials in durum wheat based on GGE-biplot electronic resource. Journal of Food, Agriculture and Environment. 6(2), 217-221.

Melani, M. D., 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., Santos, I. C., 2007. Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. Euphytica. 162, 431-440.

Mohammadi, R., Haghparast, R., Amri, A., Ceccarelli, S., 2010. Yield stability of rainfed durum wheat and GGE biplot analysis of multi-environment trials. Crop and Pasture Science. 61, 92–101. [In Persian with English summary].

Mostafavi, K., Mirzaei, R., Bihamta, M. R., Changizi, M., 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. [In Persian with English summary].

Mostafavi, K., Zabet, M., 2013. Genetic study of yield and some agronomic traits in bread wheat lines using biplot data. Seed and Plant improvement. 1-29, 503-518 [In Persian with English summary].

Mousavi, S. S., Yazdi Samadi, B., Zali, A., Bihamta, M. R., 2007. Genetic analysis of quantitative traits in bread wheat under normal and drought stress conditions. Seed

and Plant improvement. 23(4), 587-601 [In Persian with English summary].

Riaz, R., Chowdhry, M. A., 2003. Genetic analysis of some economic traits of wheat under drought condition. Asian Journal of Plant Science. 2, 790-796.

Yan, W., Hunt, L. A., 2001. Biplot analysis of diallel data. Crop Science. 42, 21–30.