

Genetic analysis and graphic analysis of wheat diallel crosses using biplot

Kaveh Sadeghi¹, Mohammadhadi Pahlavani^{2*}, Mohsen Esmaeilzadeh Moghaddam³, Khalil Zaynali Nezhad⁴

¹PhD Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, College of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran, Email: ako.sadeghi@yahoo.com

²Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, College of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran, Email: hpahlavani@yahoo.com

³Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, Email: esmaeilzadehmohsen@gmail.com

⁴Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, College of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran, Email: khalil1381@yahoo.com

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 2021/09/04
Revised: 2021/11/22
Accepted: 2022/02/10

Keywords:
Biplot
Bread wheat
Diallel
General combining ability
Specific combining ability

ABSTRACT

Background and objectives: Obtaining genetic information on how to control traits and becoming aware of the genetic potential of breeding populations is the most important prerequisite for success in cultivar breeding projects. Graphic analysis of the data obtained from the diallel design by means of the (GGE biplot) biplot method allows the breeders to obtain a larger volume of comprehensive genetic information with higher resolution than the conventional methods. The aim of this study was to obtain genetic information and create various breeding materials with high potential in terms of grain yield and its components in bread wheat.

Materials and methods: This study started with identifying and collecting 10 bread wheat cultivars with various and complementary characteristics in terms of grain yield and other related and important economic and agronomic traits. The crossing of parental cultivars and the evaluation of the progeny diallel crosses were carried out in 2018 and 2019, respectively. The progenies of the 10×10 full diallel were studied in a randomized complete block design with three replications and examined for grain yield, 1000-seed weight, plant height, spike length, number of seeds per spike and spike weight.

Results: Based on the results of analysis of variance, the mean squares of genotypes were significant for all traits ($\alpha \leq 1\%$), indicating the existence of sufficient diversity among the studied genotypes. Effects of general combining ability for the parents on plant height, spike length, 1000-seed weight and grain yield and effects of specific combining ability for crosses on plant height, spike length, number of seeds per spike and grain yield was significant. Also, the difference of reciprocal crosses was significant for plant height, spike length, number of seeds per spike and 1000-seed weight. The results of biplot analysis showed that Ehsan had the highest general combining ability among the parents for grain yield, 1000-seed weight, plant height, spike length. Accordingly, the highest specific combining ability for grain yield was observed between Ehsan against both Gonbad and Shoush cultivars. Also, the specific combining ability of Ehsan in crosses to Kalateh, Barat, Shoush, Sirvan and Gonbad cultivars had the highest value for 1000-seed weight, plant height, spike length and spike

weight. The highest narrow sense heritability was observed for spike length however, for plant height, number of seeds per spike, grain yield, 100-seed weight and flag leaf area, the narrow sense heritability was low.

Conclusion: In general, cultivars Ehsan and Gonbad were able to transfer most of the characteristics to their offspring, therefore they can be used in breeding programs to improve grain yield and yield components in bread wheat. Due to the greater importance of the dominance component in control of grain yield and its components, can be used to determine suitable parents for crossbreeding and production of new varieties.

Cite this article: Sadeghi, K., Pahlavani, M.H., Esmailzadeh Moghaddam, M., Zaynali Nezhad, Kh. 2022. Genetic analysis and graphic analysis of wheat diallel crosses using biplot. *Crop Production*, 15 (1), 163-186.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/EJCP.2022.19427.2447

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources



تجزیه ژنتیکی و تحلیل گرافیکی تلاقی‌های دای آلل گندم نان با استفاده از بای پلات GGE

کاوه صادقی^۱، محمدهادی پهلوانی^{۲*}، محسن اسماعیل‌زاده مقدم^۳، خلیل زینلی‌نژاد^۴

۱. دانشجوی دکتری، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران، رایانامه: ako.sadeghi@yahoo.com

۲. دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران، رایانامه: hpahlavani@yahoo.com

۳. استاد، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرخ، ایران، رایانامه: esmeilzadehmohsen@gmail.com

۴. استادیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران، رایانامه: khalil1381@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	سابقه و هدف: کسب اطلاعات ژنتیکی از نحوه کنترل صفات و آگاهی یافتن از پتانسیل ژنتیکی جوامع اصلاحی مهم‌ترین پیش‌نیاز موفقیت در پروژه‌های بهبود ارقام در گونه‌های زراعی است. تحلیل گرافیکی داده‌های حاصل از طرح تلاقی دای آلل با روش بای پلات (GGE biplot) به اصلاح گر امکان دست‌یابی به حجم بیش‌تری از اطلاعات ژنتیکی با وضوح بیش‌تر را نسبت به روش مرسوم تجزیه در این طرح تلاقی فراهم آورده است. این مطالعه با هدف دست‌یابی به اطلاعات ژنتیکی و ایجاد مواد اصلاحی متنوع با پتانسیل بالا از نظر عملکرد دانه و اجزای آن در گندم نان انجام گرفت.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۶/۱۳ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۰/۰۹/۰۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۱/۲۱	
واژه‌های کلیدی: بای پلات ترکیب‌پذیری خصوصی ترکیب‌پذیری عمومی دای آلل گندم نان	مواد و روش‌ها: این مطالعه با شناسایی و گردآوری ۱۰ رقم گندم نان با ویژگی‌های متنوع و مکمل از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مرتبط و مهم اقتصادی و زراعتی شروع گردید. تلاقی ارقام والدی و ارزیابی نتایج تلاقی‌های دای آلل به ترتیب در سال‌های ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ اجرا شد. نتایج والدین طرح دای آلل کامل ۱۰×۱۰ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت و از لحاظ صفات عملکرد دانه، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله مورد بررسی قرار گرفتند.
	یافته‌ها: بر اساس نتایج تجزیه واریانس، میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که نشان‌دهنده وجود تنوع کافی در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. اثرات ترکیب-پذیری عمومی والدین برای ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه اثر ترکیب‌پذیری خصوصی تلاقی‌ها برای ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار بود. تفاوت تلاقی‌های متقابل برای ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه معنی‌دار بود. نتایج تجزیه بای پلات نشان داد که والد احسان بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی را در بین والدین برای صفت عملکرد دانه، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله داشت. بر همین اساس، بالاترین ترکیب‌پذیری خصوصی برای عملکرد دانه بین رقم احسان با دو رقم گنبد و شوش مشاهده گردید. همچنین، قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی تلاقی رقم احسان با ژنوتیپ‌های کلاته، برات، شوش، سیروان و گنبد دارای بیش‌ترین مقدار برای صفات وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله و وزن سنبله نسبت به سایر تلاقی‌ها بود. بالاترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای طول سنبله مشاهده گردید و برای ارتفاع بوته، تعداد دانه در

سنبله، عملکرد دانه، وزن صد دانه و مساحت برگ پرچم میزان وراثت‌پذیری پایین بود.

نتیجه‌گیری: به‌طور کلی ارقام احسان و گنبد توانایی انتقال اغلب ویژگی‌ها را به نتاج تلاقی‌ها داشتند، لذا از آن‌ها می‌توان در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه و اجزای عملکرد در گندم نان استفاده کرد. با توجه به اهمیت بیش‌تر جزو غالبیت در کنترل عملکرد دانه و اجزای آن، می‌توان جهت تعیین والدین مناسب برای تلاقی‌ها و تولید واریته‌های جدید، استفاده نمود.

استناد: صادقی، ک.، پهلوانی، م.ه.، اسماعیل‌زاده مقدم، م.، زینلی‌نژاد، خ. (۱۴۰۱). تجزیه ژنتیکی و تحلیل گرافیکی تلاقی‌های دای‌آلل گندم نان با استفاده از بای‌پلات GGE. *تولید گیاهان زراعی*، ۱۵ (۱)، ۱۸۶-۱۶۳.

DOI: 10.22069/EJCP.2022.19427.2447



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

گندم نان با نام علمی *Triticum* ($2n=6x=42$) از برجسته‌ترین گیاهان زراعی از نظر اهمیت، سطح کشت، مصرف و میزان تولید در جهان می‌باشد و به‌عنوان غذای اصلی مردم در بیش‌تر نقاط جهان به شمار می‌رود (۱۴). رشد روزافزون جمعیت کشور، همراه با تغییرپذیری‌های قیمت جهانی محصولات کشاورزی، موجب شده تأمین امنیت غذایی از جمله مهم‌ترین اولویت‌های بخش کشاورزی کشور باشد. بر همین مبنا، برنامه‌ریزان بخش کشاورزی کشور به خودکفایی در تولید محصولات اساسی تأکید داشته و در رویکرد بلند مدت کشور یعنی در "سند چشم‌انداز ایران"، تأمین امنیت غذایی با تکیه بر تولید از منابع‌های داخلی و خودکفایی در تولید محصولات اساسی تأکید شده است (۲۷). اصلاح ارقام پر محصول و با کیفیت مطلوب از اهداف عمده در برنامه‌های به‌نژادی محسوب می‌شود که به اطلاعات جامعی از ساختار ژنتیکی والدین مورد تلاقی و همچنین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی آن‌ها، میزان هتروزیس، نحوه عمل ژن‌ها و همچنین اثرمتقابل آن‌ها با یکدیگر و محیط نیاز دارد. دستیابی به چنین اطلاعاتی که یکی از پیشنیازهای اصلی برای به‌کارگیری ارقام در پروژه‌های اصلاحی است، از طریق روش‌های ژنتیک کمی مانند تلاقی‌های دای‌آل، تجزیه میانگین نسل‌ها و سایر طرح‌های ژنتیکی امکان‌پذیر است (۳۱). در بسیاری از مواقع عدم آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی صفات مورد بررسی در برنامه‌های اصلاحی عدم موفقیت را به‌دنبال داشته است. آگاهی از پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده‌ی صفات از جمله وراثت‌پذیری، میانگین درجه غالبیت و نوع عمل ژن‌ها در انتخاب روش اصلاحی و مدیریت آن بسیار مهم است. این اطلاعات از روش‌های متفاوتی بدست می‌آیند. تکنیک

دای‌آل ابزار مفیدی جهت حصول به اطلاعاتی دربار نوع عمل ژن در تبیین صفات و پیش‌بینی دستاوردهای ژنتیکی می‌باشد. به بیان دیگر، تجزیه دای‌آل ضمن بهره‌گیری از اصول آماری هم‌چون واریانس و کوواریانس، از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی این اطلاعات مفید را برای به‌نژادگر اصلاح نباتات فراهم می‌کند تا با دید روشن‌تری مناسب‌ترین اینبرد لاین‌ها را جهت بهبود صفات مورد نظر انتخاب کند (۱۱). اصول و مبانی دای‌آل توسط جینکز و هیمن (۱۹۵۳)، هیمن (۱۹۵۴a و ۱۹۵۴b)، گریفینگ (۱۹۵۶a) بیان کردند، و بعدها توسط کرزی و پونسی (۱۹۹۶) تکمیل گردید (۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۵، ۱۷). از جمله رایج‌ترین روش‌های تجزیه و تحلیل دای‌آل، روش‌های گریفینگ می‌باشد. که در این روش‌ها تنوع کل داده‌ها به دو بخش شامل جزء ناشی از تفاوت در قابلیت‌های ترکیب‌پذیری عمومی والدین و جزء ناشی از تفاوت در قابلیت‌های ترکیب‌پذیری خصوصی تلاقی‌ها تقسیم می‌شوند. یک تلاقی دای‌آل مجموعه‌ای از تمام تلاقی‌های ممکن بین چندین ژنوتیپ است که دسترسی به اطلاعاتی نظیر قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، اثرات تقریبی ژن‌ها، اثر هتروزیس و اثر سیتوپلاسمی را فراهم می‌آورد.

قابلیت ترکیب‌پذیری به صورت ظرفیت یا توانایی یک ژنوتیپ در انتقال برتری‌هایش به نتاج خود تعریف می‌گردد. تجزیه قابلیت ترکیب‌پذیری اطلاعاتی را در رابطه با ماهیت و میزان انواع عمل ژن درگیر در بیان صفات کمی فراهم می‌نماید و از این‌رو، در ارزیابی لاین‌های اینبرد و ژنوتیپ‌ها، از نظر ارزش ژنتیکی‌شان، انتخاب والدین مناسب برای تولید هیبرید و شناسایی ترکیب تلاقی‌های برتر مفید است (۲۳). ترکیب‌پذیری عمومی وضعیت متوسط والدین را در ترکیبات هیبریدی آن اندازه می‌گیرد، در حالی که

است از فاصله عمودی هر ژنوتیپ از محور افقی (محور قرمز) (۳۲). این شاخص، تمایل هر ژنوتیپ را به تولید هیبرید با ژنوتیپ‌های دیگر و آثار غیرافزایشی ژن‌ها را نشان می‌دهد. هر چه فاصله عمودی هر ژنوتیپ از محور افقی (محور قرمز) بیش‌تر باشد نشان‌دهنده ترکیب‌پذیری خصوصی بیش‌تر و تمایل بیش‌تر آن ژنوتیپ برای تولید هیبرید بهتر می‌باشد. از نمودار چند وجهی روش بای‌پلات، به منظور شناسایی بهترین دورگ استفاده می‌شود (۳۲). ژنوتیپ‌هایی که در رأس‌های چندضلعی قرار گرفته‌اند، بهترین ترکیب شونده‌ها با آزمون‌گرهای بخش خودشان و ضعیف‌ترین ترکیب‌شونده‌ها با آزمون‌گرهای سایر بخش‌ها هستند. ژنوتیپ‌هایی که در نزدیک مبدا قرار می‌گیرند، ترکیب‌پذیری خصوصی ضعیفی با تمام آزمون‌گرها دارند. ژنوتیپ و آزمون‌گرهای هر بخش، بهترین ترکیبات هیبریدی و گروه‌های هتروتیک را تشکیل می‌دهند و در هر بخش، بهترین تلاقی هیبریدی بین ژنوتیپ رأس و آزمون‌گری است که در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد (۳۲).

مطالعه‌ای به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی گندم نان جهت تعیین والدین مناسب برای تلاقی‌ها و تولید واریته‌های جدید، انجام گرفت. براساس نتایج مشاهده شده، رقم احسان و لاین 19-83-N به‌ترتیب با دارا بودن بالاترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه و زیست توده برای افزایش این دو صفت مناسب هستند. واریانس افزایشی برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن صد دانه بیش‌تر از واریانس غالبیت بود (۲۹).

در بررسی نتایج حاصل از تلاقی دای‌آلل در گندم نان با استفاده از روش بای‌پلات، تفاوت معنی‌داری بین ارقام از نظر اکثر صفات گزارش شد. همچنین

ترکیب‌پذیری خصوصی وضعیت دو والد بخصوص را در هیبرید حاصله از تلاقی آن‌ها نشان می‌دهد. زمانی SCA وجود دارد که وضعیت هیبرید حاصل به‌طور نسبی بهتر یا بدتر از مورد انتظار بر اساس میانگین والدین آن می‌باشد. تجزیه گریفینگ بر اساس مواد گیاهی مورد استفاده در آزمایش به چهار روش انجام می‌گیرند: روش اول: والدین، F_1 تلاقی‌های اصلی و معکوس (تمامی P^2 ترکیب ممکن در تلاقی)، روش دوم: والدها و F_1 تلاقی‌های اصلی ($\frac{1}{2}P(P+1)$ ترکیب)، روش سوم: F_1 تلاقی‌های اصلی و معکوس ($P(P+1)$ ترکیب)، روش چهارم: فقط F_1 تلاقی‌های اصلی ($\frac{1}{2}P(P-1)$ ترکیب). هرکدام از روش‌های تجزیه فوق با دو مدل انجام می‌شوند: الف) مدل ۱ یا مدل ثابت: این مدل زمانی بکار می‌رود که والدین اختصاصی باشند، ب) مدل ۲ یا مدل تصادفی: زمانی بکار می‌رود که والدین از یک جامعه به‌طور تصادفی انتخاب شوند. تحلیل و استنباط نتایج حاصل از تجزیه دای‌آلل با استفاده از روش گریفینگ بدون کمک گرفتن از نمودار بسیار پیچیده و مشکل است (۶).

اخیراً یان و هانت (۲۰۰۲) با استفاده از ویژگی‌های گرافیکی بای‌پلات و روش چند متغیره تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، روش نوین بای‌پلات را برای تجزیه و تحلیل داده‌های دای‌آلل معرفی کردند (۳۲). این روش، توانایی تحلیل و تجزیه واریانس فنوتیپی، به‌منظور برآورد و تشریح ترکیب‌پذیری‌ها و ارتباط بین والدین را براساس نمایش گرافیکی توسعه داده است. همچنین، با استفاده از روش بای‌پلات می‌توان قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی را به جای تلاقی‌ها، برای هر یک از والدین برآورد نمود. قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی در روش بای‌پلات، عبارت

1. General combining ability
2. Specific combining ability

مطالعه‌ای به برآورد پارامترهای ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد گندم دوروم دیم با استفاده از تلاقی دای‌آل پرداختند. نتایج تجزیه واریانس نشان‌دهنده وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها بود. اثر ترکیب‌پذیری عمومی برای تمام صفات مورد مطالعه به جز وزن صد دانه معنی‌دار بود. اثر ترکیب‌پذیری خصوصی، اثرات معکوس و غیر مادری برای صفات عملکرد دانه، وزن صد دانه و مساحت برگ پرچم معنی‌دار بود. همچنین، نتایج نشان داد که ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه، وزن صد دانه و مساحت برگ پرچم از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار بود و اثرات غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل آن‌ها سهم بیشتری داشت (۲۶). در پژوهشی به مطالعه ساختار ژنتیکی عملکرد دانه گندم در شرایط تنش و غیرتنش از طرح تلاقی نیمه دای‌آل برای مطالعه ساختار ژنتیکی عملکرد دانه گندم استفاده شد. از تجزیه بای‌پلات داده‌های دای‌آل برای نمایش GCA و SCA والد‌ها، تعیین گروه‌های هتروژنیک و بهترین تلاقی‌ها استفاده گردید (۲۱). در پژوهشی به منظور ارزیابی روابط بین صفات و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر گندم نان از بای‌پلات استفاده شد (۲۴). در مطالعه‌ای با ارزیابی ۲۳ ژنوتیپ گندم دوروم، اظهار داشتند که روش بای‌پلات نسبت به روش رگرسیون به دلیل ارائه اطلاعات بیشتر ابزار مناسب‌تری برای مطالعه و تفسیر برهم‌کنش‌های ژنوتیپ در محیط است (۱۸). در تحقیقی دیگر، برای ارزیابی تجزیه‌پذیری پاییداری ژنوتیپ‌های گندم دوروم و یک رقم گندم نانه عنوان شاهد، از روش بای‌پلات بهره گرفتند (۲۲). در مطالعه حاضر از روش تجزیه گرافیکی بای‌پلات استفاده گردیده تا نحوه کنترل ژنتیکی صفات، درجه ترکیب‌پذیری والدین و تلاقی‌ها، توارث‌پذیری در نتایج تلاقی‌های دای‌آل در گندم مورد تحلیل قرار گیرد. اهداف مهم در پژوهش حاضر، عبارتند از: (۱)

میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی برای تمامی صفات به جز ارتفاع بوته، طول میانگره دوم و قطر ساقه معنی‌دار بود. بر اساس نتایج حاصل از بای‌پلات داده‌های دای‌آل 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 بقیه لاین‌ها بودند (۴). بررسی ژنتیکی گندم نان با استفاده از تلاقی دای‌آل بیان داشت که اثرات افزایشی و غالبیت به‌طور معنی‌داری در کنترل وزن خشک گیاهچه و طول گیاهچه نقش داشته است، ولی قوه نامیه فقط تحت تأثیر اثرات افزایشی بوده است. وزن خشک گیاهچه، طول گیاهچه و قوه نامیه دارای وراثت‌پذیری عمومی بالا (به ترتیب ۰/۹۵، ۰/۹۱ و ۰/۸۴) شدند که وزن خشک گیاهچه و قوه نامیه دارای وراثت‌پذیری خصوصی پایین (به ترتیب ۰/۲۹ و ۰/۱۹) و طول گیاهچه دارای وراثت‌پذیری خصوصی متوسط (۰/۶۲) شدند. با توجه به وراثت‌پذیری خصوصی پایین و وجود اپیستازی در به‌نژادی برای بهبود بنیه اولیه گندم روش‌هایی نظیر بالک، بالک تک بذر و دابل هاپلوئیدی پیشنهاد شد (۲۰). بررسی تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری و ارتباط بین عملکرد دانه و صفات مرتبط با عملکرد در هجده ژنوتیپ گندم در شرایط دیم طی آزمایشی بررسی شد. در این تحقیق بیان شد ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی لاین‌های مورد مطالعه از نظر صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده و تعداد دانه در سنبله نسبتاً پایین و برای صفات طول پدانکل، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن سنبله و طول سنبله بالا می‌باشد. وراثت‌پذیری همراه با بهره ژنتیکی بالا برای صفات طول پدانکل، طول سنبله، تعداد سنبله در مترمربع و وزن سنبله نشان داد گزینش برای این صفات می‌تواند موثر باشد (۲۵). در

منظور شناسایی بهترین ترکیب در مطالعات آینده.

برآورد قدرت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و محاسبه میزان هتروزیس ارقام گندم تجاری ایرانی به منظور شناسایی بهترین والدین مناسب برای تلاقی‌ها و تولید واریته‌های جدید (۲) آگاهی یافتن از نحوه کنترل ژنتیکی به‌ویژه توارث‌پذیری خصوصی در مورد عملکرد دانه و سایر صفات مهم زراعی به منظور اتخاذ کارآترین روش اصلاحی برای بهبود ژنتیکی میانگین جوامع. (۳) تجزیه گرافیکی والدین تلاقی‌های دای‌آل با استفاده از بای‌پلات برای گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای نحوه ترکیب‌پذیری و فواصل ژنتیکی به

مواد و روش‌ها

بذور ۱۰ رقم گندم نان شامل کلاته، برات، بهاران، مهرگان، احسان، مروارید، شوش، سیروان، گنبد و چمران ۲ که در نواحی جغرافیایی و آب و هوایی مختلف ایران مورد کشت قرار دارند، از مؤسسه اصلاح نهال و بذر کرج تهیه و پس از ضدعفونی در مزرعه تحقیقاتی شماره یک دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان کشت گردید (جدول ۱).

جدول ۱- نام، شجره و مشخصات اقلیمی ارقام گندم مورد مطالعه در تجزیه گرافیکی دای‌آل.

Table 1- The name, pedigree and climatic characteristics of wheat cultivars studied in graphic analysis of diallel.

نام ارقام The name) (cultivars	شجره (pedigree)	اقلیم (Climate)
کلاته (Kalateh)	MILAN/S87230//BABAX	گرم و مرطوب شمال (Warm and humid north)
برات (Barat)	SLVS*/PASTOR	گرم و خشک جنوب (Hot and dry south)
بهاران (Baharan)	KAUZ/PASTOR//PBW343	معتدل (Mild)
مهرگان (Mehrgan)	ROTSAP*2/3/NCB*4//ZUAKS/SISAO	گرم و خشک جنوب (Hot and dry south)
احسان (Ehsan)	SABUF/7//ALTAR 84/AE.SQUARROSA (224)//YACO/6/CROC_1/AE.SQUARROSA (205)/5/ BR12*3/4/IAS55*4/CI14123/3/IAS55*4/EG,AUS//IAS55*4/ALD	گرم و مرطوب شمال (Warm and humid north)
مروارید (Morvarid)	Milan/Shaf7	گرم و مرطوب شمال (Warm and humid north)
شوش (Shosh)	CBRD-3//STORK × DICOCOIDES	گرم و خشک جنوب (Hot and dry south)
سیروان (Sirvan)	PASTOR*2//PRL	معتدل (Mild)
گنبد (Gonbad)	ATRAK/WANG-SHUI-BAI	گرم و مرطوب شمال (Warm and humid north)
چمران ۲ (Chamran2)	Attila 50y//Attila/Bacanora	گرم و خشک جنوب (Hot and dry south)

سال پس از ضدعفونی همراه با بذور والدین به عنوان ۱۰۰ ژنوتیپ در قالب طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردید. به دلیل اینکه کاشت ۱۰۰ ژنوتیپ والد و نتاج گندم نان در یک

در بهار سال ۱۳۹۷ کلیه تلاقی‌های دای‌آل به صورت مستقیم و معکوس بین ۱۰ رقم گندم به‌عنوان والدین انجام گرفت. بذور تلاقی‌های F1 (۹۰ تلاقی) تولید شده در تابستان برداشت شد و در پاییز همان

برآورد گردیدند. وراثت‌پذیری عمومی (h_B^2) و خصوصی (h_N^2) به ترتیب با استفاده از روابط ۱ و ۲ محاسبه شدند (۳۰):

$$h_B^2 = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_E^2} \quad \text{رابطه ۱:}$$

$$h_N^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_E^2} \quad \text{رابطه ۲:}$$

برای محاسبه واریانس افزایشی، غالبیت و درجه غالبیت به ترتیب با استفاده از روابط شماره ۳، ۴ و ۵ استفاده شد (۱۱).

$$\sigma_A^2 = \frac{4}{1+F} \sigma_{GCA}^2 = 2\sigma_{GCA}^2 \quad \text{رابطه ۴:}$$

$$\sigma_D^2 = \frac{4}{(1+F)^2} \sigma_{SCA}^2 = \sigma_{SCA}^2 \quad \text{رابطه ۵:}$$

$$\text{رابطه ۶:} \quad \text{درجه غالبیت} = \sqrt{\frac{2\sigma_D^2}{\sigma_A^2}}$$

که در آن σ_{GCA}^2 و σ_{SCA}^2 به ترتیب جزء متشکله واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و F ضریب خویش‌آمیزی است. در این مطالعه به علت استفاده از جمعیت F_1 مقدار ضریب ناشی از خویش‌آمیزی یک در نظر گرفته شد. همچنین در این مطالعه از شاخص نسبت ژنتیکی (Baker Genetic Ratio) استفاده شد که از طریق رابطه شماره ۷ محاسبه می‌شود (۳).

$$\text{رابطه ۷:} \quad \text{Baker Genetic Ratio} = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2}$$

از فاکتور نسبت ژنتیکی به عنوان معیاری در جهت مقایسه اهمیت نسبی واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (σ_{GCA}^2) نسبت به واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (σ_{SCA}^2) استفاده شده است. به طوری که هرچقدر میزان نسبت ژنتیکی به عدد یک نزدیک‌تر باشد، بیان‌گر اهمیت بیش‌تر اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی

بلوک کامل به دلایل طولانی شدن طول یک بلوک و افزایش غیریکنواختی خاک، منجر به اختلاط بین اثر تیمار و غیر یکنواختی خاک می‌شود و با توجه به کوتاه بودن عرض بلوک برای ایجاد یکنواختی، بلوک کامل به دو قسمت تقسیم شد و در زیر یکدیگر قرار داده شدند تا یکنواختی برای کل بلوک شامل ۱۰۰ ژنوتیپ، فراهم گردد. هر بلوک شامل سه خط کشت دومتری که خط کشت وسطی، والد مادری بذور F_1 بود که فاصله هر خط از هم، ۲۰ سانتی‌متر بود که بذور روی هر ردیف با فاصله پنج سانتی‌متر کشت شدند. کود فسفات آمونیوم به میزان ۳۰۰ کیلوگرم در هکتار قبل از کاشت و کود اوره به میزان ۳۰۰ کیلوگرم در هکتار به صورت یک سوم قبل از کاشت و دو سوم به صورت سرک در مرحله ۲ تا ۳ برگی اعمال گردید. پس از رسیدگی کامل، اندازه‌گیری صفات عملکرد دانه (میانگین پنج بوته برحسب گرم)، ارتفاع بوته (میانگین ارتفاع پنج بوته بدون احتساب ریشک‌ها برحسب سانتی‌متر)، طول سنبله (میانگین طول پنج سنبله برحسب سانتی‌متر)، وزن سنبله (میانگین وزن پنج سنبله برحسب گرم)، وزن هزاردانه (میانگین وزن هزاردانه برحسب گرم) و تعداد دانه در سنبله (میانگین تعداد دانه از پنج سنبله) در بهار ۱۳۹۸ انجام گرفت. پس از جمع‌آوری داده‌ها، ابتدا داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات مورد نظر، مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند و سپس با معنی‌دار بودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه واریانس دای‌آل بر اساس روش اول گریفینگ، با استفاده از برنامه DIALLEL-SAS (۳۵) انجام گردید. مجموع مربعات ژنوتیپ‌ها به اجزای ترکیب‌پذیری عمومی، خصوصی و تلاقی‌های متقابل تفکیک شدند. تلاقی‌های متقابل نیز به اجزای اثرات مادری تفکیک گردید. واریانس‌های افزایشی و غالبیت با استفاده از واریانس‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی

یک هیبرید F_1 است. این روش آماری با جزئیات توسط یان و همکاران (۲۰۰۲) و یان و کانگ (۲۰۰۳) توصیف شده است (۳۲، ۳۳). به منظور رسم گرافیک بای پلات از نرم افزار GGE biplot استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس دای آلل: با توجه به جدول ۲، معنی دار بودن والدین و تلاقی‌های حاصل از آنها، بیانگر وجود تنوع و فاصله ژنتیکی لازم بین آنها و تاییدی بر تناسب والدین برای انجام تلاقی بود. بدین ترتیب به لحاظ آماری انجام تجزیه و تحلیل دای آلل برای صفات اجزای عملکرد امکان‌پذیر و امکان تفکیک واریانس ژنتیکی به اجزای آن شامل واریانس‌های ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی فراهم شد. اثر ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک معنی‌دار بود، اما برای صفات وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله معنی‌دار نبود. همچنین، اثر ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار و برای صفات وزن سنبله و وزن هزاردانه معنی‌دار نبود (جدول ۲). در مطالعات دیگری که با استفاده از تجزیه دای آلل بر روی ارقام گندم نان ایرانی به انجام رسیده است وجود قدرت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار برای برخی از صفات گزارش شده است (۹، ۲۶). معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفات فوق، بیانگر اهمیت توأم اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه می‌باشد. تلاقی‌های متقابل برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه معنی‌دار بود. اثر مادری برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه معنی‌دار بود. وجود تفاوت معنی‌دار بین تلاقی‌های متقابل،

صفت مورد مطالعه می‌باشد. میزان انحراف نسبت ژنتیکی از عدد یک بیانگر نقش بیش تر اثرات غالبیت در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر می‌باشد.

میانگین هیبریدهای F_1 و والدین آنها برای تشکیل ماتریس دو طرفه ژنوتیپ \times محک و انجام تجزیه بای پلات مورد استفاده قرار گرفتند. در داده‌های تلاقی دای آلل، یک والد هم ژنوتیپ و هم محک محسوب می‌شود. ژنوتیپ عاملی است که اندازه‌گیری می‌شود و محک عاملی است که برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد. مدل مورد استفاده برای تجزیه بای پلات داده‌های دای آلل عبارت از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تصحیح شده بر اساس میانگین محک است:

رابطه (۱) $y_{ij} - \mu - \beta_i = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + e_{ij}$ که در آن y_{ij} مقدار مورد انتظار بین ژنوتیپ i و محک j است؛ μ میانگین کل؛ β_i اثر اصلی محرک i ؛ g_{i1} و e_{1j} به ترتیب اثرهای اولیه برای ژنوتیپ i و محک j ؛ g_{i2} و e_{2j} به ترتیب اثرهای ثانویه برای ژنوتیپ i و محک j ؛ e_{ij} عبارت از مقدار باقی‌مانده توجیه نشده به وسیله اثرهای اولیه و ثانویه است. یک بای پلات به وسیله رسم g_{i1} در مقابل g_{i2} و e_{1j} در مقابل e_{2j} در یک نمودار پراکنش ایجاد می‌شود. برای به کارگیری معادله فوق رایج‌ترین روش، استفاده از تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) است.

رابطه (۲)

$$Y_{ij} - \mu - \beta_i = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + e_{ij}$$
 که در آن λ_1 و λ_2 به ترتیب مقادیر منفرد اولین و دومین مؤلفه اصلی بزرگ (PC1 و PC2) هستند. ξ_{i1} و ξ_{i2} به ترتیب بردارهای ویژه ژنوتیپ i برای PC1 و PC2 و η_{1j} و η_{2j} به ترتیب بردارهای ویژه محک j برای PC1 و PC2 هستند. زمانی که $i=j$ نشان‌دهنده یک والد است و در غیر این صورت، $i \neq j$ ، نشان‌دهنده

1. Singular valued composition

غیرهسته‌ای به جز عوامل مادری نقش داشتند، حال آنکه در کنترل صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد تک بوته سایر عوامل غیرهسته‌ای به جز عوامل مادری نقش مهم‌تری ایفا می‌کردند.

نشان‌گر تفاوت بین تلاقی‌های مستقیم و معکوس است. با توجه به اینکه از بین صفات دارای اثرات معکوس معنی‌دار، فقط برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه، اثر مادری معنی‌دار بود. بنابراین، می‌توان گفت که در کنترل صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه عوامل مادری و سایر عوامل

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس دای‌آل برای عملکرد دانه و برخی دیگر از صفات در گندم نان.

Table 2- Results of diallel analysis of variance for seed yield and some other traits in bread wheat.

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی df.	ارتفاع بوته Plant height	طول سنبله Panicle length	وزن سنبله Panicle weight	تعداد دانه در سنبله No. of seeds per panicle	وزن هزاردانه Thousand weight	عملکرد تک‌بوته Single plant yield
تکرار (Replication)	2	12.88 ^{ns}	29.47 ^{**}	3.81 ^{**}	432.93 ^{**}	252.07 ^{**}	66.62 ^{**}
ژنوتیپ (Genotype)	99	95.89 ^{**}	2.78 ^{**}	0.86 ^{**}	180.19 ^{**}	51.80 ^{**}	10.66 ^{**}
ترکیب‌پذیری عمومی (GCA)	9	233.31 ^{**}	17.79 ^{**}	1.25 ^{ns}	432.32 ^{ns}	128.86 ^{**}	11.24 ^{**}
ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA)	45	99.64 ^{**}	1.75 ^{**}	0.64 ^{ns}	146.54 ^{**}	32.06 ^{ns}	7.93 ^{**}
تلاقی‌های متقابل (Reciprocal intersections)	45	64.65 ^{**}	0.81 ^{**}	1.02 ^{ns}	163.41 ^{**}	56.10 ^{**}	13.27 ^{ns}
اثر مادری (Maternal effect)	9	31.19 ^{ns}	0.53 ^{ns}	1.49 ^{ns}	248.13 ^{**}	137.39 ^{**}	27.79 ^{ns}
باقی‌مانده (Remaining)	36	73.02 ^{**}	2.72 ^{**}	0.88 ^{ns}	142.23 ^{**}	35.78 ^{ns}	9.64 ^{**}
خطا (Error)	198	17.93	0.32	0.19	48.04	7.06	3.18
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)		4.31	5.11	12.97	13.05	5.35	17.42

ns, * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

ns, * and **: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ترکیب‌پذیری عمومی و واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی استفاده شده است. هرچقدر نسبت ژنتیکی بیکر^۱ به عدد یک نزدیک‌تر باشد، بیان‌گر اهمیت بیش‌تر اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت مورد مطالعه می‌باشد. میزان انحراف فاکتور تشخیص از عدد یک بیان‌گر نقش بیش‌تر اثرات غالبیت، در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر می‌باشد. با توجه به بزرگی واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (۰/۷۱) به واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (۰/۴۸) و همچنین نزدیکی نسبت ژنتیکی بیکر به یک، سهم اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی طول سنبله بیش‌تر از اثرات غالبیت بود

برآورد پارامترهای ژنتیکی: در کنترل ژنتیکی صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک اثرات افزایشی و غیرافزایشی سهم بودند (جدول ۳). براساس نتایج موجود، برای صفت ارتفاع بوته، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه در بوته مقادیر واریانس غالبیت بیش‌تر از واریانس افزایشی برآورد شد. وجود کنترل ژنتیکی از نوع غیرافزایشی برای عملکرد دانه و اجزای آن پیش از این نیز در تحقیقات ژنوتیپ‌های گندم ایرانی گزارش شده است (۵، ۱۰، ۲۶). در این مطالعه از نسبت ژنتیکی بیکر به عنوان معیاری در جهت مقایسه اهمیت نسبی واریانس

عمل فوق غالبیت ژن‌ها در کنترل ارتفاع، وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه در گندم نان گزارش شده است (۵، ۸، ۲۶). درجه غالبیت کم‌تر از یک برای صفت طول سنبله نشان‌دهنده غالبیت نسبی ژن‌های کنترل‌کننده آن بود (جدول ۳). در مطالعه‌ای نیز با انجام تلاقی دای‌آلل بین ارقام و ژنوتیپ‌های گندم نان، وجود غالبیت نسبی را در کنترل ژنتیکی طول سنبله گزارش نمودند (۱۹).

(جدول ۳). مقادیر پایین نسبت ژنتیکی بیکر برای دیگر صفات مورد مطالعه، بیان‌گر نقش بیش‌تر اثرات غیرافزایشی (از جمله غالبیت) در واریانس ژنتیکی این صفات است. این نتیجه می‌تواند گویای وجود ایستازی تکمیلی و یا لینکاژ از نوع جذب بین ژن‌های کنترل‌کننده این صفات باشد. درجه غالبیت بزرگ‌تر از واحد برای ارتفاع بوته، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه در بوته بیانگر وجود فوق غالبیت برای این صفات می‌باشد. وجود

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی حاصل از تجزیه دای‌آلل برای عملکرد دانه و برخی از صفات مهم در گندم نان.

Table 3- Genetic parameters obtained from diallel analysis for seed yield and some important traits in bread wheat.

منابع تغییرات با پارامترهای ژنتیکی (Genetic parameters)	ارتفاع بوته (گرم) Plant height (cm)	طول سنبله (سانتی‌متر) Panicle length (cm)	وزن سنبله (گرم) Panicle weight (g)	تعداد دانه در سنبله No. of seeds per panicle	وزن هزاردانه (گرم) Thousand weight (g)	عملکرد دانه (گرم در بوته) Single plant yield (g/plant)
واریانس غالبیت (Dominant variance)	14.96	0.26	0.08	18.04	4.57	0.86
واریانس افزایشی (Additive variance)	4.48	0.54	0.02	9.56	3.22	0.10
نسبت ژنتیکی بیکر (Baker Genetic ratio)	0.23	0.67	0.2	0.34	0.41	0.10
درجه متوسط غالبیت (Average degree of dominance)	2.58	0.98	2.82	1.94	1.68	4.14
وراثت‌پذیری خصوصی (Narrow-sense heritability)	0.14	0.48	0.07	0.12	0.21	0.02
وراثت‌پذیری عمومی (Broad-sense heritability)	0.60	0.71	0.35	0.36	0.52	0.23

به جای هر دوی آن‌ها جایگزین شد، که با اثرگذاری‌های GCA و SCA اختلاط نداشته باشد. در تجزیه بای‌پلات به راحتی می‌توان وضعیت ژنوتیپ‌ها را از نظر میزان اثرات GCA و SCA مشاهده کرد و به سرعت تشخیص داد کدام ژنوتیپ‌ها برای تلاقی با هم مناسب‌ترند (۳۳). در نمودار دو بعدی بای‌پلات، حروف کوچک موقعیت ارقام یا لاین‌ها و حروف بزرگ موقعیت آزمون‌گرها را نشان می‌دهند. لازم به ذکر است که در این روش هر ژنوتیپ یا والد هم به‌عنوان لاین و هم به‌عنوان تستر در نظر گرفته می‌شود (۳۲). موقعیت میانگین آزمون‌گرهای متوسط

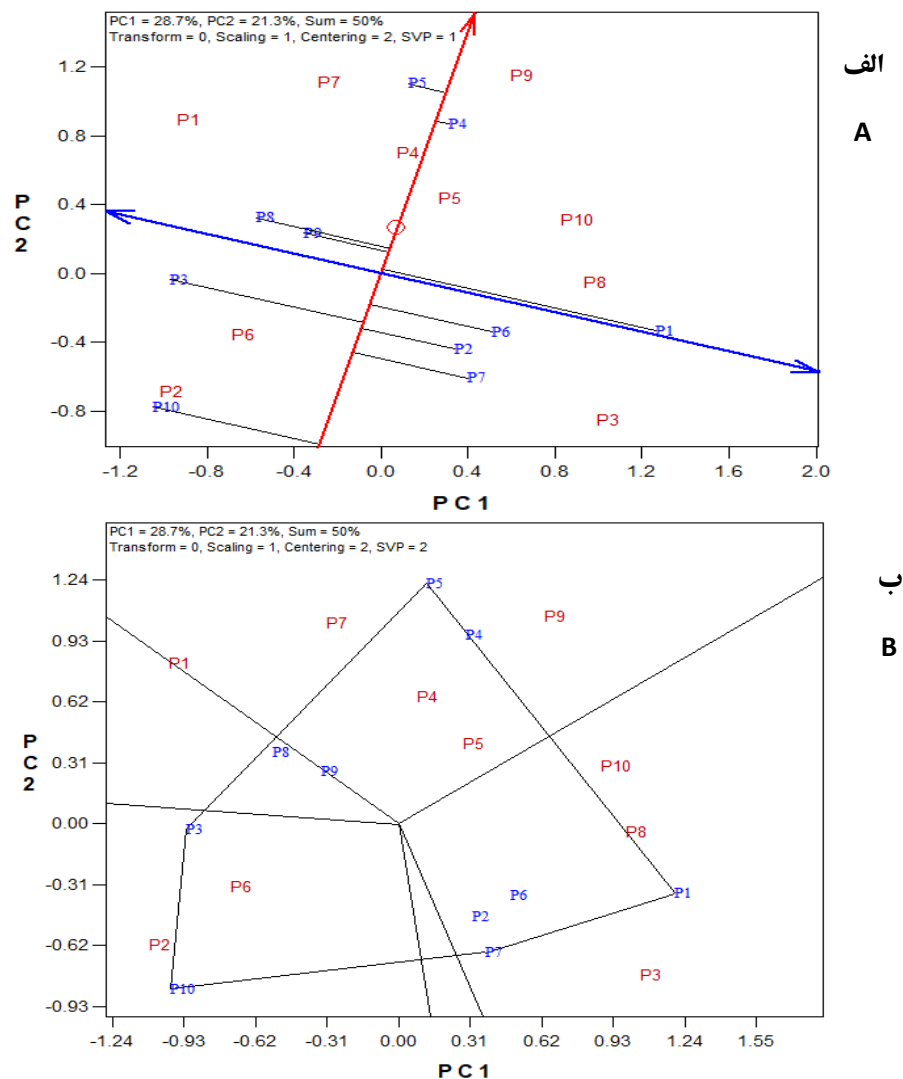
تجزیه بای‌پلات آزمایش دای‌آلل: گزارش‌های متعددی مبنی بر کاربرد روش بای‌پلات برای تجزیه داده‌های دای‌آلل در گیاهان مختلف وجود دارد که از هر والد هم به‌عنوان ژنوتیپ (۳۴). بر اساس مختصات آزمون‌گر متوسط، فاصله افقی هر ژنوتیپ (ژنوتیپ‌های با رنگ آبی و حرف کوچک) از محور مختصات آزمون‌گر متوسط (محور آبی) و در جهت فلش محور افقی (محور قرمز) بیان‌گر مقدار مثبت قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) است. شایان ذکر است که تجزیه مورد نظر با حذف اثرگذاری‌های مادری بود، یعنی میانگین تلاقی‌های رفت و برگشت

به صورت کلاته < بهاران > چمران ۲ < سیروان > مروارید < شوش > برات < گنبد > احسان < مهرگان > بود (شکل ۱-الف). به این ترتیب ارقام کلاته و بهاران که دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالاتری نسبت به بقیه ارقام والدی می‌باشند، می‌توانند به‌عنوان والد مناسب تلاقی‌ها منظور گردند. در این اشکال محور میانگین آزمون‌گرهای متوسط معیاری جهت تقسیم‌بندی لاین‌ها به گروه‌های هترو تیک می‌باشد. والد‌های هر طرف این خط داخل یک گروه قرار می‌گیرند. به این ترتیب دو گروه هترو تیک وجود دارد. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های کلاته، برات، شوش، مهرگان، مروارید و گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های گنبد، احسان، چمران ۲، سیروان، بهاران می‌باشند. بهترین آزمون‌گر متوسط اولاً باید بتواند ژنوتیپ‌ها را بهتر از هم تمیز دهد، ثانیاً باید دارای عملکرد خوبی نیز باشد. بر این اساس ژنوتیپی به عنوان بهترین آزمون‌گرهای متوسط شناخته می‌شود که نزدیک به میانگین آزمون‌گرهای متوسط و متمایل به انتهای مثبت محور میانگین آزمون‌گرهای متوسط قرار گرفته باشد. با توجه به شکل ۱-الف رقم مهرگان به عنوان بهترین آزمون‌گر متوسط معرفی می‌شود. نمایش چند وجهی نمودار دو بعدی (شکل ۱-ب) روش بسیار مناسبی برای بررسی الگوها و تفسیر اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و آزمون‌گرهای متوسط می‌باشد. این چند وجهی از طریق وصل کردن ژنوتیپ‌هایی حاصل می‌شود که بیش‌ترین فاصله را از مبدأ مختصات دارند به طوری 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 والد و هر آزمون‌گر متوسط ناگزیر داخل یکی از این بخش‌ها قرار می‌گیرد. ویژگی جالب توجه این چند وجهی این است که هر آزمون‌گر متوسط در همان بخشی قرار

با دایره نشان داده شده است. نتایج حاصل از بای پلات نشان داد که تغییرات توجیه شده توسط مجموع دو مولفه‌های اصلی اول و دوم ۵۰ درصد می‌باشد، این نشان می‌دهد که عواملی غیر از اثرات افزایشی و غالبیت مثل سیتوپلاسمی و یا اشتباهات آزمایشی و خطای نمونه برداری بر رابطه والد نتاج اثر دارند. این درصد به نسبت متوسط نشان‌دهنده پیچیدگی رابطه‌های بین صفات اندازه‌گیری است. الگوها و رابطه‌های اساسی بین صفات با ترسیم نمودار دووجهی مشخص می‌شود (۷). ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین آزمون‌گرهای متوسط تعیین می‌شود. بدین منظور از مبدأ مختصات خطی به میانگین آزمون‌گرهای متوسط وصل و به دو طرف ادامه می‌یابد تا دیواره‌های نمودار را قطع کند، که این خط را بردار میانگین آزمون‌گرهای متوسط می‌نامند. ژنوتیپ‌هایی که در انتهای مثبت آن هستند دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی هستند و برعکس. بنابراین ترتیب والدین در این تحقیق، از نظر ترکیب‌پذیری عمومی به این صورت می‌باشد: احسان < مهرگان > سیروان < گنبد > کلاته < مروارید > بهاران < برات > شوش < چمران ۲ > (شکل ۱-الف). ژنوتیپ‌های احسان و مهرگان که دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت هستند، دارای ژن‌های با اثر افزایشی و ارتقاءدهنده عملکرد دانه بعنوان یک صفت مهم اصلاحی در گندم هستند. فاصله هر لاین از بردار میانگین آزمون‌گرهای متوسط، ترکیب‌پذیری خصوصی آن را تخمین می‌زند. این شاخص تمایل هر والد را به تولید هیبرید بهتر با والدین دیگر نشان می‌دهد. بنابراین، والدینی که کم‌ترین فاصله را دارند دارای ترکیب‌پذیری خصوصی کم‌تر و والدینی که فاصله بیش‌تری دارند دارای ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی هستند (۳۳). ترتیب والدین در این تحقیق، از نظر ترکیب‌پذیری خصوصی

قرار می‌گیرند، ترکیب‌پذیری ضعیفی با تمام آزمون‌گرهای متوسط دارند و به عوض شدن آزمون‌گر متوسط واکنش زیادی نشان نمی‌دهند. میزان ترکیب‌پذیری خصوصی والدین و بهترین ترکیب برای ژنوتیپ - آزمون‌گر متوسط برای صفت عملکرد دانه، با استفاده از نمودار دووجهی نشان داده شد. ژنوتیپ‌های کلاته، احسان، بهاران، چمران ۲ و شوش با قرار گرفتن در رأس ضلع‌های نمودار چند ضلعی، سه بخش مختلف را به وجود آوردند (شکل ۱-ب).

می‌گیرد که بهترین والدین ترکیب شونده با آن قرار گرفته‌اند. در بین ژنوتیپ‌هایی که در یک بخش واقع می‌شوند، بهترین ژنوتیپ ترکیب شونده با آزمون‌گرهای متوسط آن بخش ژنوتیپی است که در رأس چند وجهی در همان بخش قرار گرفته است. والدیهایی که در گوشه‌های چند وجهی قرار گرفته‌اند بهترین ترکیب شونده‌ها با آزمون‌گرهای متوسط بخش خودشان و ضعیف‌ترین ترکیب شونده با آزمون‌گرهای متوسط سایر بخش‌ها هستند. والدیهایی که نزدیک مبدأ



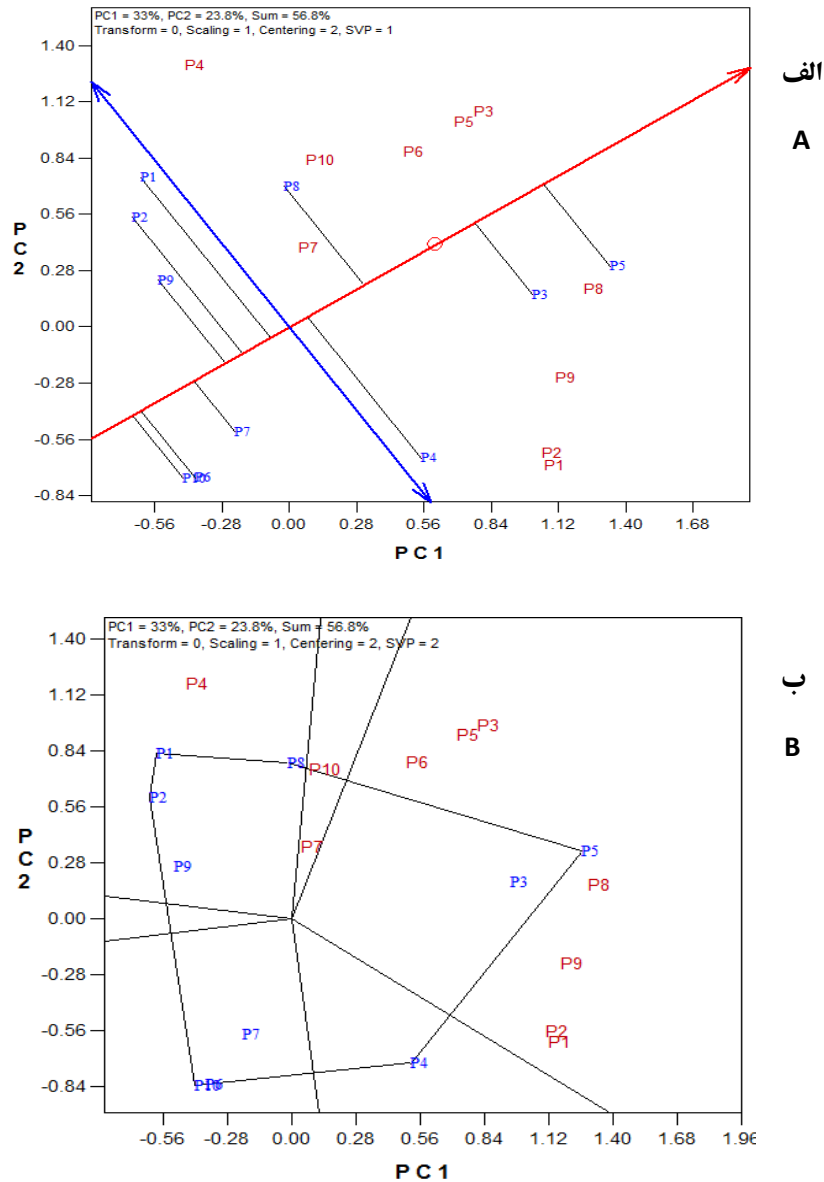
شکل ۱- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آل جهت عملکرد تک بوته گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

Figure 1- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) and polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat single plant yield (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.

تصاویر را روی محور عمودی ATC داشتند. شوش و گنبد از کم‌ترین میزان SCA برخوردار بودند (شکل ۲-الف). با توجه به شکل ۲-الف ژنوتیپ یا آزمون‌گر متوسط مروارید به عنوان بهترین ترکیب شنوده عمومی معرفی می‌شود. ژنوتیپ‌های رئوس چند ضلعی برای صفت وزن هزاردانه، شامل ژنوتیپ‌های کلاته، سیروان، کلاته، مهرگان و چمران ۲ بودند (شکل ۲-ب). این ژنوتیپ‌ها بالاترین پاسخ را در ترکیب با سایر ژنوتیپ‌ها داده‌اند. بدین معنی که بهترین یا بدترین والدین از لحاظ مقدار در تلاقی با سایر ژنوتیپ‌ها بودند. با توجه به شکل ۲-ب هیچ آزمون‌گر متوسطی در ناحیه انتری مهرگان و چمران ۲ قرار نگرفته است که نشان می‌دهد والد مهرگان و چمران ۲ والد مادری خوبی در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط نبوده و هیچ وقت آزمون‌گرهای متوسط مهرگان و چمران ۲ به ترتیب در ناحیه انتری مهرگان و چمران ۲ قرار نمی‌گیرند، زیرا ترکیب حاصل از خودگشنی مهرگان و چمران ۲ هموزن و هموزیگوت است، در نتیجه فاقد هتروزیس است. آزمون‌گرهای متوسط کلاته، برات، بهاران، مروارید، چمران ۲، شوش، سیروان و گنبد در ناحیه انتری احسان قرار گرفته‌اند، که نشان می‌دهد انتری احسان والد مادری مناسبی در تلاقی با این آزمون‌گرهای متوسط می‌باشد و دورگ‌های حاصل از آن‌ها دارای هتروزیس نسبتاً بالایی می‌باشد. بنابراین، انتری احسان می‌تواند به عنوان بهترین والد مادری در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط باشد چون تعداد بیش‌تری آزمون‌گر متوسط در ناحیه آن قرار گرفته است. انتری کلاته و سیروان والد مادری مناسبی در تلاقی با ژنوتیپ مهرگان می‌باشد.

برای صفت عملکرد دانه والد احسان بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را با آزمون‌گرهای متوسط گنبد، شوش و کلاته داشتند. همچنین، والد کلاته نیز بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را با آزمون‌گرهای متوسط سیروان، بهاران و چمران ۲ داشتند. همچنین، والدهای چمران ۲ و بهاران، بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را با آزمون‌گر متوسط برات داشتند.

نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات برای صفت وزن هزاردانه نشان داد که دو مؤلفه اصلی اول به ترتیب ۳۳ و ۲۳/۸ درصد و در مجموع ۵۶/۸ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند. والدین احسان، بهاران، سیروان و مهرگان دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی برای افزایش وزن هزاردانه بودند (شکل ۲-الف). از آنجایی که بای‌پلات حاوی GCA و SCA است و به دلیل این که محور افقی ATC^۱ اثرهای GCA والدین را نشان می‌دهد، بنابراین، محور عمودی ATC که نسبت به اثرهای GCA اورتوگونال (مستقل) است، اطلاعاتی در مورد SCA ژنوتیپ‌ها (والدین) فراهم می‌کند. تصاویر ژنوتیپ‌ها بر روی محور عمودی ATC اثرات SCA والدین را برآورد می‌کند که نشان دهنده گرایش والدین به تولید هیبریدهای برتر با آزمون‌گرهای متوسط خاص است. آزمون‌گرهای متوسط هم در بالای محور افقی ATC (بهاران، کلاته، مروارید، چمران ۲، شوش و مهرگان) و هم در پایین محور افقی (سیروان، گنبد، برات و کلاته) قرار داشتند. بنابراین، تصویر بزرگ‌تر ژنوتیپ‌ها بر روی محور عمودی ATC در هر دو جهت به مفهوم برخورداری آن‌ها از اثرهای SCA بزرگ‌تر است. ژنوتیپ‌های کلاته و برات از یک سمت و مهرگان و احسان از سوی دیگر بزرگ‌ترین اثرهای SCA یا بلندترین



شکل ۲- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آل جهت وزن هزارانه گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

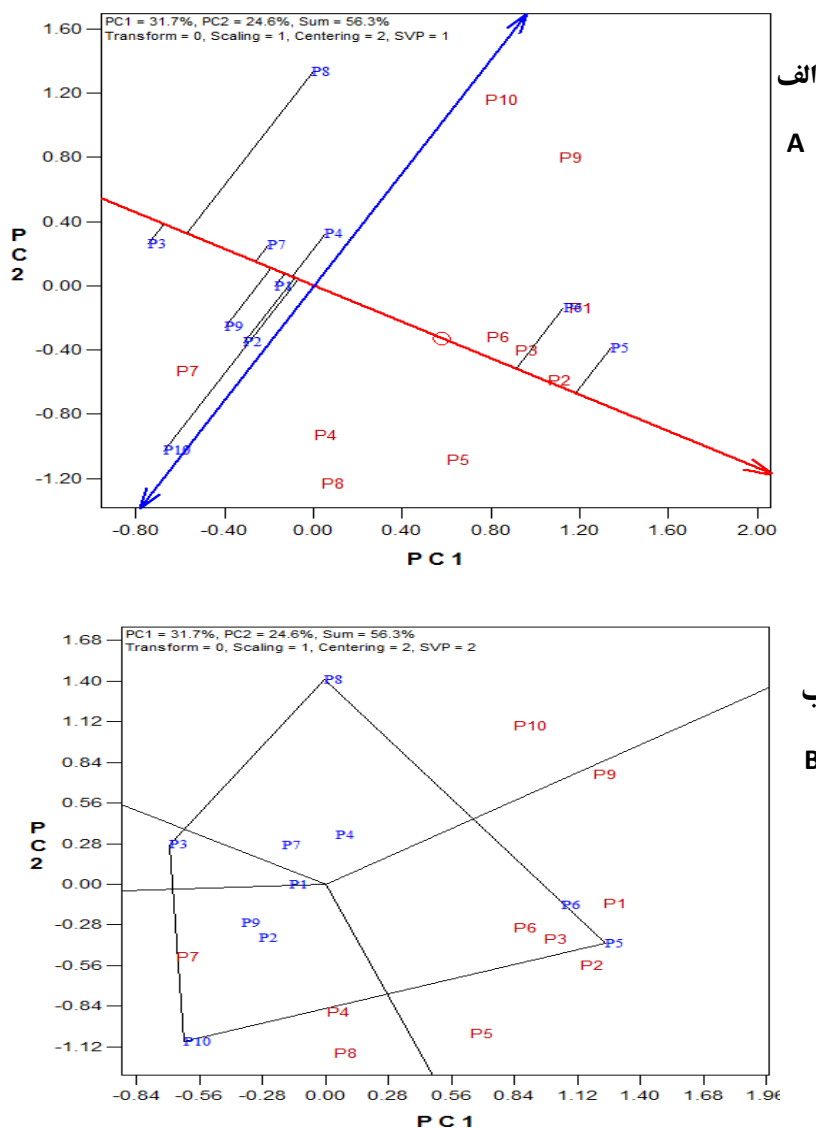
Figure 2- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) and polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat Thousand weight (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.

دارای کم‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (منفی) بودند. ژنوتیپ‌های چمران ۲ و سیروان بزرگترین اثرهای SCA یا بلندترین تصاویر را روی محور عمودی ATC داشتند. کلاته و بهاران از کم‌ترین میزان SCA برخوردار بودند. آزمون‌گر متوسط برات به عنوان بهترین آزمون‌گر متوسط معرفی می‌شود (شکل ۳- الف). ژنوتیپ‌های رئوس چند ضلعی برای صفت

براساس نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات برای صفت ارتفاع بوته، دو مؤلفه اصلی اول به ترتیب ۳۱/۷ و ۲۴/۶ درصد تغییرات و در مجموع دو مؤلفه اول ۵۶/۸ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. والدین احسان، مروارید دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (مثبت) و والدین چمران ۲، برات، مهرگان، کلاته، گنبد، شوش، سیروان و بهاران

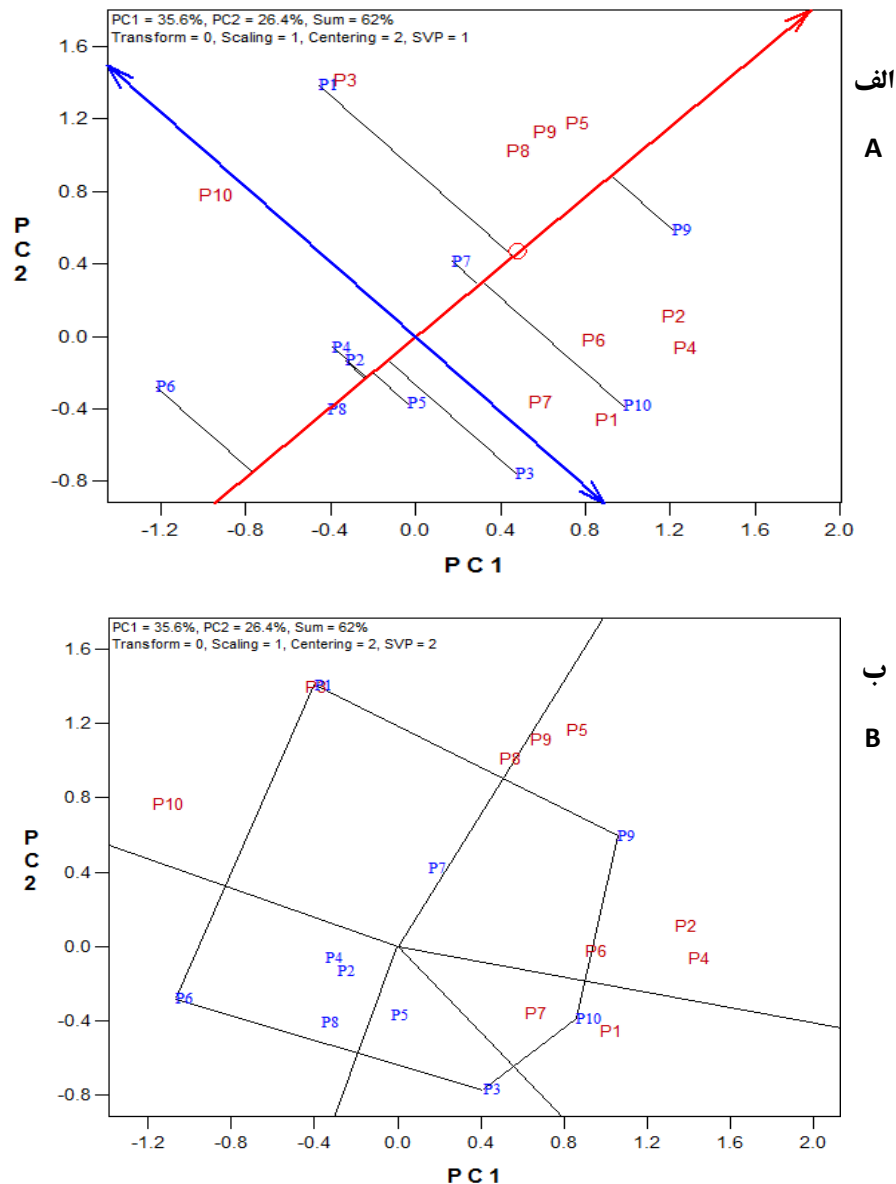
ناحیه انتری چمران ۲ قرار گرفته‌اند، که نشان می‌دهد انتری چمران ۲ والد مادری مناسبی در تلاقی با این آزمون‌گرهای متوسط می‌باشد. انتری سیروان والد مادری مناسبی در تلاقی با ژنوتیپ چمران ۲ می‌باشد.

ارتفاع بوته، شامل ژنوتیپ‌های احسان، سیروان، بهاران و چمران ۲ بودند که احسان والد مادری مناسبی در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط کلاته، برات، بهاران، مروارید و گنبد بوده است (شکل ۳-ب). آزمون‌گرهای متوسط سیروان، مهرگان و شوش در



شکل ۳- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آلل جهت ارتفاع بوته گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

Figure 3- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat Plant height (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.



شکل ۴- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آلل جهت تعداد دانه در سنبله گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

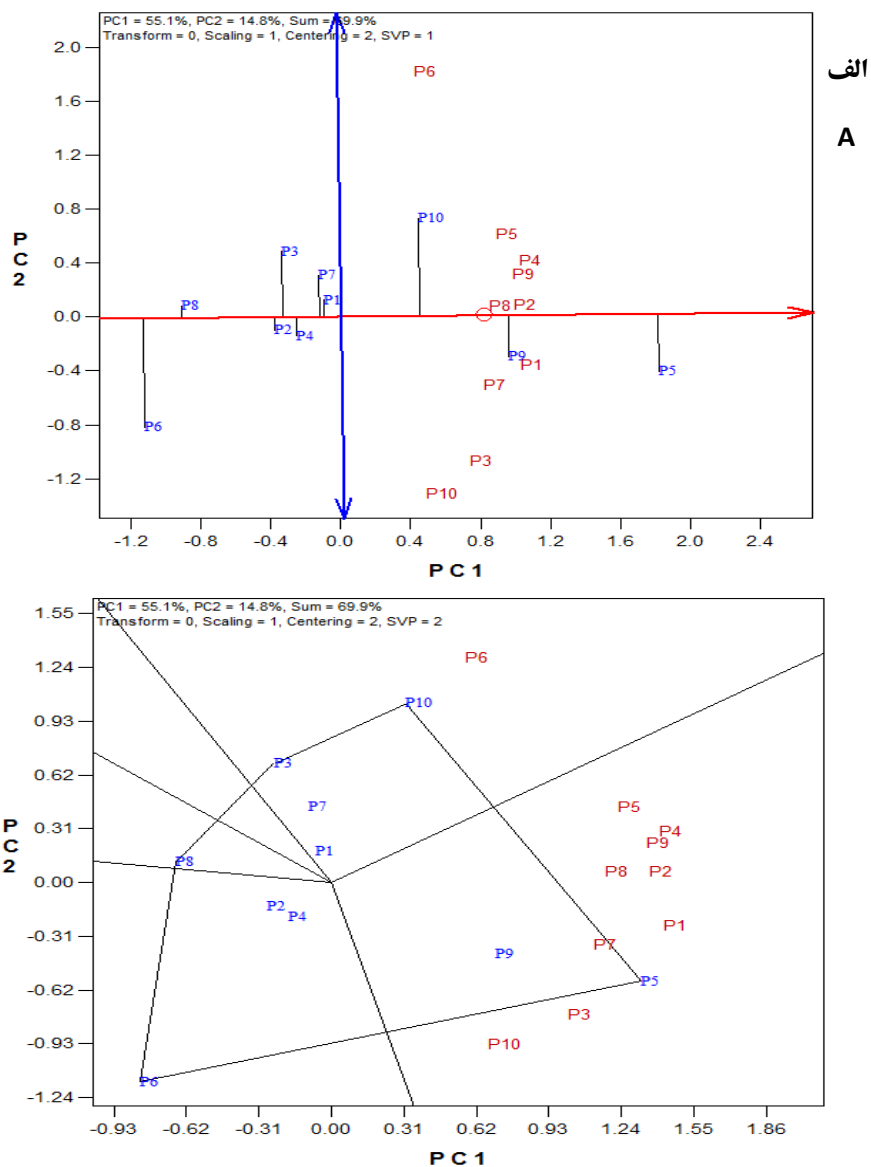
Figure 4- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) and polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat No. of seeds per panicle (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.

ترکیب‌پذیری عمومی (منفی) به ترتیب شامل ژنوتیپ‌های مروارید، سیروان، برات، مهرگان، احسان و بهاران بود. ژنوتیپ‌های کلاته و چمران ۲ بزرگترین اثرهای ترکیب‌پذیری خصوصی را روی محور عمودی ATC داشتند. سیروان و برات از کم‌ترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی برخوردار بودند.

براساس شکل ۴- الف دو مؤلفه اصلی اول به ترتیب ۳۵/۶ و ۲۶/۴ درصد تغییرات و در مجموع دو مؤلفه اول ۶۲ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. برای صفت تعداد دانه در سنبله، گنبد، کلاته، چمران ۲ و شوش بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (مثبت) را داشتند. همچنین، کم‌ترین میزان

مهرگان، برات، احسان، سیروان را داشت. والد مادری کلاته والد مناسبی در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط بهاران و چمران ۲ بود (شکل ۴- ب). والد مادری چمران ۲ در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط کلاته و شوش بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را داشت.

آزمون‌گر متوسط سیروان به‌عنوان بهترین آزمون‌گر متوسط معرفی می‌شود. ژنوتیپ‌های رئوس چند ضلعی برای صفت تعداد دانه در سنبله، شامل ژنوتیپ‌های کلاته، گنبد، چمران ۲، بهاران و مروارید بودند. ژنوتیپ گنبد بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را با آزمون‌گرهای متوسط مروارید،

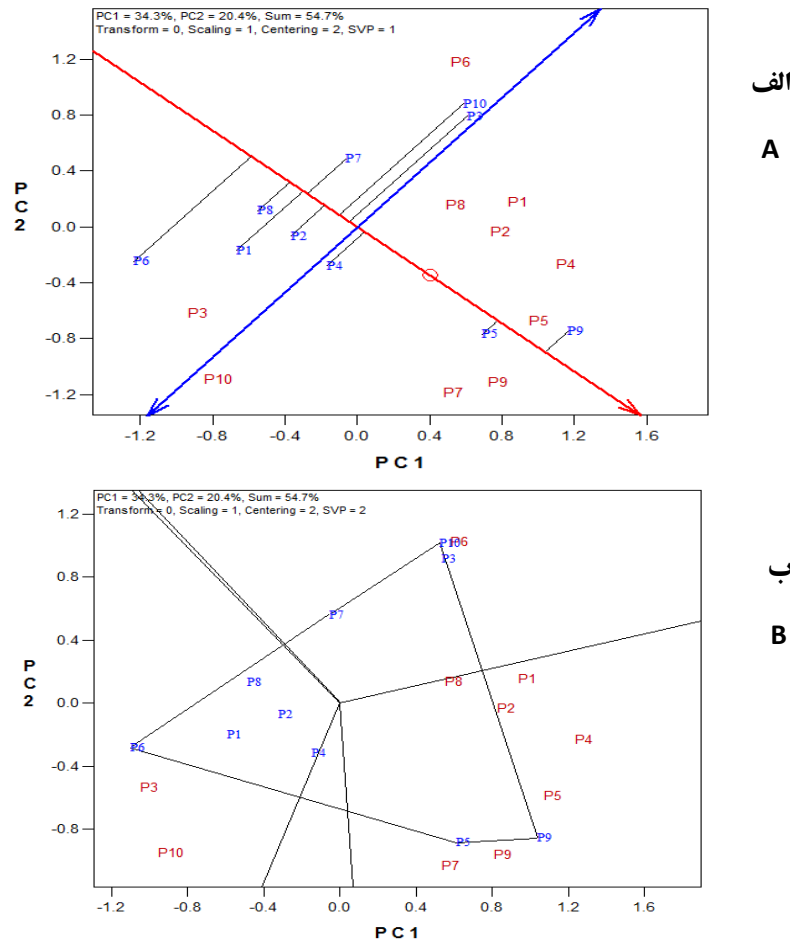


شکل ۵- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آل جهت طول سنبله گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

Figure 5- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) and polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat Panicle length (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.

سیروان به عنوان بهترین آزمون‌گر متوسط معرفی می‌شود. میزان ترکیب‌پذیری خصوصی والدین و بهترین ترکیب برای آزمون‌گر متوسط برای صفت طول سنبله با استفاده از نمودار دوجهی نشان داده شد. در رئوس چند ضلعی برای صفت طول سنبله، ژنوتیپ‌های احسان، چمران ۲، بهاران، سیروان و مروارید قرار گرفتند. ژنوتیپ احسان با دیگر آزمون‌گرهای متوسط به جز مروارید ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی نشان داد. والد مادری چمران ۲ در ترکیب با آزمون‌گر متوسط مروارید بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را داشت (شکل ۵-ب).

براساس شکل ۵-الف دو مؤلفه اصلی اول به ترتیب ۵۵/۱ و ۱۴/۸ درصد تغییرات و در مجموع دو مؤلفه اول ۶۹/۹ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. برای صفت طول سنبله، بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (مثبت) به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های احسان، گنبد و چمران ۲ و کم‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (منفی) به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های مروارید، سیروان، برات، بهاران، مهرگان، شوش و کلاته بود. ژنوتیپ‌های مروارید و چمران ۲ بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را داشتند و کم‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی مربوط به ژنوتیپ‌های برات، سیروان و مهرگان بود. ژنوتیپ



شکل ۶- نمودار مؤلفه آزمون‌گر متوسط (الف) و نمودار چندضلعی برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دی‌آلل جهت وزن سنبله گندم نان (ب). کد و نام ارقام عبارت‌اند از: P1: کلاته، P2: برات، P3: بهاران، P4: مهرگان، P5: احسان، P6: مروارید، P7: شوش، P8: سیروان، P9: گنبد، P10: چمران ۲.

Figure 6- Average tester coordinate (ATC) view of biplot (A) and polygon view of biplot for genotypes derived from Diallel crosses for bread wheat Panicle weight (B). The genotype codes are P1: Kalateh; P2: Barat; P3: Baharan; P4: Mehrgan; P5: Ehsan; P6: Morvarid; P7: Shosh; P8: Sirvan; P9: Gonbad; P10: Chamran2.

اکثر صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود که بیان‌گر اهمیت توأم اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل ژنتیکی صفات مورد مطالعه می‌باشد. برای صفت ارتفاع بوته، طول سنبله، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه در بوته مقادیر واریانس غالبیت بیش‌تر از واریانس افزایشی برآورد شد. با توجه به بزرگی واریانس ترکیب‌پذیری عمومی (۰/۷۱) به واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی (۰/۴۸) و همچنین، نزدیکی نسبت ژنتیکی بیکر به یک، سهم اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی طول سنبله بیش‌تر از اثرات غالبیت بود. مقادیر پایین نسبت ژنتیکی بیکر برای دیگر صفات مورد مطالعه، بیان‌گر نقش بیش‌تر اثرات غیرافزایشی (از جمله غالبیت) در واریانس ژنتیکی این صفات بود. اگرچه نتایج حاصل از تجزیه داده‌های دای‌آل از هر دو روش گریفینگ و بای‌پلات در این تحقیق کاملاً یکسان بود، اما تحلیل و استنباط نتایج دای‌آل با استفاده از روش گریفینگ بدون کمک گرفتن از نمودار بسیار پیچیده و مشکل‌است، در حالی که با استفاده از روش بای‌پلات برای تجزیه داده‌های دای‌آل، توانایی تحلیل نتایج حاصل از تجزیه واریانس فنوتیپی به واریانس ترکیب‌پذیری‌ها و ارتباط بین والدین را براساس نمایش گرافیکی افزایش داد. همچنین، روش بای‌پلات نسبت به روش دای‌آل به دلیل برآورد توأم آثار ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی جمعیت و شناسایی دقیق تلاقی‌های هتروژیک ترجیح داده می‌شود. نتایج تجزیه بای‌پلات نشان داد که والد احسان بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی را در بین والدین برای صفت عملکرد دانه، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله داشت و از آن می‌توان به عنوان آزمون‌گر متوسط مناسب در تلاقی‌ها برای رسیدن به واریته‌های با عملکرد بالا در استفاده از برنامه‌های اصلاحی آتی بهره جست. همچنین، قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ حاصل از

برای صفت وزن سنبله دو مؤلفه اصلی اول به‌ترتیب ۳/۳۴ و ۴/۲۰ درصد تغییرات و در مجموع دو مؤلفه اول ۷/۵۴ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. ژنوتیپ‌های گنبد، احسان و مهرگان بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (مثبت) و مروارید، سیروان و کلاته کم‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (منفی) را داشتند. ژنوتیپ‌های چمران ۲، بهاران و مروارید بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را داشتند و ژنوتیپ‌های احسان و گنبد کم‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی داشتند. برای صفت طول سنبله، بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (مثبت) به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های احسان، گنبد و چمران ۲ و کم‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی (منفی) به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های مروارید، سیروان، برات، بهاران، مهرگان، شوش و کلاته بود. ژنوتیپ احسان به عنوان بهترین آزمون‌گر متوسط معرفی می‌شود (شکل ۶- الف). براساس شکل ۶- ب در رئوس چند ضلعی ژنوتیپ‌های گنبد، احسان، چمران ۲ و مروارید قرار گرفتند. والدهای مادری گنبد و احسان در ترکیب با آزمون‌گرهای متوسط کلاته، برات، مهرگان، سیروان و شوش ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی نشان دادند. همچنین والد مادری چمران ۲ و بهاران در ترکیب با آزمون‌گر متوسط مروارید بیش‌ترین ترکیب‌پذیری خصوصی را داشتند (شکل ۵- ب). والد مادری مروارید بهترین ترکیب را با آزمون‌گرهای متوسط بهاران و چمران ۲ داشت.

نتیجه‌گیری کلی

براساس نتایج تجزیه واریانس، میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد بررسی معنی‌دار بود که حاکی از وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌باشد. اثر ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و همچنین، اثر ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای

و سپس با تلاقی ژنوتیپ‌های انتخابی از عمل غیر افزایشی ژن‌ها نیز استفاده کرد. با توجه به نتایج کسب شده، می‌توان از ارقام احسان و گنبد در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه و اجزای عملکرد استفاده کرد.

تلاقی احسان با ژنوتیپ‌های مورد بررسی دارای بیش‌ترین مقدار برای صفات صفت عملکرد دانه، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، طول سنبله نسبت به سایر دورگ‌ها می‌باشد. بنابراین، می‌توان ابتدا با انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از عمل افزایشی ژن‌ها استفاده نمود

منابع

- Babaei, H.R, Razmi, N., Raeisi, S. and Sabzi H. 2020. Evaluation of adaptability and seed yield stability of soybean (*Glycine max* L. Merrill) promising lines using GGE biplot analysis. Iran J. Crop Sci. 22: 2. 183-197. (In Persian)
- Badu-Apraku, B., Fontem, L.A., Akinwale, R. and Oyekunle, M. 2011. Biplot analysis of Diallel crosses of early maturing tropical yellow maize inbreds in stress and non-stress environments. Crop Sci. 51: 3. 173-188.
- Baker, R.J. 1978. Issues in diallel analysis. Crop Sci. 18: 533-536.
- Biriyay, G.H., Mostafavi, K.H. and Khodarahmi, M. 2017. Investigation of diallel results in bread wheat under drought stress conditions using GGE-biplot method. Env Str Crop Sci. 9: 4. 363-374. (In Persian)
- Chalish, L. and Houshmand, S. 2011. Estimate of heritability and relationship of some durum wheat characters using recombinant inbred lines. Electron J. Crop Pro. 4: 2. 223-238. (In Persian)
- Dehghani, H., Feyzian, E., Jalali, M., Rezai, A. and Dane, F. 2012. Use of GGE biplot methodology for genetic analysis of yield and related traits in melon (*Cucumis melo* L.). Can J. Plant Sci. 92: 1. 77-85.
- Dehghani, H., Moghaddam, M., Bihamta, M.R., Sabaghnia, N. and Mohammadi, R. 2013. Biplot analysis of diallele data in stripe rust of wheat. Aus Plant Pathol. 42: 5. 601-608.
- Fellahi, Z.E.A., Hannachi, A. and Bouzerzour, H. 2015. Partial diallel analysis of genetic behavior for several polygenic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Int J. Plant Biol Res. 3: 3. 1042-1049.
- Gholizadeh, A., Dehghani, H. and Khodadadi, M. 2019. Analysis of compatibility for essential oil yield in coriander under different irrigation regimes using GGE biplot method. Iran J. Field Crop Sci. 50: 4. 189-199. (In Persian)
- Golparvar, A.R. and Ghasemi Pirbalouti, A. 2011. Combining ability of physiological traits in bread wheat under drought stress. Agro J. App Field Crops Res. 24: 1. 18-26. (In Persian)
- Griffing, B. 1956a. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity. 10: 31-50.
- Hayman, B.I. 1954a. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics. 39: 1. 789-809.
- Hayman, B.I. 1954b. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics. 10: 2. 235-244.
- Hemdane, S., Jacobs, P., Dornez, E., Verspreet, J., Delcour, J. and Courtin, C. 2015. Wheat (*Triticum aestivum* L.) bran in bread making: A critical review. Com reviews in food sci and food safety. 15: 1. 28-42.
- Jinks, J.L. and Hayman, B.I. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet. Coop. Newslet. 27: 1. 48-54.
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi, H.K., Armion, M. and Sharifi, P. 2020. Stability analysis of durum wheat genotypes by GGE biplot method. JCB. 12: 35. 1-17. (In Persian)
- Kearsey, M.J. and Pooni, H.S. 1996. Genetical analysis of quantitative traits. Chapman and Hall Press.
- Mohammadi, R., Armion, M., Zadhassan, E. and Eskandari, M. 2014. Analysis of genotype \times environment interaction for grain yield in rainfed

- durum wheat. Iran J. Dryland Agric. 4: 1. 1-15. (In Persian)
19. Mohammadi, S.H. and Khodambashi Emami, M. 2008. Graphical analysis for grain yield of wheat and its components using diallel crosses. J Seed Plant. 24: 3. 375-386. (In Persian)
20. Mokhtarifar, M., Abdolshahi, R. and Yazdizadeh, M. 2017. Evaluation genetic of early vigor of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallel crosses. JCB. 8: 19. 37-44. (In Persian)
21. Motamedi, M. and safari, P. 2018. Biplot analysis of diallel data for water deficit stress tolerance in wheat. Plant Genet Res. 4: 2. 61-74. (In Persian)
22. Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H. 2019. Evaluation of durum wheat cultivars and promising lines for yield and yield stability in warm and dry areas using AMMI model and GGE biplot. JCB. 10: 28. 1-12. (In Persian)
23. Pahlavani, M.H., Faraji, A. and Neamati, M. 2011. Quantitative genetics and biometrical techniques in plant breeding. Nadarajan, Iran, 415 p. (Translated in Persian)
24. Rahmati, M. 2020. Assessment of relationships among traits and selection of superior bread wheat genotypes using genotype by yield \times trait biplot method. Cereal Res. 10: 1. 61-72. (In Persian)
25. Rahmati, R., Ahmadi, A. and Hosseinpour, H. 2018. Study of genetic variability, heritability and relationship between grain yield and yield-related traits on bread wheat genotypes under dry land conditions. JCB. 10: 25. 167-175. (In Persian)
26. Sadeghzadeh-Ahari, D., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Mohammadi, M. 2018. Estimation of genetic parameters of yield and yield components in rainfed durum wheat through diallel cross. JCB. 10: 25. 176-184. (In Persian)
27. Salami, H. and Mohtashami, T. 2014. The projection model of Iran's crop production in 2025. Iran J. Agric Ecol and Dev Res. 45: 4. 585-599. (In Persian)
28. Sharifi, P. 2012. Graphic analysis of salinity tolerance traits of rice (*Oryza sativa* L.) using Biplot method. Cereal Res Com. 40: 3. 342-350.
29. Soughi, H. and Khodarahmi, M. 2021. Estimation of denetically parameters and combining ability of yield and yield components in bread wheat by diallel method. JCB. 13: 37. 205-212. (In Persian)
30. Teklewold, A. and Becker, H.C. 2005. Heterosis and combining ability in a diallel cross of ethiopian mustard inbred lines. Crop Sci. 45: 6. 2629-2635.
31. Verma, O.P., Santoshi, U.S. and Srivastava, H.K. 2002. Heterosis and inbreeding depression in genetic hybridization involving diverse ecotypes of rice (*Oryza sativa* L.). J Gen Breed. 56: 3. 205-212.
32. Yan, W. and Hunt, L. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Sci. 42: 1. 21-30.
33. Yan, W. and Kang, M.S. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for geneticists, breeders, and agronomists . CRC Press, Boca Raton, Florida, U.S.A. 286 p.
34. Yan, W., Hant, L.A., Sheng. Q. And Szlavnic. Z. 2000. Cultivar evaluation and mega- environment investigation based on the GGE biplot. Crop Sci. 40: 3. 597-605.
35. Zhang, Y., Kang. M.S. and Lamkey. K.R. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for griffing's and gardner-eberhart analyses. Agron J. 97: 4. 1097-1106.

