تجزیه بای‌پلات داده‌های دی‌آلل برای تحمل به تنش کم‌آبی در گندم

محمد معتمدی[1,*] و پرویز صفری[2]

١- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد شوشتر، دانشگاه آزاد اسلامی، شوشتر
٢- دانش‌آموخته دکتری، باشگاه پژوهشگران جوان، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز

(تاریخ دریافت: ١٣٩٦/٠٣/٠٩ – تاریخ پذیرش: ١٣٩٦/٠٧/٢٦)

چکیده

تنش کم‌آبی یکی از مهمترین عوامل کاهش تولید محصول گندم است و شناخت ساختار ژنتیکی و نوع عمل ژن‌های کنترل‌کننده عملکرد دانه در شرایط تنش برای طراحی روش اصلاحی ضروری است. در این مطالعه از یک طرح تلاقی نیمه دی‌آلل (روش دوم گریفینگ) ٩ × ٩ برای مطالعه ساختار ژنتیکی عملکرد دانه گندم در شرایط تنش و غیرتنش استفاده شد. تجزیه ترکیب‌پذیری به روش دوم گریفینگ برای هر دو سطح تنش و غیرتنش معنی‌داری واریانس‌های GCA و SCA را نشان داد که نشان دهنده کنترل عملکرد دانه توسط اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها می‌باشد. نتایج تجزیه ترکیب‌پذیری نشان داد که در میان والدین، ارقام قدس و بم بیشترین GCA را برای عملکرد دانه داشتند و بهترین تلاقی‌ها، ارگ × قدس، نوید × مغان، بم × الوند (در هر دو سطح رژیم آبیاری) و بم × قدس (در شرایط تنش) بودند. از تجزیه بای‌پلات داده‌های دی‌آلل برای نمایش GCA و SCA والدها، تعیین گروه‌های هتروتیک و بهترین تلاقی‌ها استفاده شد. به طور کلی با توجه به نتایج کسب شده، ارقام بم، قدس و ارگ علاوه بر تحمل به تنش و حفظ عملکرد در شرایط تنش خشکی، توانایی انتقال این ویژگی‌ها به هیبریدها را نیز داشتند و از آن‌ها می‌توان در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود تحمل به تنش استفاده کرد.

واژگان کلیدی: ترکیب‌پذیری عمومی، ترکیب‌پذیری خصوصی، دی‌آلل، تنش کم‌آبی، گندم

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **m.motamedi@iau.ac.ir**

مقدمه

گندم مهم‌ترین گیاه زراعی در ایران است، جایی که خشکی اصلی‌ترین تنش غیر زیستی محسوب می‌شود و عملکرد و کیفیت دانه را در طی دوره پر شدن دانه به شدت تحت تاثیر قرار می‌دهد و موجب کاهش عملکرد و کیفیت دانه می‌شود (Nezhadahmadi *et al*., 2013). انتخاب روش‌های گزینش و به‌نژادی برای بهبود ژنتیکی تحمل به تنش هر گیاه عمدتاً به شناخت نوع و مقدار نسبی اجزای ژنتیکی برای صفات مختلف در مواد گیاهی تحت بررسی بستگی دارد. اصلاح ارقام گندم متحمل با عملکرد زیاد توسط تلاقی لاین‌های والدی دارای ترکیب‌پذیری عمومی خوب و گزینش هیبریدهای مطلوب مورد توجه اصلاح‌گران است (Sadeghzadeh- Ahari *et al*., 2015; Mohammadi and Roustaie, 2016). اطلاعات در مورد ترکیب‌پذیری‌های عمومی و خصوصی و نوع عمل ژن‌ها برای عملکرد و اجزای عملکرد می‌تواند امکان گزینش والدین مناسب برای اصلاح ژنوتیپ‌های مطلوب را افزایش دهد. طرح‌های دی‌آلل، مخصوصاً دی‌آلل‌های یک طرفه به طور گسترده‌ای در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Griffing, 1956; Zobel and Talbert, 1984; Hallauer *et al*., 2010). محبوبیت این روش به این دلیل است که توانایی فراهم کردن اطلاعات ژنتیکی در مورد ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) والدین، ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) تلاقی‌ها و سایر پارامترهای ژنتیکی مثل اجزای واریانس و وراثت‌پذیری را دارد. روش تجزیه دی‌آلل به عنوان یک طرح مناسب برای گزینش والدی و کسب اطلاعات ژنتیکی برای عملکرد و اجزای عملکرد گندم توسط پژوهشگران مختلف مورد استفاده قرار گرفته است (Ljubičić *et al*. 2014, 2017; Yao *et al*., 2014; Kumar *et al*., 2015).

تجزیه بای‌پلات (GGE) در ابتدا برای تجزیه گرافیکی داده‌های آزمایش‌های چند محیطی پیشنهاد شد (Yan, 2001) ولی به همان اندازه در نمایش گرافیکی سایر انواع داده‌های دو طرفه با ساختار ژنوتیپ (Entry) × محک (Tester) مثل داده‌های تلاقی دی‌آلل موثر واقع شد (Yan and Hunt, 2002). اصطلاح GGE، ترکیب اثر اصلی ژنوتیپ با اثر متقابل ژنوتیپ × محیط است. بای‌پلاتی که اثر اصلی ژنوتیپ (G) و اثر متقابل GE را در مورد مجموعه داده‌ها نشان می‌دهد، بای‌پلات GGE نامیده می‌شود. یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) نشان دادند که تجزیه متداول داده‌های دی‌آلل به تقسیم تغییرات کل تلاقی‌ها به GCA هر والد و SCA هر تلاقی محدود می‌شود. اثرهای SCA فقط باقی‌مانده‌های غیر قابل توضیح توسط اثرهای GCA محسوب می‌شوند. این اثرها مختص تلاقی‌ها هستند و اطلاعات زیادی در مورد والدین ارایه نمی‌دهند. رویکرد بای‌پلات برای تجزیه داده‌های دی‌آلل امکان نمایش اطلاعات در مورد اثر GCA هر والد، اثر SCA هر والد (نه هر تلاقی)، شناسایی بهترین تلاقی‌ها، شناسایی بهترین محک‌ها، شناسایی گروه‌های هتروتیک و درک ساختار ژنتیکی والدین به صورت گرافیکی را فراهم می‌کند (Yan and Hunt, 2002; Yan and Kang, 2003). فرشادفر و هاشمی‌نسب (Farshadfar and Hasheminasab, 2012) ترکیب‌پذیری و ساختار ژنتیکی شاخص‌های فیزیولوژیکی تحمل به تنش خشکی را در تلاقی‌های دی‌آلل گندم با استفاده از بای‌پلات GGE مطالعه کردند. مصطفوی و ضابط (Mostafavi and Zabet, 2013) برای شناخت ساختار ژنتیکی عملکرد و تعیین بهترین ژنوتیپ‌های دارای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی از بای‌پلات داده‌های تلاقی دی‌آلل گندم استفاده کردند و ضمن تعیین گروه‌های هتروتیک، مطابقت خوبی بین نتایج روش متداول گریفینگ و نتایج گرافیکی روش بای‌پلات GGE گزارش کردند. فرشادفر و هاشمی‌نسب (Farshadfar and Hasheminasab, 2013) از تجزیه بای‌پلات برای تشخیص تلاقی‌های هتروتیک و برآورد اجزای افزایشی و غالبیت تنوع برای تحمل به تنش خشکی در گندم استفاده کردند.

هدف از انجام این مطالعه برآورد اثرات GCA والدها و اثرات SCA تلاقی‌ها و شناخت GCA و SCA والدها، تعیین گروه‌های هتروتیک و بهترین تلاقی‌ها در سطح تیمارهای آبیاری و تنش توسط روش بای‌پلات برای عملکرد دانه بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ٤٥ ژنوتیپ گندم نان بهاره به صورت آزمایش کرت‌های خرد شده در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال ١٣٩٤ در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شوشتر ارزیابی شدند. تیمار آبیاری در کرت‌های اصلی شامل دو سطح (آبیاری و قطع آبیاری از زمان گرده افشانی) و ژنوتیپ‌ها در کرت‌های فرعی قرار گرفتند. این ژنوتیپ ها حاصل از تلاقی نه رقم گندم (ماهوتی، ارگ، بم، روشن، مغان، بهار، نوید، الوند و قدس) بودند که به صورت طرح تلاقی نیمه دی‌آلل در سال ١٣٩٣ تلاقی داده شده بودند. بذر ارقام والدی از بانک بذر موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه شدند. جهت تهیه بستر کشت، شخم نسبتاً عمیقی زده شد و سپس عملیات دیسک زنی اجرا شد. کرت‌های اصلی در ابعاد ٣ × ٣ متر ایجاد شدند. در وسط هر تکرار یک راهرو برای ایجاد سهولت رفت و آمد و اندازه‌گیری در نظر گرفته شد و به این ترتیب هر تکرار به دو کرت اصلی (یکی برای تیمار آبیاری مطلوب و دیگری برای تیمار تنش) برای کشت تقسیم شد. ارقام والدی و هیبریدها به عنوان کرت‌های فرعی در نظر گرفته شدند و با توجه به تعداد معدود بذور، بذور هر نسل در یک ردیف کشت شدند. طول هر ردیف کشت ١١٠ سانتی‌متر بود که در آن ١٢ بذر با فاصله ١٠ سانتی‌متر کشت شدند. فاصله بین ردیف‌ها ١٥ سانتی‌متر بود. در ابتدا و انتهای ردیف‌های کشت هر کرت ردیف‌هایی به عنوان حاشیه کشت شدند. عملیات کاشت به صورت دستی انجام شد. پس از کشت تا زمان گرده‌افشانی، آبیاری در هر دو شرایط تیمار آبیاری و قطع آبیاری به طور یکسان انجام شد. مقدار نیتروژن مورد نیاز گیاه از منبع اوره به مقدار ٢٠٠ کیلوگرم در هکتار استفاده شد. پخش کود همراه با آب آبیاری در طی دو مرحله انجام گرفت. همچنین ١٠٠، ٥٠ و ٥٠ کیلوگرم در هکتار به‌ترتیب فسفات آمونیوم، سولفات پتاسیم و سولفات روی قبل از کاشت مصرف شد. وجین علف‌های هرز به دفعات مورد نیاز به صورت دستی انجام گرفت. برای اجرای صحیح نمونه‌برداری و حذف اثرات حاشیه‌ای، بوته-های واقع در ردیف‌های ابتدایی و انتهایی هر کرت مزرعه-ای و همچنین دو بوته ابتدا و انتهای هر ردیف کشت در نظر گرفته نشدند و اندازه‌گیری‌ها برای عملکرد دانه (گرم در بوته) بر روی ١٠ بوته از هر ردیف انجام گرفت.

پس از آزمون نرمال بودن باقی‌مانده‌ها، تجزیه واریانس (Gomez and Gomez, 1984) با استفاده از برنامه آماری SAS 9.0 (SAS, 2002) برای شناسایی تفاوت‌های معنی دار میان نسل‌ها برای عملکرد دانه انجام گرفت. با توجه به معنی‌داری اثر متقابل ژنوتیپ × تیمار، تجزیه‌های بعدی به طور جداگانه در هر سطح تنش انجام شد.

تجزیه دی‌آلل: پس از معنی‌دار شدن اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای تجزیه و تحلیل دی‌آلل از روش دوم گریفینگ استفاده شد. تجزیه دی‌آلل مبتنی بر مدل اول روش دوم گریفینگ (شامل والدین و نسل F_1) (Griffing, 1956) برای برآورد GCA و SCA مورد استفاده قرار گرفت. داده‌ها با برنامه Diallel- SAS تجزیه شدند (Zhang and Kang, 1997). مدل خطی عمومی مبتنی بر داده‌های انفرادی عبارت است از:

$$X_{ijkl} = \mu + \beta_i + g_j + g_k + s_{jk} + e_{ijkl} \quad \text{رابطه (١)}$$

که X_{ijkl} عملکرد مشاهده شده، μ میانگین جمعیت، β_i iامین بلوک، g_j اثر ترکیب‌پذیری عمومی برای والد jام، g_k اثر ترکیب‌پذیری عمومی برای والد kام، s_{jk} اثر ترکیب‌پذیری خصوصی برای تلاقی بین iامین و jامین والدین است.

تجزیه بای‌پلات داده‌های دی‌آلل

میانگین هیبریدهای F_1 و والدین آن‌ها برای تشکیل ماتریس دو طرفه ژنوتیپ × محک و انجام تجزیه بای‌پلات مورد استفاده قرار گرفتند. در داده‌های تلاقی دی‌آلل، 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 بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عبارت از

تجزیه به مولفه‌های اصلی تصحیح شده بر اساس میانگین محک است:

رابطه (۲) $\hat{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij}$

که در آن $\hat{Y}_{ij}$ مقدار مورد انتظار تلاقی بین ژنوتیپ i و محک jاست؛ μ میانگین کل ؛ β_j اثراصلی محک j؛ 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 ؛ و ε_{ij} عبارت از مقدار باقی‌مانده توجیه نشده به وسیله اثرهای اولیه و ثانویه است. یک بای‌پلات به وسیله رسم g_{i1} در مقابل g_{i2} و e_{1j} در مقابل e_{2j} در یک نمودار پراکنش ایجاد می‌شود. برای به کار گیری معادله فوق رایج-ترین روش، استفاده از تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) است:

رابطه (۳) $\hat{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1\xi_{i1}\eta_{1j} + \lambda_2\xi_{i2}\eta_{2j} + \varepsilon_{ij}$

که در آن λ_1 و λ_2 به ترتیب مقادیر منفرد اولین و دومین مولفه 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 jبرای PC1 و PC2 هستند. زمانی که $i=j$ نشان دهنده یک والد است و در غیر این صورت، $i \neq j$، نشان دهنده یک هیبرید F_1 است. این روش آماری با جزئیات توسط یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) و یان و کانگ (Yan and Kang, 2003) توصیف شده است. تمامی بای‌پلات‌های ارایه شده در مقاله توسط نرم افزار GGEBiplot (Yan, 2001) ایجاد شدند.

اثرات GCA و SCA والدین توسط تعریف مختصات محک متوسط (ATC: Average tester coordination) ارزیابی می‌شوند. محک متوسط (که با یک دایره کوچک در بای‌پلات نمایش داده می‌شود) توسط میانگین‌گیری از مقادیر PC1 و PC2 کلیه محک‌ها به دست می‌آید. خطی که از مبداء بای‌پلات و محک متوسط می‌گذرد و دارای یک پیکان به طرف محک متوسط است، محور محک متوسط یا محور افقی ATC نامیده می‌شود و خطی که از مبدأ بای‌پلات می‌گذرد و عمود بر محور محک متوسط است، محور عمودی محک متوسط یا محور عمودی ATC است (Yan and Hunt, 2002; Yan and Kang, 2003). GCA و SCA به عنوان ویژگی‌های ژنوتیپ‌ها تعریف می‌شوند. اثر GCA مربوط به هر والد (ژنوتیپ) توسط ارزش هیبرید آن با محک متوسط تعریف می‌شود. بنابراین اثرهای GCA والدین توسط تصاویر آن‌ها روی محور افقی ATC برآورد می‌گردد. خطوط موازی با محور افقی ATC به رتبه‌بندی والدین از نظر اثرهای GCA کمک می‌کند.

محک ایده‌آل برای آشکار کردن اثرهای GCA ژنوتیپ‌ها از دو ویژگی حداکثر توانایی تمایز ژنوتیپ‌ها و بیشترین توانایی به عنوان نماینده کلیه محک‌ها برخوردار است (Yan and Hunt, 2002; Yan and Kang, 2003). بنابراین محک ایده‌آل روی محور افقی ATC واقع است تا تصویر صفر بر روی محور عمودی ATC داشته باشد (بیشترین نمایندگی محک‌ها) و طول بردار آن باید بلندتر از سایر محک‌ها باشد تا به عنوان متمایزکننده‌ترین محک محسوب شود. اگر چه چنین محک ایده‌آلی شاید در واقعیت وجود نداشته باشد ولی می‌توان از آن به عنوان یک مرجع برای مقایسه محک‌ها استفاده کرد. محک ایده‌آل در بای‌پلات در مرکز دوایر هم مرکز قرار دارد و هر چه یک محک به این مرکز نزدیکتر باشد، مطلوب‌تر است.

نمای بردار محک‌ها در گروه‌بندی محک‌ها به گروه‌های هتروتیک مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این نوع بای‌پلات‌ها طول بردار هر محک معیاری از توانایی تمایز آن محک است و بنابراین هر چه طول بردار محک بزرگتر باشد، آن محک از قدرت تمایز بیشتری برخوردار است و نتایج حاصل از آن با مفهوم است (Yan and Kang, 2003).

نمای چند ضلعی بای‌پلات بهترین روش را برای تجسم الگوهای اثر متقابل میان ژنوتیپ‌ها و محک‌ها و تفسیر مؤثر بای‌پلات فراهم می‌کند. چند ضلعی شامل خطوطی است که دورترین ژنوتیپ‌ها از مبدأ بای‌پلات را به هم متصل می‌کند به طوری که سایر ژنوتیپ‌ها درون چند ضلعی قرار می‌گیرند. خطوط عمود بر هر ضلع که از مبدأ بای‌پلات رسم می‌شوند، بای‌پلات را چند بخش تقسیم می‌کنند و محک‌ها در این بخش‌ها قرار می‌گیرند. ویژگی این نوع از بای‌پلات آن است که محک‌های واقع در یک بخش مشترک

بهترین زوج تلاقی با ژنوتیپ رأس چند ضلعی موجود در آن بخش هستند (Yan and Hunt, 2002).

نتایج و بحث

نتایج مربوط به تجزیه واریانس عملکرد دانه در جدول ١ ارایه شده است. اثر تیمار آبیاری (عامل اصلی) برای عملکرد دانه معنی‌دار بود و این صفت را تحت تأثیر قرار داد. اثر ژنوتیپ (عامل فرعی) معنی‌دار بود که نشان دهنده وجود تفاوت معنی‌دار برای مقادیر این صفت در بین ژنوتیپ‌ها بود. اثر متقابل ژنوتیپ × آبیاری نیز معنی‌دار بود. معنی‌دار بودن اثر متقابل نشان دهنده واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به تیمار آبیاری و تنش بود. نتایج تجزیه ترکیب-پذیری به روش دوم گریفینگ برای هر دو سطح تیمار تنش و غیرتنش نشان‌دهنده معنی‌داری واریانس‌های GCA و SCA بودند (جدول ٢). بنابراین عملکرد دانه تحت کنترل آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها بود. بورقی و پرین زین (Borghi and Perenzin, 1994) و زارع کهن و حیدری (Zare-kohan and Heidari, 2012) نشان دادند که عملکرد دانه تحت کنترل آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها بودند. این نتایج نشان می‌دهد که بین والدین از نظر اثرات GCA و بین ٣٦ تلاقی از نظر اثرات SCA تفاوت معنی‌داری وجود دارد. با توجه به معنی‌داری واریانس‌های GCA و SCA، برآورد اثرات GCA والدین و اثرات SCA تلاقی‌ها انجام گرفت.

برآوردهای ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) لاین‌های والدی مورد استفاده در این تحقیق در جدول ٣ ارایه شده‌اند. ملاحظه می‌شود که ژنوتیپ‌های با بیشترین اثر GCA مثبت از بیشترین میانگین عملکرد دانه نیز برخوردار بودند در حالی که اثر GCA منفی عملکرد دانه را کاهش داد. در سطح تیمار آبیاری مطلوب، ارقام قدس و بم بیشترین مقادیر مثبت و معنی‌دار اثرات GCA را داشتند (جدول ٣). از سوی دیگر، ارقام مغان و ماهوتی به دلیل برخورداری از بیشترین مقادیر منفی و معنی‌دار اثرات GCA به عنوان ضعیف‌ترین ارقام از نظر توانایی ترکیب‌پذیری عمومی در نظر گرفته شدند. از آنجا که در برنامه‌های اصلاحی عملکرد دانه بیشتر مورد نظر می‌باشد، بنابراین اثرات GCA مثبت برای بهبود این صفت ترجیح داده می‌شوند (Ljubičić *et al*., 2017). بنابراین برای رسیدن به این هدف ارقام قدس و بم به عنوان بهترین ارقام در نظر گرفته می‌شوند چرا که آن‌ها بیشترین مقادیر مثبت و معنی‌دار GCA را نشان دادند و عملکرد دانه را در ترکیباتی که وجود داشتند، افزایش دادند (جدول ٣). در سطح تنش نیز ارقام قدس و بم دارای بیشترین اثر GCA مثبت و معنی‌دار بودند، در حالی که ارقام مغان و نوید از بیشترین اثر GCA منفی و معنی‌دار برخوردار بودند (جدول ٣). بیشترین مقدار مثبت GCA برای ارقام قدس و بم نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها از ژن‌هایی با اثر افزایشی یا اثر متقابل افزایشی × افزایشی برخوردار هستند که قابل انتقال از نسلی به نسل دیگر هستند. از آنجا که این اثرات قابل تثبیت هستند و آن‌ها را می‌توان به طور مؤثر برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار داد، گزینش برای این صفت در نسل‌های در حال تفرق ابتدایی می‌تواند کارآمد باشد.

تلاقی‌های برخوردار از اثرات SCA بزرگ و معنی‌دار برای عملکرد دانه از والدین با انواع مختلف از اثرات GCA به دست آمدند (جدول ٣). در سطح آبیاری مطلوب، بیشترین اثر SCA مثبت و معنی‌دار در تلاقی‌های نوید × مغان (کم × کم از نظر GCA)، ارگ × قدس (کم × زیاد) و بم × الوند (زیاد × کم) و در سطح تنش در تلاقی‌های بم × الوند (زیاد × کم)، ارگ × قدس (کم × زیاد)، نوید × مغان (کم × کم) و بم × قدس (زیاد × زیاد) مشاهده شدند (جدول ٣).اثرات SCA بیشتر حاصل از والدین دارای انواع مختلف اثرات GCA توسط راج و کاندلکار (Raj and Kandalkar, 2013)، زارع کهن و حیدری (Zare-kohan and Heidari, 2014) و لوبیچیچ و همکاران (Ljubičić *et al*., 2017) نیز گزارش شده است. برخی تلاقی‌های شامل والدین برخوردار از ترکیب‌پذیری عمومی خوب، SCA ضعیفی داشتند، که نشان‌دهنده این است که همیشه والدین دارای اثر GCA زیاد تلاقی‌هایی با اثر SCA زیاد را نتیجه نمی-دهند. بیشترین اثر SCA منفی و معنی‌دار در سطح تیمار آبیاری مطلوب در تلاقی‌های قدس × الوند (زیاد × کم از

نظر GCA) و بهار × قدس (کم × زیاد) و در سطح تنش در تلاقی‌های قدس × نوید (زیاد × کم)، ماهوتی × قدس (کم × زیاد)، بهار × قدس (کم × زیاد)، قدس × الوند (زیاد × کم) و بم × مغان (زیاد × کم) مشاهده شدند (جدول ۳). از آنجا که اثر SCA معرف غالبیت و اثرات اپیستازی است، آن را می‌توان برای گزینش لاین‌های هموزیگوس که تفکیک متجاوز نشان می‌دهند و همچنین برای تولید هیبرید گندم مورد استفاده قرار داد (Ljubičić *et al*., 2017).

از آنجا که موفقیت در گزینش در یک جمعیت به واریانس افزایشی بستگی دارد، استفاده از تلاقی‌های حاصل از والدین دارای اثرات GCA زیاد امکان‌پذیر است. تلاقی‌های دارای اثر SCA زیاد که هر دو والد از اثرات GCA زیاد برخوردار هستند مثل تلاقی بم × قدس اهمیت دارند چرا که شامل اثر متقابل افزایشی × افزایشی هستند. این نوع اثر متقابل در نسل‌های انتهایی قابل تثبیت است و می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاحی آینده استفاده کرد. اثر SCA بالای حاصل از این تلاقی نشان دهنده امکان بهبود ژنتیکی عملکرد دانه از طریق روش گزینش شجره‌ای است. اهمیت اثرات SCA بیشتر در تلاقی‌هایی با اثرات GCA زیاد در گیاهان زراعی خودگشن توسط جوشی و همکاران (Joshi *et al*., 2004) مورد بحث قرار گرفته است.

جدول ۱- تجزیه واریانس عملکرد دانه

Table 1. Analysis of variance for grain yield

منابع تغییرات	SOV	درجه آزادی d.f.	میانگین مربعات MS
تکرار	Repeat (R)	2	32.64*
تیمار کم‌آبی	Water Treatment (T)	1	48.88*
خطای کرت اصلی	Main plot error	2	1.59
نسل	Generation (G)	44	50.96**
نسل × تیمار	G × T	44	1.36*
نسل × تکرار	G × R	88	4.61**
خطای کرت فرعی	Subplot error	88	0.97
ضریب تغییرات (٪)	C.V. (%)	19.39	

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** significant at 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۲- تجزیه ترکیب‌پذیری عملکرد دانه برای شرایط آبیاری و تنش

Table 2. Combining ability analysis of grain yield for normal and stress conditions

منبع تغییرات S.O.V.	درجه آزادی df	میانگین مربعات (MS) آبیاری Normal	تنش Stress
GCA	8	7.85**	5.33**
SCA	36	9.92**	8.28**
E	88	0.91	0.98

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

** significant at 1% probability levels

جدول ٣- مقادیر میانگین عملکرد دانه و برآوردهای GCA و SCA والدین و تلاقی‌ها

Table 3. Grain yield mean values and estimates of GCA and SCA of parents and their crosses

ژنوتیپ Genotype	Non- stress condition شرایط بدون تنش		Stress condition شرایط تنش	
	میانگین عملکرد دانه (گرم/بوته) Grain yield mean (g/plant)	مقادیر GCA و SCA GCA and SCA values	میانگین عملکرد دانه (گرم/بوته) Grain yield mean (g/plant)	مقادیر GCA و SCA GCA and SCA values
Bahar (1)	9.58	0.07^{ns}	8.55	0.17^{ns}
Arg (2)	3.68	0.17^{ns}	2.81	0.24^{ns}
Mahoti (3)	3.85	-0.74^{**}	2.86	-0.51^{ns}
Bam (4)	6.26	1.11^{**}	5.15	0.97^{**}
Roshan (5)	7.39	-0.18^{ns}	7.32	-0.03^{ns}
Ghods (6)	10.67	1.49^{**}	7.64	1.12^{**}
Navid (7)	2.54	-0.51^{ns}	1.50	-0.60^{*}
Moghan (8)	5.85	-1.16^{**}	5.64	-0.76^{*}
Alvand (9)	8.74	-0.25^{ns}	4.69	-0.59^{ns}
1 × 2	6.84	1.04^{ns}	6.70	1.57^{ns}
1 × 3	7.39	2.50^{**}	7.33	2.97^{**}
1 × 4	6.70	-0.04^{ns}	5.09	-0.75^{ns}
1 × 5	4.27	-1.17^{ns}	2.81	-2.02^{*}
1 × 6	2.81	-4.32^{**}	2.87	-3.13^{**}
1 × 7	3.06	-2.05^{*}	2.50	-1.77^{ns}
1 × 8	2.92	-1.54^{ns}	1.56	-2.55^{*}
1 × 9	3.22	-2.14^{**}	2.97	-1.30^{ns}
2 × 3	8.44	3.45^{**}	7.67	3.24^{**}
2 × 4	4.40	-2.44^{**}	4.72	-1.20^{ns}
2 × 5	2.96	-2.57^{**}	2.66	-2.24^{*}
2 × 6	13.22	6.00^{**}	11.49	5.41^{**}
2 × 7	5.06	-0.15^{ns}	3.21	-1.12^{ns}
2 × 8	2.35	-2.21^{*}	1.53	-2.65^{**}
2 × 9	6.78	1.31^{ns}	6.09	1.74^{ns}
3 × 4	4.89	-1.03^{ns}	3.10	-2.05^{*}
3 × 5	4.40	-0.21^{ns}	3.42	-0.72^{ns}
3 × 6	2.67	-3.63^{**}	1.87	-3.43^{**}
3 × 7	3.75	-0.54^{ns}	4.22	0.63^{ns}
3 × 8	3.86	0.21^{ns}	4.70	1.28^{ns}
3 × 9	4.25	-0.30^{ns}	3.27	-0.31^{ns}
4 × 5	3.31	-3.17^{**}	2.99	-2.64^{**}
4 × 6	11.47	3.29^{**}	11.10	4.30^{**}
4 × 7	9.77	3.61^{**}	7.85	2.77^{**}
4 × 8	2.75	-2.75^{**}	1.85	-3.06^{**}
4 × 9	12.01	5.60^{**}	10.72	5.64^{**}
5 × 6	10.65	3.78^{**}	7.74	1.94^{*}
5 × 7	7.37	2.52^{**}	6.86	2.80^{**}
5 × 8	2.69	-1.51^{ns}	3.04	-0.85^{ns}
5 × 9	3.03	-2.07^{*}	2.43	-1.63^{ns}
6 × 7	3.14	-3.39^{**}	1.77	-3.45^{**}
6 × 8	5.07	-0.81^{ns}	5.12	0.05^{ns}
6 × 9	1.64	-5.14^{**}	2.18	-3.05^{**}
7 × 8	9.88	6.00^{**}	8.54	5.20^{**}
7 × 9	2.73	-2.04^{*}	2.40	-1.09^{ns}
8 × 9	1.53	-2.60^{**}	1.01	-2.33^{*}
LSD 5%	2.51		2.26	

ns: غیر معنی‌دار؛ * و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ٠/٠٥ و ٠/٠١

ns: Non-significant; * and ** Significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively

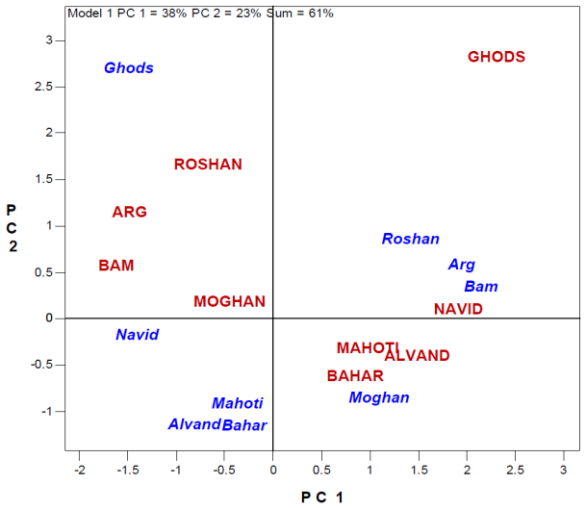
اثرات SCA بیشتر که در تلاقی‌هایی با یک والد با اثر GCA زیاد و یک والد با اثر GCA کم حاصل شده است، نشان دهنده دخالت اثر افزایشی × غالبیت در بروز صفت است (Ljubičić *et al.*, 2017). اثرات SCA مثبت و معنی‌دار مشاهده شده در تلاقی‌های نوید × مغان (در هر دو سطح رژیم آبیاری) که هر دو والد از اثر GCA کم برخوردار بودند امکان دستیابی به ترکیبات امید بخش را اثبات می‌کند و نشان دهنده وجود اثر متقابل غیر آللی در مکان‌های ژنی هتروزیگوس است. از آنجا که این نوع اثر متقابل غیرقابل تثبیت است استفاده از این تلاقی‌ها از طریق گزینش تک بوته در نسل‌های انتهایی پیشنهاد می‌شود. جینکز و جونز (Jinks and Jones, 1958) نشان دادند که در لاین‌های والدی با GCA کم، هتروزیگوسیتی ناشی از اثرات غیرافزایشی مسؤول پاسخ بیشتر به محیط هستند.

در شرایط تیمار آبیاری، بای‌پلات مبتنی بر داده‌های تصحیح شده بر اساس محک (مدل ۱) یعنی بای‌پلات GGE (شکل ۱) که حاوی اطلاعات G و GE است ٦١٪ تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند (به ترتیب ۳۸ و ۲۳ درصد به وسیله PC1 و PC2). GCA و SCA در تجزیه داده‌های دی‌آلل به ترتیب متناظر با G و GE در تجزیه داده‌های ژنوتیپ × محیط هستند. زمانی که والدین به عنوان ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته می‌شوند با حروف ایتالیک نمایش داده می‌شوند و اگر به عنوان محک در نظر گرفته شوند با حروف بزرگ نمایش داده می‌شوند. در شرایط تنش بای‌پلات ٦٠٪ (به ترتیب ٣٦ و ٢٤ درصد به وسیله PC1 و PC2) تغییرات کل را تبیین کرد (شکل۲).

در سطح آبیاری والد قدس از بیشترین GCA مثبت برخوردار بود. پس از آن والدین روشن، ارگ و بم (با GCA مثبت) قرار داشتند و والدین نوید، مغان، ماهوتی، الوند و بهار با برخورداری از GCA منفی در رتبه‌های بعدی قرار داشتند (شکل ۳). در سطح تنش والدین بم، ارگ، قدس و بهار به ترتیب از بیشترین GCA مثبت برخوردار بودند و والدین ماهوتی، روشن، نوید و مغان با GCA منفی در رتبه های بعدی قرار داشتند (شکل ٤). ترتیب و علامت GCA والدین تا حد زیادی با موارد متناظر موجود در جدول ۳ مطابقت داشتند.

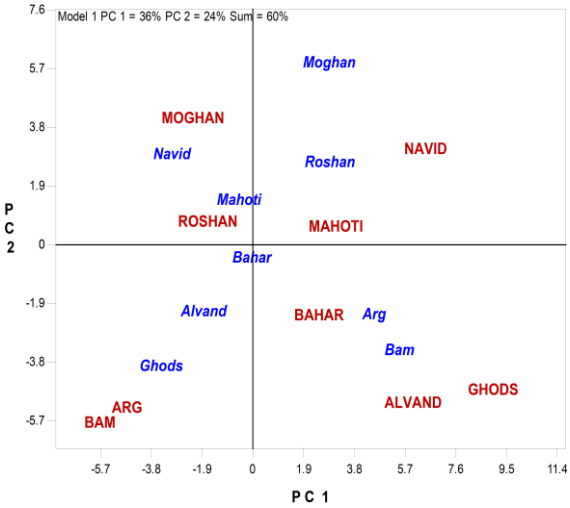
از آنجا که بای‌پلات حاوی GCA و SCA است و به دلیل این که محور افقی ATC اثرهای GCA والدین را نشان می‌دهد، بنابراین محور عمودی ATC که نسبت به اثرهای GCA اورتوگونال (مستقل) است، اطلاعاتی در مورد SCA ژنوتیپ‌ها (والدین) فراهم می‌کند. تصاویر ژنوتیپ‌ها بر روی محور عمودی ATC اثرات SCA والدین را برآورد می‌کند که نشان دهنده گرایش والدین به تولید هیبریدهای برتر با محک‌های خاص است. در شرایط غیرتنش، محک‌ها هم در بالای محور افقی ATC (ارگ، بم، روشن و مغان) و هم در پایین محور افقی (بهار، ماهوتی، الوند، نوید و قدس) 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 قدس و نوید از یک سمت و بم و ارگ از سوی دیگر بزرگترین اثرهای SCA یا بلندترین تصاویر را روی محور عمودی ATC داشتند. ماهوتی و بهار از کمترین میزان SCA برخوردار بودند (شکل ۳). در سطح تنش والدین قدس و مغان دارای بزرگترین تصاویر روی محور عمودی ATC در دو جهت بودند و از بیشترین اثرهای SCA برخوردار بودند. در سطح تنش نیز ژنوتیپ‌های ماهوتی و بهار کمترین میزان SCA را دارا بودند (شکل ٤).

در سطح غیرتنش، محک قدس بهترین محک بود و اثر GCA یک ژنوتیپ را می‌توان از طریق ارزش هیبرید آن والد با محک قدس ارزیابی کرد (شکل ٥). در مقابل بهار نامطلوب‌ترین محک بود و کمترین ارزش را در توانایی تمایز و نمایندگی دارا بود (شکل ٥). در سطح تنش، الوند نزدیکترین محک به محک ایده‌آل بود و به عنوان بهترین محک انتخاب شد. از سوی دیگر محک مغان دورترین فاصله را با محک ایده‌آل داشت و نامطلوب‌ترین محک بود (شکل ٦).



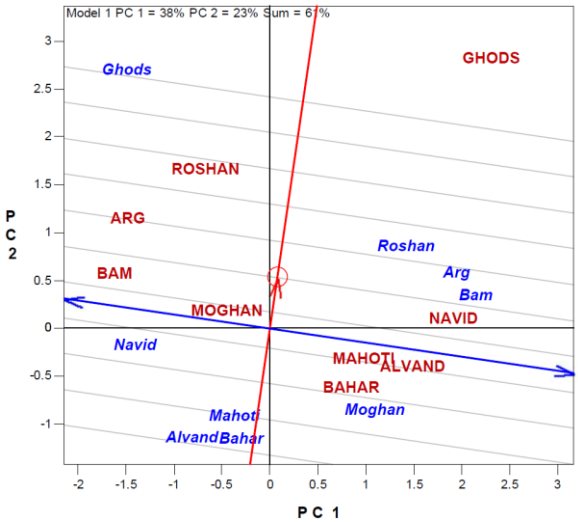
شکل ١- بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عملکرد دانه گندم در شرایط آبیاری

Figure 1. Diallel data biplot for grain yield in normal condition



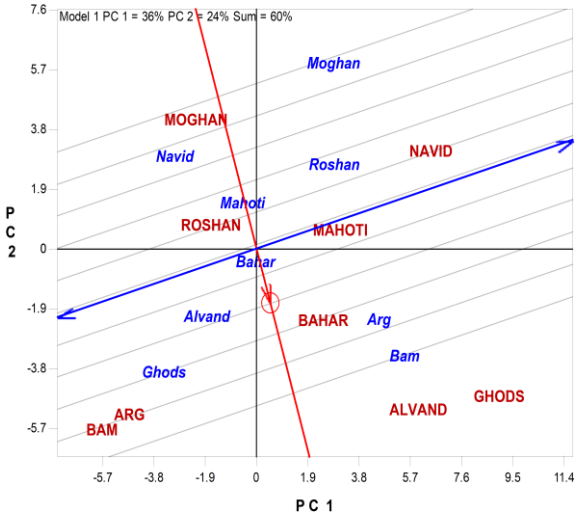
شکل ٢- بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عملکرد دانه گندم در شرایط تنش

Figure 2. Diallel data biplot for grain yield in stress condition



شکل ٣- نمای مختصات متوسط بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عملکرد گندم در شرایط آبیاری

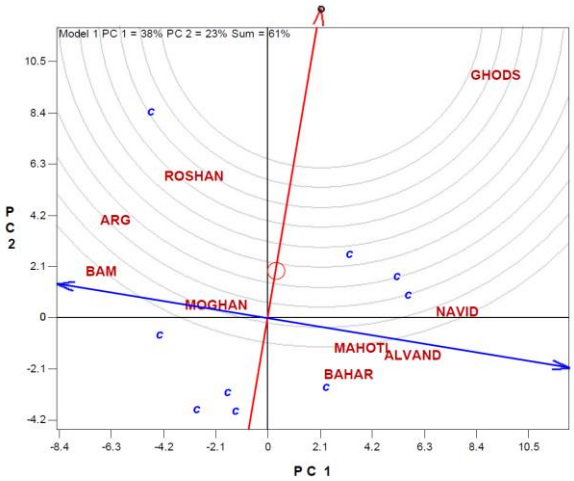
Figure 3. ATC view of diallel data biplot for grain yield in normal condition



شکل ٤- نمای مختصات متوسط بای‌پلات داده‌های دی‌آلل عملکرد گندم در شرایط تنش

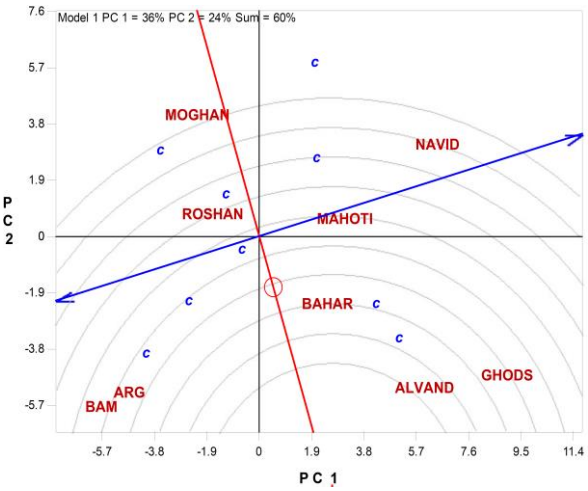
Figure 4. ATC view of diallel data biplot for grain yield in stress condition

در سطح تیمار آبیاری طول بردارهای مربوط به محک‌های مغان، ماهوتی و بهار کوچک بودند و بنابراین قدرت تمایز کمتری داشتند (شکل ٧). در این شکل با در نظر گرفتن محک‌های برخوردار از طول بردار بزرگتر، دو گروه از محک‌ها مشخص هستند: روشن، ارگ و بم از یک سو و قدس و نوید از سمت دیگر. محک‌های روشن، ارگ و بم دارای اثر متقابل مثبت با ژنوتیپ‌های قدس، نوید، الوند، ماهوتی و بهار بودند. به طور مشابه، محک‌های قدس و نوید اثر متقابل مثبت با ژنوتیپ‌های روشن، ارگ، بم و مغان داشتند. این الگوی اثر متقابل به وضوح بروز هتروزیس را در تلاقی‌های (روشن، ارگ و بم) × (قدس و نوید) نشان می‌دهد. بنابراین انتظار می‌رود روشن، ارگ و بم از یک سو و قدس و نوید دو گروه هتروتیک مختلف باشند (شکل ٧). در سطح تنش انتظار می‌رود دو گروه بم و ارگ به عنوان یک گروه و قدس و الوند به عنوان گروه دیگر بهترین هیبریدها را نتیجه دهند (شکل ٨).



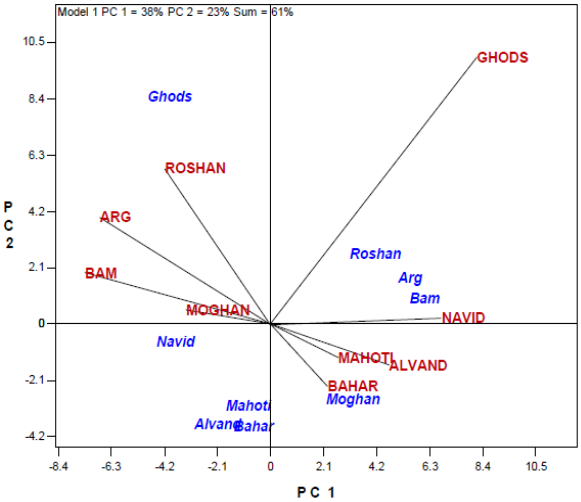
شکل ۵- مقایسه والدین به عنوان محک‌ها با محک ایده‌آل در شرایط آبیاری

Figure 5. Comparison of parents as testers with ideal tester in normal condition



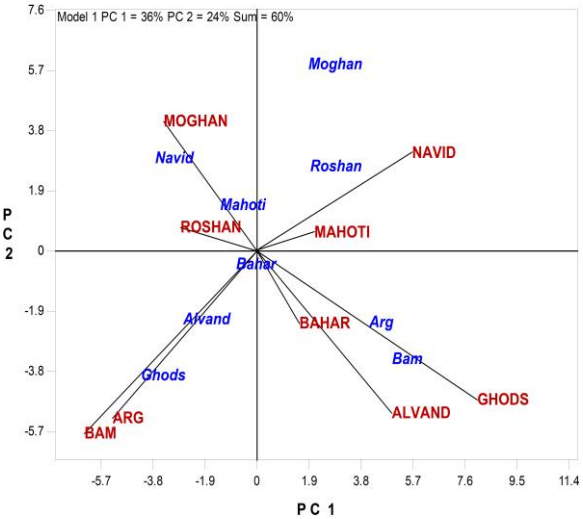
شکل ٦- مقایسه والدین به عنوان محک‌ها با محک ایده‌آل در شرایط تنش

Figure 6. Comparison of parents as testers with ideal tester in stress condition



شکل ۷- نمای بردار محک بای‌پلات داده‌های دی‌آلل گندم در شرایط آبیاری

Figure 7. Tester vector view for wheat diallel data in normal condition



شکل ۸- نمای بردار محک بای‌پلات داده‌های دی‌آلل گندم در شرایط تنش

Figure 8. Tester vector view for wheat diallel data in stress condition

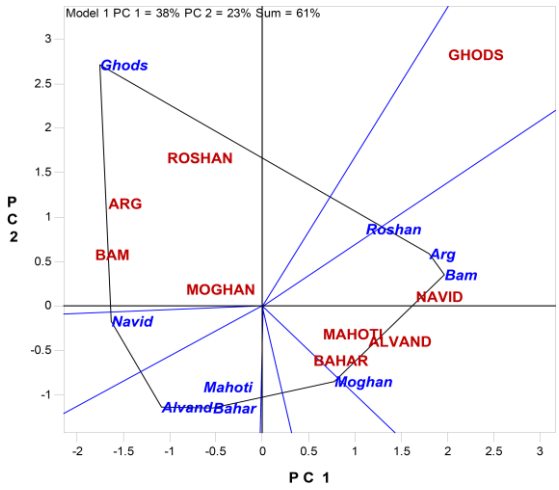
محک‌های مغان و نوید با وجود طول بردار بلند نسبت به اندازه بای‌پلات به دلیل این که دورترین فاصله را با محک ایده‌آل داشتند (شکل ٦) زوج مناسبی برای تلاقی با ژنوتیپ‌ها نبودند. از آنجایی که ارزش یک هیبرید برتر توسط ترکیب GCA و SCA تعیین می‌شود و با توجه به بای‌پلات‌های موجود و برآورد اثرات GCA والدین و SCA تلاقی‌ها در جدول‌های ٤ و ٥، مشاهده می‌شود که والدین تشکیل دهنده گروه‌های هتروتیک و هیبریدهای آن‌ها به ترتیب از GCA و SCA بالایی برخوردار هستند و توانایی تولید هیبرید برتر برای عملکرد دانه را دارند.

در شکل ۹ برای شرایط آبیاری مشاهده می‌شود که والد قدس بهترین زوج تلاقی با محک‌های روشن، ارگ، بم و مغان بود. والد ارگ بهترین زوج تلاقی با محک قدس بود. والد بم به عنوان ژنوتیپ با محک‌های نوید، الوند و ماهوتی بهترین زوج تلاقی بود. محک بهار در بخش مغان قرار گرفت که نشان می‌دهد مغان بهترین زوج تلاقی با بهار

است. در بخش‌های نوید، الوند و بهار هیچ محکی قرار نداشت که نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها زوج تلاقی مناسبی با هیچ یک از ژنوتیپ‌ها نبودند (شکل ۹). در سطح تنش در بخش مغان محک نوید قرار داشت که نشان دهنده این است که مغان بهترین زوج تلاقی با نوید است. از سوی دیگر در بخش نوید محک‌های مغان و روشن قرار داشتند و نوید بهترین زوج تلاقی با این دو محک بود (شکل ۱۰). محک‌های قدس، الوند و بهار در بخش ژنوتیپ بم قرار داشتند بنابراین بم بهترین زوج تلاقی با این محک‌ها بود. از آنجا که محک بم در این بخش وجود نداشت، کلیه تلاقی‌های فوق، هتروتیک بودند. در بخش قدس، محک-های ارگ و بم وجود داشتند. بنابراین قدس بهترین زوج تلاقی با محک‌های ارگ و بم بود (شکل ۱۰). اکثر پیش-بینی‌های انجام شده را می‌توان از داده‌های موجود در جدول ۳ تایید کرد ولی برخی از این نتایج با داده‌ها مطابقت نداشتند. این چنین اختلاف‌هایی مورد انتظار هستند چرا که بای‌پلات‌ها به ترتیب ٦٠ و ٦١ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. از آنجا که داده‌ها حاوی خطا هستند و از آنجا که بای‌پلات چنین پیش‌بینی‌ها را بر اساس الگوی کلی داده-ها انجام می‌دهد، احتمالاً پیش‌بینی‌ها نسبت به مشاهدات انفرادی قابلیت اطمینان بیشتری دارند (Yan and Hunt, 2002).

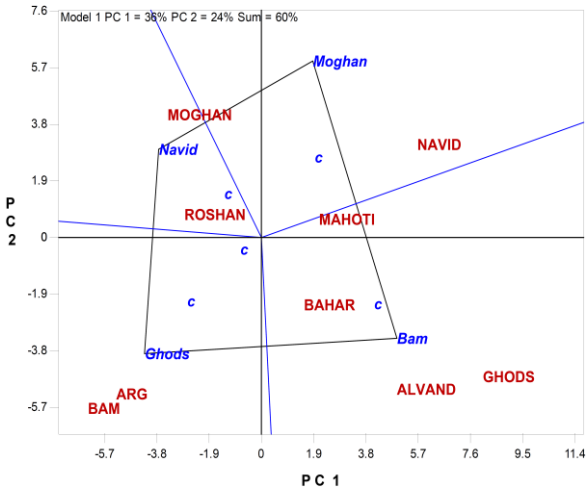
در مقایسه با روش‌های متداول تجزیه دی‌آلل، تجسم گرافیکی داده‌ها به طور فراوانی توانایی به‌نژادگر برای درک روابط داده‌ها (ژنوتیپ‌ها) را افزایش می‌دهد. بای‌پلات به صورت گرافیکی GCA و SCA ژنوتیپ‌ها، بهترین زوج تلاقی برای هر ژنوتیپ، گروه‌های هتروتیک و بهترین تلاقی‌ها را نمایش می‌دهد. این اطلاعات به به‌نژادگر برای تمرکز بر تعداد کمی از والدین و تلاقی‌ها در مطالعات بعدی کمک می‌کند (Yan and Hunt, 2002). روش بای‌پلات سعی در تفسیر تنوع فنوتیپی تلاقی‌ها توسط شناخت والدین دارد در حالی که روش متداول تجزیه دی-آلل برای توصیف عملکرد فنوتیپی تلاقی‌ها طراحی شده است (Yan and Hunt, 2002). رویکرد بای‌پلات، شناسایی والدین را از طریق دو بعد GCA و SCA ممکن می‌سازد (Yan and Kang, 2003). اگر چه ممکن است بای‌پلات تمام تنوع موجود در داده‌ها را توجیه نکند ولی می‌توان اطمینان داشت که بای‌پلات مؤلفه‌های اصلی اول و دوم مهم‌ترین الگوهای موجود در داده‌ها را نمایش می‌دهد (Yan and Hunt, 2002). کارایی روش بای‌پلات در تفسیر داده‌های دی‌آلل در گندم اثبات شده است (Yan and Hunt, 2002; Mostafavi and Zabet, 2013). مقایسه نتایج تجزیه متداول با نتایج گرافیکی مطابقت خوب بین این دو روش را نشان داد. با توجه به برخورداری روش بای‌پلات از مزایای تفسیر سریع‌تر و ساده‌تر، استفاده از این روش توصیه می‌شود.

با توجه به معنی‌داری واریانس‌های GCA و SCA و بالا بودن نسبت واریانس GCA به SCA، عملکرد دانه در هر دو سطح تنش و غیر تنش تحت کنترل آثار افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها با سهم بیشتر آثار افزایشی بود. با توجه به وجود تنوع ژنتیکی بین ارقام و هیبریدها برای GCA و SCA امکان گزینش ژنوتیپ‌های برتر جهت افزایش عملکرد دانه در شرایط تنش و غیر تنش وجود دارد. بنابراین می‌توان ابتدا با انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از عمل افزایشی ژن‌ها استفاده نمود و سپس با تلاقی ژنوتیپ‌های انتخابی از عمل غیر افزایشی ژن‌ها نیز استفاده کرد. به طور کلی با توجه به نتایج کسب شده، ارقام بم، قدس و ارگ علاوه بر تحمل به تنش و حفظ عملکرد در شرایط تنش خشکی توانایی انتقال این ویژگی‌ها به هیبریدها را نیز داشتند و از آن‌ها می‌توان در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود تحمل به تنش استفاده کرد. در صورتی که ترکیب‌پذیری عمومی و میانگین عملکرد این ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شوند، از این سه والد می‌توان در برنامه تولید هیبرید برای بهبود ارقام دارای عملکرد دانه بیشتر استفاده کرد. از سوی دیگر در صورتی که ترکیب‌پذیری خصوصی و میانگین عملکرد تلاقی‌ها در نظر گرفته شوند، نسل F_1 تلاقی‌ها نظیر ارگ × قدس، بم × الوند، بم × قدس و نوید × مغان برای بهبود عملکرد دانه موثر هستند.



شکل ۹- نمای چند ضلعی بای‌پلات داده‌های دی‌آلل در شرایط آبیاری

Figure 9. Polygon view for diallel data in normal condition



شکل ۱۰- نمای چند ضلعی بای‌پلات داده‌های دی‌آلل در شرایط تنش

Figure 10. Polygon view for diallel data in stress condition

References

Borghi, B. and Perenzin, M. (1994). Diallel analysis to predict heterosis and combining ability for grain yield, Yield components and bread making quality in bread wheat (*T. aestium*). *Theoretical and Applied Genetics*, **89** (7-8): 815-981.

Farshadfar, E. and Hasheminasab, H. (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.

Farshadfar, E. and Hasheminasab, H. (2013). Biplot analysis for detection of heterotic crosses and estimation of additive and dominance components of genetic variation for drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agriculture Communication*, **1**(1): 1-7.

Gomez, K.A. and Gomez, A.A. (1984). *Statistical procedures for agricultural research*. John Wiley & Sons, New yourk, 680 p.

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.

Hallauer, A.R., Carena, M.J. and Miranda Filho, J.B. (2010). *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York.

Jinks, J.L. and Jones, M.R. (1958). Estimation of the components of heterosis. *Genetics*, **43**(2): 223-234.

Joshi, S.K., Sharma, S.N., Singhania, D.L. and Sain, R.S. (2004). Combining ability in the F_1 and F_2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Hereditas*, **141**(2): 115-121.

Kumar, D., Kerkhi, S.A., Singh, G. and Singh, J.B. (2015). Estimates of genetic parameters for grain yield, agro-morphological traits and quality attributes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Agricultural Science*, 85(5): 622–627.

Ljubičić, N., Petrović, S., Dimitrijević, M., Hristov, N., Vukosavljev M. and Srećkov, Z. (2014). Diallel analysis for spike length in winter wheat. *Turkish Journal of Agricultural and National Sciences*, **2**: 1455-1459.

Ljubičić, N., Petrović, S., Kostic, M., Dimitrijević, M., Hristov, N., Kondic-spika, A. and Jevtic, R. (2017). Diallel analysis of some important grain yield traits in bread wheat crosses. *Turkish Journal of Field Crops*, **22**(1): 1-7.

Mohammadi, M. and Roustaie, M. (2016). Estimation of Genetic Parameters of Grain Yield and Some Agronomic Traits in Bread Wheat Using Diallel Crosses. *Plant Genetic Researches*, **2** (2) :57-72 (In Persian).

Mostafavi, K. and Zabet, M. (2013). Genetic study of yield and some agronomic traits in bread wheat using biplot of diallel data. *Seed and Plant Improvement Journal*, **29**(3): 503-518 (In Persian).

Nezhadahmadi, A., Prodhan, Z.H. and Faruq, G. (2013). Drought tolerance in wheat. *The Scientific World Journal*, 2013: 1-12.

Raj, P. and Kandalkar, V.S. (2013). Combining ability and heterosis analysis for grain yield and its components in wheat. *Jouranl of Wheat Research*, **5**(1): 45-49.

Sadeghzadeh-Ahari, D., Sharifi, P., Karimizadeh, R. and Mohammadi, M. (2015). Estimation of Genetic Parameters of Morphological Traits in Rainfed Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.) using Diallel Method. *Plant Genetic Research*es, **2** (1): 45-62 (In Persian).

SAS Institute. (2002). *SAS user's guide: Statistics version 9 for windows*. SAS Institute, Carry, NC.

Yan, W. (2001). GGEbiplot—a Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, **93**(5): 1111-1118.

Yan, W. and Hunt, L.A. (2002). Biplot analysis of diallel data. *Crop Science*, **42**(1): 21-30.

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.

Yao, J., Ma, H., Yang, X., Yao, G. and Zhou, M. (2014). Inheritance of grain yield and its correlation with yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *African Journal of Agricultural Research*, **13**(12): 1379-1385.

Zare-kohan, M. and Heidari, B. (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): 74-80.

Zare-kohan, M. and Heidari, B. (2014). Diallel cross study for estimating genetic components underlying wheat grain yield. *Journal of Biological and Environmental Sciences*, **8**(22): 37-51.

Zhang, Y. and Kang, M.S. (1997). DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. *Agronomy Journal*, **89**(2): 176-182.

Zobel, B. and Talbert, J. (1984). Applied Forest Tree Improvement. John Wiley & Sons, New Yourk, U.S.A.

Biplot Analysis of Diallel Data for Water Deficit Stress Tolerance in Wheat

Mohammad Motamedi[1,*] and Parviz Safari[2]

1- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Shoushtar Branch, Islamic Azad University, Shoushtar, Iran
2- Young Researchers Club, Ahvaz Branch, Islamic Azad University, Ahvaz, Iran

(Received: May 30, 2017 – Accepted: October 18, 2017)

Abstract

Drought stress is one of the most important factors involved in reducing wheat production and identifying genetic structure and gene action type in controlling grain yield in water stress condition is essential for choosing appropriate breeding methods. In this study, 9×9 one way diallel crosses were used to study the genetic structure of wheat grain yield at stress and non- stress conditions. Combining ability analysis by the second Griffing method for both conditions resulted in significant GCA and SCA variances, representing grain yield may be controlled by additive and non- additive effects of genes. The results of applying combining ability analysis indicated that among the parents, genotypes Ghods and Bam had the highest GCA for grain yield and the best specific crosses were Arg × Ghods, Navid × Moghan, Bam × Alvand (for both irrigation regimes) and Bam × Ghods (in stress condition). Biplot analysis of diallel data was used to display GCA and SCA for parents and to determine heterotic groups and the best crosses. In general, according to the results, Bam, Ghods and Arg were tolerant cultivars and had the ability to maintain yield in drought stress condition as well as to transfer these properties to the hybrids. So these genotypes can be used to improve stress tolerance in breeding programs.

Keywords: Diallel, General Combining Ability, Specific Combining Ability, Water deficit stress, Wheat

* **Corresponding Author, E-mail: m.motamedi@iau.ac.ir**