

## تحقیقات غلات

دوره ششم / شماره سوم / پاییز ۱۳۹۵ (۳۸۳-۳۶۷)

 شناسایی ترکیب‌های هتروتیک برای ویژگی‌های چسبندگی دانه برنج با استفاده از  
 روش GGE بای پلات

 مهرزاد اله‌قلی پور<sup>۱\*</sup> و بابک ربیعی<sup>۲</sup>

تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۱۲

تاریخ دریافت: ۹۴/۶/۱۷

## چکیده

روش GGE بای پلات یکی از روش‌های مناسب برای تجزیه و تحلیل داده‌هایی است که ساختار دوطرفه دارند. در این تحقیق، از روش GGE بای پلات جهت شناسایی ترکیب‌های امیدبخش هتروتیک برای ویژگی‌های چسبندگی دانه برنج در نتاج حاصل از تلاقی‌های دای آلل کامل ۸×۸ استفاده شد. در تلاقی‌های مستقیم، والدین دیلمانی، IR50، RI1843046 و RI184421 به عنوان ترکیب‌شونده‌های عمومی برای صفت حداکثر چسبندگی شناسایی شدند، در حالی که در تلاقی‌های معکوس، فقط والد RI184421 بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای این صفت بود. والدین RI1843046 و RI184421 برای صفت فروریختگی و والدین BC4، دیلمانی و طارم‌محلی برای صفت چسبندگی نهایی به عنوان ترکیب‌شونده‌های عمومی خوب در نتاج تلاقی‌های مستقیم بودند، اما در تلاقی‌های معکوس، والد RI1843046 تنها ترکیب‌شونده عمومی خوب برای این دو صفت بود. برای صفت پس‌روی چسبندگی نیز اگرچه به ترتیب والدین BC4 و RI184421 بهترین ترکیب‌شونده عمومی در نتاج تلاقی‌های مستقیم و معکوس بودند، اما برای این صفت، والد دیلمانی ترکیب‌شونده عمومی خوبی در هر دو گروه نتاج بود. نتایج این تحقیق نشان داد که تلاقی‌های RI184472 × RI1843046، دیلمانی × RI184472 و IR50 × دیلمانی برای صفت حداکثر چسبندگی، لاین ۲۳ × RI1843046، دیلمانی × RI184472 و طارم‌محلی × RI184472 برای صفت فروریختگی، RI184472 × RI1843046 و IR50 × RI184421 برای صفت چسبندگی نهایی و BC4 × RI1843046 و لاین ۲۳ × دیلمانی برای صفت پس‌روی چسبندگی به‌عنوان بهترین ترکیب‌شونده‌های خصوصی بودند. ترکیب‌شونده‌های عمومی خوب جهت تشکیل یک جمعیت مناسب و ترکیب‌شونده‌های خصوصی خوب به‌عنوان ترکیب‌های هتروتیک مناسب جهت تولید نتاج دارای ویژگی‌های چسبندگی مطلوب پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: ترکیب‌پذیری خصوصی، ترکیب‌پذیری عمومی، دای آلل، کیفیت دانه

۱- استادیار پژوهش، بخش اصلاح و تهیه بذر، موسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران

۲- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ایران

 \* نویسنده مسئول: [alahgholipour@yahoo.com](mailto:alahgholipour@yahoo.com)

## مقدمه

دستیابی به ارقام جدید برنج با عملکرد مناسب و کیفیت پخت مطلوب یکی از اهداف مهم به‌نژادی در ایران به شمار می‌آید. در دهه‌های گذشته، صفاتی مانند عملکرد دانه، تیپ بوته و مقاومت به امراض و خوابیدگی بیشتر مورد توجه به‌نژادگران برنج بوده است که بر این اساس ارقامی مانند خزر، سپیدرود، کادوس، درفک و گوهر در استان گیلان و ارقام ندا، نعمت، فجر، شفق و شیروودی در استان مازندران معرفی شده‌اند. ارقام اصلاح‌شده مذکور، علی‌رغم پنجه‌زنی بالا و مقاومت نسبت به بیماری بلاست و عملکرد بالا، به دلیل ضعف خصوصیات کیفی در رقابت با ارقام بومی توفیق چندانی نداشته‌اند و با استقبال کم در بازار مواجه و به قیمت نازل‌تری خریداری می‌شوند، در حالی که ارقام محلی با وجود عملکرد پائین، حساسیت به آفات، بیماری‌ها و خوابیدگی، به دلیل داشتن کیفیت پخت و خوراک مطلوب و عطر و طعم مطبوع و بازارپسندی بسیار خوب، سطح زیادی از اراضی شالیزاری ایران را به خود اختصاص می‌دهند (Allahgholipour et al., 2012). بنابراین در حال حاضر، به منظور پاسخ‌گویی به نیاز و خواسته کشاورزان، دسترسی به ارقام زودرس و پرمحصول کیفی مشابه با ارقام محلی از اهداف مهم اصلاحی در برنج به شمار می‌آید.

وجود شاخص‌های متفاوت جهت ارزیابی کیفیت، سلائق متنوع مصرف‌کننده، پیچیدگی و تحت تاثیر محیط بودن صفت، نبود ابزار و امکانات مناسب برای ارزیابی دقیق خصوصیات مرتبط با کیفیت دانه و از همه مهم‌تر وجود ارتباط منفی بین عملکرد و کیفیت دانه از عوامل محدودکننده و عدم موفقیت در جهت دستیابی به ارقام پرمحصول کیفی با طول دوره رشد مناسب به حساب می‌آید (Rabiei et al., 2004; Allahgholipour et al., 2010). برای بررسی کیفیت پخت دانه در ارقام مختلف برنج، سه فاکتور اساسی و تعیین‌کننده شامل میزان آمیلوز، دمای ژلاتینی‌شدن و میزان ثبات و قوام ژل مورد توجه قرار می‌گیرند و ارقامی که دامنه متوسطی از هر سه خصوصیت را داشته باشند، به عنوان ارقام با کیفیت پخت مطلوب معرفی می‌شوند (Mo et al., 1993). در ایران، ارقام اصلاح‌شده‌ای که تا کنون معرفی شده‌اند از نظر این سه خصوصیت مشابه ارقام محلی هستند، اما کیفیت پخت آنها بسیار پایین‌تر از ارقام محلی است. حتی این موضوع در میان ارقام محلی نیز دیده

می‌شود، به‌طوری که ارقامی مثل هاشمی، حسن‌سرای، غریب، سالاری، بینام و دمسیاه با وجود مشابه بودن دامنه فاکتورهای تعیین‌کننده پخت، از نظر کیفیت پخت کاملاً متفاوت هستند. جالب اینکه اغلب ارقام محلی از نظر دامنه میزان پروتئین موجود در دانه با یکدیگر اختلاف چندانی ندارند که دلیلی بر تفاوت آنها از نظر کیفیت پخت باشد (Allahgholipour et al., 2012). بنابراین پارامترهای مذکور به تنهایی نمی‌توانند نشان‌دهنده کیفیت پخت در ارقام مختلف برنج باشند.

گزارش‌های مختلف نشان می‌دهد که بسیاری از ارقام برنج که دارای میزان آمیلوز مشابهی هستند، ویژگی‌های متفاوتی از نظر پارامترهای چسبندگی دانه‌های نشاسته دارند. بنابراین، پیشنهاد شده است که ویژگی‌های چسبندگی نشاسته نیز می‌توانند در تعیین کیفیت پخت برنج مؤثر باشند (Juliano, 1990; Shu et al., 1998). ویژگی‌های چسبندگی دانه‌های نشاسته با استفاده از دستگاه رپید ویسکو آنالایزر (Rapid Visco Analyser) اندازه‌گیری می‌شوند (AACC, 1995) و نقش مهمی را در تعیین کیفیت خوراک و چگونگی کیفیت پخت برنج بازی می‌کنند (Wang et al., 2007) و به عنوان یک اختلاف ثانویه مهم در ارقام دارای میزان آمیلوز مشابه تلقی می‌شوند (Shu, 1996). به طور کلی، ویژگی‌های مهم و مرتبط با چسبندگی شامل حداکثر چسبندگی (Peak Viscosity)، فروریختگی (Breakdown) و چسبندگی نهایی (Final Viscosity) و پس‌روی چسبندگی (Setback Viscosity) است که توصیف‌کننده منحنی درجه حرارت ژلاتینی‌شدن در زمان پخته‌شدن هستند (Bergman et al., 2004) و رابطه نزدیکی با کیفیت پخت و خوراک ارقام دارند (Wu et al., 2001a, b).

دست یافتن به ارقام برنج با عملکرد بالا و کیفیت پخت مطلوب، مستلزم وجود تنوع ژنتیکی کافی، ارزیابی و انتخاب والدین مناسب، انجام تلاقی‌های هدفمند، تهیه جمعیت‌های اصلاحی مناسب، تعیین نوع عمل ژن‌های کنترل‌کننده صفات و تعیین روش‌های اصلاحی مرتبط با آنها است (Chen and Zhu, 2002). مشخص شده است که تعیین ترکیب‌پذیری در جوامع گیاهی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است، به‌ویژه آنکه مطالعه دقیق ترکیب‌پذیری می‌تواند در انتخاب والدین و روش‌های اصلاحی لاین‌ها در ترکیبات هیبریدی مفید واقع شود.

هتروتیک مناسب برای ویژگی‌های چسبندگی نشاسته در برنج انجام شده است.

### مواد و روش‌ها

مواد گیاهی استفاده شده در این پژوهش شامل هشت رقم دیلمانی (A)، طارم محلی (B)، RI1843046 (هاشمی × صالح) (C)، لاین ۲۳ (IR75479-199-3-3) (D)، IR50 (E)، RI184421 (حسن سرایی × سپیدرود) (F)، RI184472 (غریب × سپیدرود) (G) و لاین حاصل از تلاقی برگشتی [آبجی بوجی × (آبجی بوجی × صالح)] (H) به همراه نتاج (۵۶ فقره F<sub>1</sub>) حاصل از تلاقی دای آلل کامل آن‌ها بود که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی موسسه تحقیقات برنج کشور در سال ۱۳۹۲ کشت شدند و خصوصیات چسبندگی نشاسته شامل حداکثر چسبندگی (Peak Viscosity)، فروریختگی (Breakdown Viscosity)، چسبندگی نهایی (Final Viscosity) و پس‌روی چسبندگی (Setback Viscosity) با استفاده از دستگاه رپید ویسکو آنالایزر (RVA-3D model, Newport Scientific, Syney, Australia) مورد بررسی قرار گرفتند (AACC, 1995). ارقام والدینی حاصل نتایج مطالعات اله‌قلی‌پور و همکاران (Allahgholipour et al., 2014) بود که با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره پیوسته با کیفیت پخت از بین ۹۴ ژنوتیپ مختلف برنج انتخاب شدند. برای تجزیه داده‌های دای آلل از روش تجزیه رگرسیون مکانی GGE بای پلات (Yan et al., 2001; Yan and Kang, 2003) با استفاده از نرم‌افزار GGE biplot ver 3.8 استفاده شد. در روش GGE بای پلات از رابطه (۱) بر اساس تجزیه به مقادیر منفرد (Singular value decomposition) استفاده شد:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \sum \lambda_i \xi_{ij} \eta_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

در این رابطه،  $Y_{ij}$  میانگین ژنوتیپ  $i$  در محیط  $j$ ،  $\mu$  میانگین کل،  $\beta_j$  اثر اصلی محیط  $j$ ،  $\lambda_i$  مقادیر منفرد برای مولفه اصلی  $i$  (PC<sub>i</sub>,  $i=1,2$ ) و برای بای پلات دو بعدی،  $\eta_{ij}$  بردار ویژه محیط  $j$  برای PC<sub>1</sub> و  $\varepsilon_{ij}$  باقیمانده مدل است. برای مقیاس‌بندی متقارن (Symmetrical scaling) بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و تسترها به ترتیب از روابط (۲) و (۳) استفاده شد:

شناسایی ترکیب‌های هتروتیک برای خصوصیات چسبندگی برنج مشخص کردن ترکیب‌پذیری لاین‌ها و تعیین بخش افزایشی و غیرافزایشی واریانس ژنتیکی در کنترل صفات، اساس تصمیم‌گیری در مورد نحوه استفاده از ژرم‌پلاسم‌های موجود است (Hallauer 1990; Aminu, and Izge, 2013; Abdel-Moneam et al., 2014). معمولاً اصلاح‌گران نبات، برای برآورد ترکیب‌پذیری‌ها، شناسایی والدین مناسب و گروه‌های هتروتیک، ترکیبات هتروتیک امیدبخش و تعیین وراثت‌پذیری و عمل ژن‌های کنترل‌کننده خصوصیات مختلف در گیاهان از تجزیه‌های ژنتیکی مانند تلاقی‌های دای آلل استفاده می‌کنند. تحلیل و استنباط نتایج حاصل از تجزیه دای آلل با استفاده از روش گریفینگ بدون کمک گرفتن از نمودار بسیار پیچیده و مشکل است (Dehghani et al., 2012). اخیراً یان و هانت (Yan and Hunt, 2002) با استفاده از ویژگی‌های نمودار بای پلات و روش چندمتغیره تجزیه به مولفه‌های اصلی، روش نوین GGE بای پلات را برای تجزیه و تحلیل داده‌های دای آلل معرفی کردند. این روش، توانایی تحلیل تجزیه واریانس فنوتیپی به منظور برآورد و تشریح ترکیب‌پذیری‌ها و ارتباط بین والدین را بر اساس نمایش گرافیکی توسعه داده است. اگرچه روش بای پلات برای آزمایش‌های ناحیه‌ای طراحی شده است (Cooper et al., 2001; Yan et al., 2000; Yan et al., 1997)، اما امکان کاربرد آن برای همه داده‌های دو طرفه که ساختار ژنوتیپ-تستر دارند، از جمله داده‌های آزمایش دای آلل که در آن هر والد هم انتری (Entry) و هم یک تستر می‌باشد، فراهم است (Yan and Hunt, 2002).

گزارش‌های متعددی مبنی بر کاربرد روش GGE بای پلات برای تجزیه داده‌های دای آلل در گیاهان متفاوت وجود دارد که از هر والد هم به عنوان ژنوتیپ و هم به عنوان تستر جهت بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی استفاده شده است (Rastogi et al., 2011; Farshadfar et al., 2012; Sharifi, 2012 and 2013). روش GGE بای پلات یان نسبت به روش کلاسیک دای آلل به دلیل برآورد توأم آثار ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی جمعیت و شناسایی دقیق تلاقی‌های هتروتیک ترجیح داده می‌شود (Bertoia et al., 2006). این مطالعه با هدف تجزیه و تحلیل داده‌های دای آلل با استفاده از روش GGE بای پلات جهت برآورد ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و شناسایی ترکیب‌های

2002). نمایش چندضلعی نمودار بای‌پلات روش بسیار مناسبی برای بررسی الگوها و تفسیر اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و تسترها است. از نمودار چندوجهی برای تشخیص بهترین هیبریدهای ممکن از تلاقی بین ژنوتیپ‌ها و تسترها استفاده شد. این چندوجهی از طریق وصل کردن ژنوتیپ‌هایی حاصل می‌شود که بیشترین فاصله را از مبدأ مختصات دارند، به طوری که سایر ژنوتیپ‌ها داخل این چندضلعی قرار می‌گیرند. خطوط عمودی که از مبدأ بای‌پلات شروع شده و عمود بر اضلاع چندوجهی بوده و بای‌پلات را به منظور تفکیک نواحی مختص هر ژنوتیپ به چند ناحیه تقسیم می‌کنند ترسیم می‌شود (Yan and Hunt, 2002).

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس دای‌آل به روش گریفینگ با استفاده از روش اول تحت مدل ثابت برای صفات چسبندگی دانه نشان داد که تفاوت بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. معنی‌دار بودن والدین و تلاقی‌های حاصل از آن‌ها بیانگر وجود تنوع ژنتیکی لازم بین آن‌ها می‌باشد و بدین ترتیب انجام تجزیه دای‌آل برای صفات مورد مطالعه امکان‌پذیر و امکان تفکیک واریانس ژنتیکی به اجزای آن شامل واریانس‌های ترکیب‌پذیری عمومی، خصوصی و اثر معکوس فراهم شد (جدول ۱). اله‌قلی‌پور و همکاران (Allahgholipour et al., 2011) با مطالعه ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی خصوصیات چسبندگی در لاین‌های والدینی برنج هیبرید گزارش کردند که اثر تلاقی‌ها برای این صفات دارای اختلاف بسیار معنی‌داری هستند.

$$\eta_{ji}^* = \lambda_1^{1/2} \eta_{ji} = \eta_{ji} \lambda_1^{1/2} \quad (3)$$

مقدار منفرد برای یک مولفه اصلی برابر ریشه دوم مجموع مربعات توجیه شده توسط آن مولفه اصلی است. بنابراین ریشه دوم مقادیر منفرد برای مولفه اصلی  $k$ ام بر اساس رابطه زیر به دست آمد:

$$\lambda_1^{1/2} = (x_1 n)^{1/4} \quad (4)$$

در این رابطه،  $x_1$  مقدار منفرد برای مولفه اصلی  $k$ ام و  $n$  تعداد ژنوتیپ است. پس از مقیاس‌بندی متقارن بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، مقادیر مورد نیاز برای رسم نمودارهای بای‌پلات حاصل می‌شود (Yan and Kang, 2003). از نمودار بای‌پلات برای تعیین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، بهترین تستر و بهترین هیبریدها استفاده شد. فاصله افقی هر ژنوتیپ از محور مختصات تستر متوسط (Average Tester Coordinate) و آن هم در جهت محور افقی بیانگر مقدار مثبت ترکیب‌پذیری عمومی است. ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها با استفاده از موقعیت میانگین تسترها تعیین شد. بدین منظور از مبدأ مختصات خطی به میانگین تسترها وصل و به دو طرف ادامه یافت تا دیواره‌های نمودار را قطع کند. این خط همان مختصات تستر متوسط است. ژنوتیپ‌هایی که در انتهای مثبت و منفی این خط قرار می‌گیرند، به ترتیب دارای بیشترین و کمترین ترکیب‌پذیری عمومی هستند (Yan and Kang, 2003). تستری به عنوان بهترین تستر در ترکیب با سایر ژنوتیپ‌ها شناخته می‌شود که در مرکز نقطه دایره مرکزی تستر متوسط باشد. در واقع تستر ایده‌آل ژنوتیپی است که کمترین فاصله را با محور افقی مختصات تستر متوسط داشته و در جهت این محور باشد (Yan and Hunt, 2003).

جدول ۱- تجزیه واریانس ساده خصوصیات چسبندگی دانه برنج در تلاقی دای‌آل کامل  $8 \times 8$

Table 1. Simple analysis of variance for paste viscosity properties of rice grain in a  $8 \times 8$  full diallel crosses

منابع تغییرات Source of variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean square			
		حداکثر چسبندگی Peak viscosity	فروریختگی Breakdown viscosity	چسبندگی نهایی Final viscosity	پس‌روی چسبندگی Setback viscosity
تکرار Replication	2	2.08 <sup>ns</sup>	4.56 <sup>ns</sup>	0.49 <sup>ns</sup>	0.22 <sup>ns</sup>
ژنوتیپ Genotype	63	2295.31 <sup>**</sup>	1044.24 <sup>**</sup>	1235.94 <sup>**</sup>	159.34 <sup>**</sup>
خطای آزمایش Error	126	6.06	5.84	3.90	6.14

<sup>ns</sup>, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال ۵٪ و ۱٪.

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

تحقیقات غلات / دوره ششم / شماره سوم / پاییز ۱۳۹۵

واریانس افزایشی ژن‌ها بسیار بیشتر از واریانس غیرافزایشی بود، در حالی که برای دو صفت چسبندگی نهایی و پس‌روی چسبندگی، سهم آثار مادری بیش از دو اثر دیگر بود (جدول ۲). کتو و همکاران (Kuo *et al.*, 1997) ترکیب‌پذیری ویژگی‌های چسبندگی را با استفاده از روش دای‌آلل دو طرفه مورد ارزیابی قرار دادند و گزارش کردند که این پارامترها دارای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی معنی‌دار در ارقام برنج بوده و در کنترل این ویژگی‌ها هر دو اثر افزایشی و غالبیت دخالت دارند.

شناسایی ترکیب‌های هتروئیک برای خصوصیات چسبندگی برنج نتایج حاصل از تجزیه دای‌آلل برای محاسبه میانگین مربعات ترکیب‌پذیری‌ها نشان داد که واریانس‌های ترکیب‌پذیری عمومی، خصوصی و اثر معکوس برای ویژگی‌های چسبندگی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که بیانگر اختلاف بین والدین، تلاقی‌های مستقیم و معکوس می‌باشد و نقش واریانس‌های افزایشی، غیرافزایشی و مادری در توارث این صفات را نشان می‌دهد. معنی‌دار بودن نسبت واریانس GCA به SCA و بالا بودن نسبت بیکر ( $2MS_{GCA}/(2MS_{GCA}+MS_{SCA})$ ) برای دو صفت حداکثر چسبندگی و فروریختگی نشان داد که سهم

جدول ۲- تجزیه واریانس نتاج دای‌آلل برای ویژگی‌های چسبندگی دانه برنج با استفاده از روش اول گریفینگ با مدل آثار ثابت

Table 2. Analysis of variance of diallel progenies for paste viscosity properties of rice grain using Griffing's first method with fixed effects

منابع تغییرات Source of variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات			
		حداکثر چسبندگی Peak viscosity	فروریختگی Breakdown viscosity	چسبندگی نهایی Final viscosity	پس‌روی چسبندگی Setback viscosity
ترکیب‌پذیری عمومی GCA	7	8353.55 **	3345.92 **	345.34 *	100.64 *
ترکیب‌پذیری خصوصی SCA	28	978.20 **	540.13 **	946.53 **	112.72 **
اثر معکوس Reciprocal effect	28	974.67 **	215.43 **	964.82 **	181.85 **
اشتباه آزمایشی Error	126	2.02	1.95	1.30	2.05
$MS_{GCA}/MS_{SCA}$		8.54 **	6.19 **	0.36 <sup>ns</sup>	0.89 <sup>ns</sup>
$2MS_{GCA}/(2MS_{GCA}+MS_{SCA})$		0.94	0.93	0.42	0.64

<sup>ns</sup>, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال ۵٪ و ۱٪.

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not-significant and significant at 5% and 1% probably levels, respectively.

بر اساس روش گریفینگ، بیشترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی برای صفت حداکثر چسبندگی مربوط به لاین RI184421 (۲۱/۸۷) و کمترین آن مربوط به لاین IR50 (۱۹/۱۹-) بود که در صورت به‌کارگیری آن‌ها در تلاقی‌ها، نتاج حاصل از لاین RI184421 در جهت افزایش و لاین IR50 در جهت کاهش حداکثر چسبندگی عمل می‌کنند (جدول مربوطه ارائه نشده است). فاصله ژنوتیپ تا محور عمودی مختصات تستر متوسط (Average Tester Coordinate=ATC) در روش بای‌پلات نشان‌دهنده اثر ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها و خطوط موازی عمود بر محور افقی ATC رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر اساس ترکیب‌پذیری عمومی نشان می‌دهد (Yan and Hunt, 2002; Yan and

بر اساس روش گریفینگ، بر اساس نمودار ATC برای صفت حداکثر چسبندگی، ترتیب ژنوتیپ‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی در تلاقی‌های مستقیم و معکوس به‌ترتیب به‌صورت F>G>C>D=B>H>A>E و F>C>G>H=B>A>D>E بود. در هر دو تلاقی، ژنوتیپ‌های RI184421 و IR50 به‌ترتیب بیشترین و کمترین ترکیب‌پذیری عمومی را دارا بودند و از این نظر مشابه نتایج به‌دست آمده از طریق تجزیه گریفینگ بوده است. تطابق نتایج در هر دو روش به دلیل بالا بودن سهم دو مولفه اصلی اول در تجزیه بای‌پلات بود. نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات برای صفت حداکثر چسبندگی در تلاقی مستقیم نشان داد که دو مولفه اصلی اول به‌ترتیب ۴۷ و ۲۵ درصد و در مجموع ۷۲ درصد از تغییرات کل را

قرار گرفتن در پایین محور افقی گرایش‌های متفاوتی در ترکیب با تسترهای مختلف را نشان می‌دهند. در بین این ژنوتیپ‌ها، انتری‌های C و f در فاصله دورتری از مبدا قرار دارند و به همین دلیل دارای تمایل بیشتری برای تولید هیبرید بهتر هستند. انتری‌های g, h, b و d با واقع شدن در نزدیکی محور افقی ATC دارای ترکیب‌پذیری خصوصی قابل‌ملاحظه‌ای نیستند. در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های a, g, h, c و b با واقع شدن در بالای محور افقی دارای ترکیب‌پذیری خصوصی مثبت و انتری‌های e, d و f با قرار گرفتن در پایین محور دارای ترکیب‌پذیری خصوصی منفی هستند. در بین این ژنوتیپ‌ها دو انتری a و e با واقع شدن در فاصله دورتری از مبدا مختصات، بالاترین تمایل در ترکیب با سایر تسترها را نشان می‌دهند (شکل ۱).

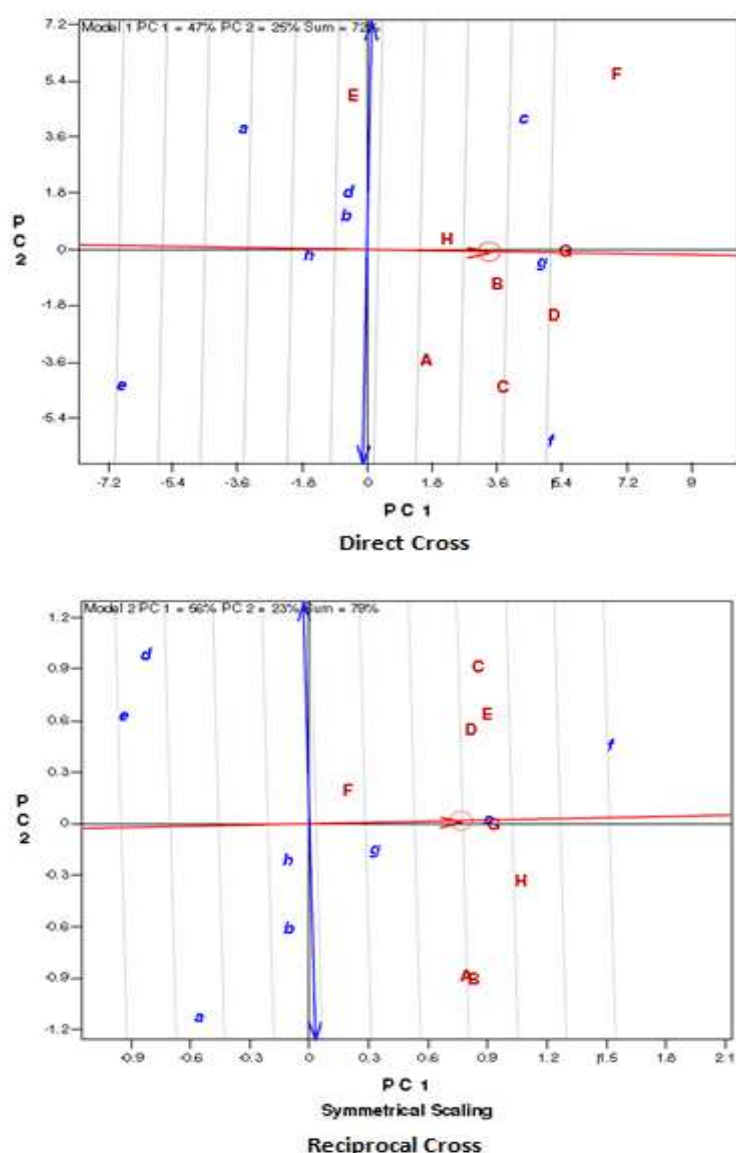
از نمودار چندضلعی برای تشخیص بهترین هیبریدهای ممکن از تلاقی بین انتری‌ها و تسترها استفاده شد. ژنوتیپ‌هایی که در راس‌های چندضلعی قرار گرفته‌اند، بهترین ترکیب‌شونده‌ها با تسترهای بخش خودشان و ضعیف‌ترین ترکیب‌شونده با تسترهای سایر بخش‌ها هستند. ژنوتیپ‌هایی که نزدیک مبدا قرار می‌گیرند ترکیب‌پذیری ضعیفی با تمام تسترها دارند. انتری و تسترهای هر بخش بهترین ترکیبات هیبریدی و گروه‌های هتروتیک را نشان می‌دهند و در هر بخش، بهترین تلاقی هیبریدی بین ژنوتیپ (انتری) راس و تستری است که در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد می‌باشد (Yan and Hunt, 2002; Yan 2001). برای صفت حداکثر چسبندگی در تلاقی مستقیم، ژنوتیپ‌های دیلمانی، RI1843046، RI184421 و IR50 در راس‌های چندضلعی واقع شده‌اند و چندضلعی را به چهار بخش تقسیم می‌نمایند. با توجه به شکل ۲، در بخش مربوط به انتری c، ژنوتیپ‌های F و H و در بخش مربوط به انتری A، ژنوتیپ‌های G، D، B و C و در بخش مربوط به انتری A، ژنوتیپ E واقع شده است که نشان دهنده وجود سه گروه هتروتیک می‌باشد. در گروه هتروتیک اول، بهترین ترکیب هیبریدی، تلاقی بین ژنوتیپ RI1843046 (C) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت به‌عنوان والد مادری با لاین RI184421 (F) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت به‌عنوان والد پدری می‌باشد. لاین RI184421 تنها تستری است که نسبت به تستر دیگر (H) در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد. در گروه هتروتیک دوم، تلاقی بین انتری f

توضیح می‌دهد، در صورتی که سهم دو مولفه اصلی اول در تلاقی‌های معکوس به ترتیب برابر با ۵۶ و ۲۳ درصد بود. در تلاقی‌های مستقیم، ژنوتیپ‌های (F) RI184421، (G) IR184472 و (C) RI1843046 در سمت راست نمودار واقع شده و دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت هستند و ژنوتیپ‌های دیلمانی (A)، (E) IR50، لاین ۲۳ (D)، طارم محلی (B) و لاین حاصل از تلاقی برگشتی (h) با واقع شدن در سمت چپ نمودار دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی می‌باشند (شکل ۱). در حالی که در تلاقی‌های معکوس، ژنوتیپ‌های (G) RI184472، (F) RI184421 و (C) RI1843046 به دلیل قرار گرفتن در سمت راست نمودار دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و ارقام دیلمانی (A)، طارم محلی (B)، لاین ۲۳ (D)، لاین حاصل از تلاقی برگشتی (H) و (E) IR50 با قرار گرفتن در سمت چپ نمودار دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی هستند (شکل ۱). نتایج به دست آمده حاکی از آن است که در صورت استفاده از ژنوتیپ‌های با ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و منفی در تلاقی‌ها به ترتیب باعث افزایش و کاهش حداکثر چسبندگی در نتایج حاصل از آنها می‌شوند. در واقع ژنوتیپ‌هایی که دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت هستند دارای ژن‌های با اثر افزایشی و ارتقاءدهنده حداکثر چسبندگی به عنوان یک صفت اصلاحی مهم در برنج هستند.

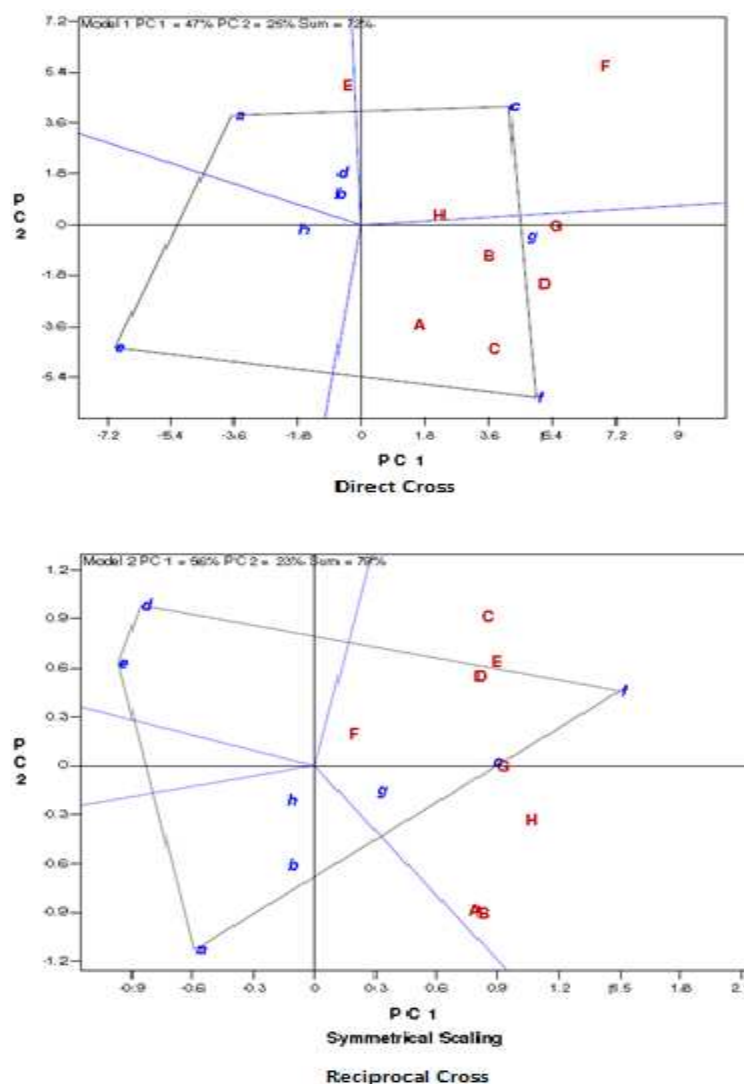
در بین تلاقی‌های مستقیم، بیشترین و کمترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفت حداکثر چسبندگی به ترتیب مربوط به تلاقی RI184472 × لاین ۲۳ (۲۰/۹۰) و لاین ۲۳ × دیلمانی (۲۰/۵۴) بود. در بین تلاقی‌های معکوس نیز مقادیر مثبت و منفی معنی‌دار و غیرمعنی‌دار دیده می‌شود. بیشترین و کمترین اثر معکوس معنی‌دار برای این صفت به ترتیب مربوط به تلاقی IR50 × دیلمانی (۲۰/۱۷) و IR50 × RI184421 (۴۲/۵۶) بود (جدول مربوطه ارائه نشده است). از آنجایی که اثر ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی اورتوگونال هستند، بنابراین در نمودار بای‌پلات فاصله هر ژنوتیپ از محور افقی مختصات تستر متوسط، ترکیب‌پذیری خصوصی آن ژنوتیپ را تخمین می‌زند. این شاخص تمایل هر ژنوتیپ را به تولید هیبرید بهتر با ژنوتیپ‌های دیگر و آثار غیرافزایشی ژن‌ها را نشان می‌دهد (Yan and Hunt, 2002). بنابراین در تلاقی‌های مستقیم، انتری‌های c, a, d و b در بالای محور افقی و ژنوتیپ‌های F, E, G و H با

تلاقی‌ها، هتروزیس و تنوع قابل‌ملاحظه‌ای وجود نخواهد داشت (شکل ۲). در تلاقی‌های معکوس، بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای این صفت ژنوتیپ RI184421 (F) بود، چرا که تمامی تسترها در بخش مربوط به انتری f واقع شده و در بخش‌های مربوط به سایر انتری‌ها هیچکدام از تسترها واقع نشده‌اند. به همین دلیل می‌توان اذعان کرد که انتری f بهترین ترکیب‌شونده عمومی است و قابلیت ترکیب با بیشتر ارقام مورد بررسی در این مطالعه را دارد. در بین انتری‌های مورد مطالعه، این انتری بالاترین ترکیب‌پذیری عمومی را برای صفت حداکثر چسبندگی داشت (شکل ۲).

شناسایی ترکیب‌های هتروتیک برای خصوصیات چسبندگی برنج (RI184421) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت و به عنوان ژنوتیپ راس و والد مادری با تستر C (RI1843046) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت و تستر A (دیلمانی) با ترکیب‌پذیری پایین و منفی که نسبت به مبدا در فاصله دورتری قرار دارند، بهترین ترکیب‌های هتروتیک بوده و در گروه سوم، تلاقی بین ژنوتیپ A با ترکیب‌پذیری منفی با ژنوتیپ IR50 (E) با ترکیب‌پذیری کم و منفی بهترین ترکیب هتروتیک می‌باشد. در بخش مربوط به انتری e هیچ ژنوتیپی واقع نشده است. به عبارت دیگر، ژنوتیپ IR50 (E) به عنوان والد مادری قابلیت ترکیب با هیچیک از ژنوتیپ‌ها را ندارد و در صورت استفاده از آن در



شکل ۱- نمودار مختصات تستر متوسط (ATC) در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای حداکثر چسبندگی  
Figure 1. Average tester coordinate (ATC) view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for peak viscosity parameter



شکل ۲- نمودار چندضلعی در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت حداکثر چسبندگی

Figure 2. Polygon view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for peak viscosity parameter

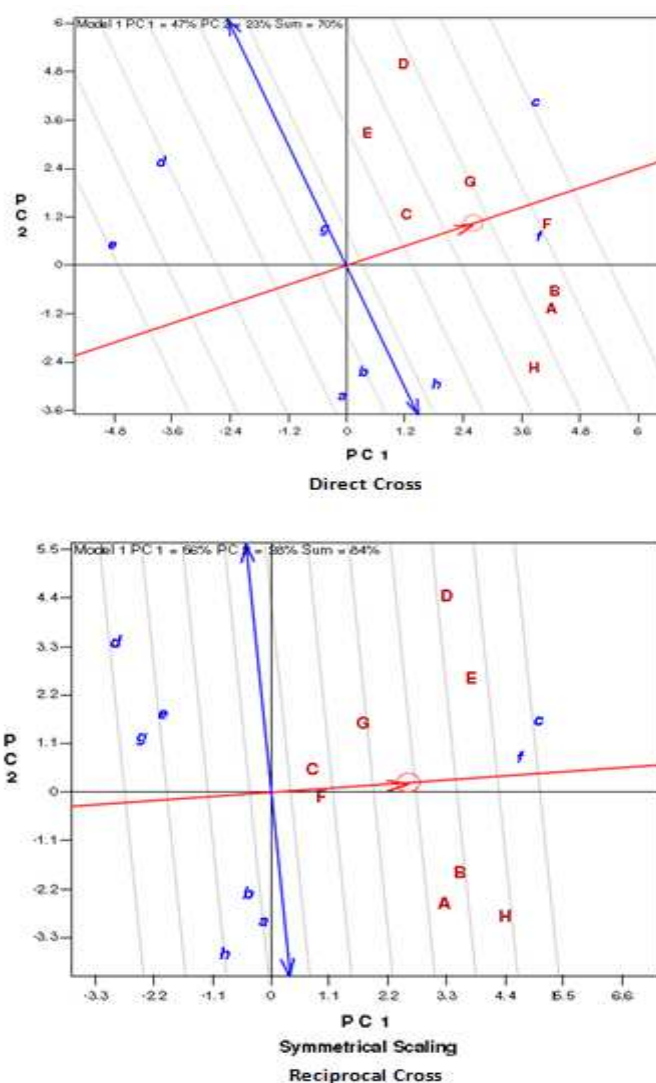
۳). برای صفت فروریختگی در تلاقی مستقیم، ژنوتیپ‌های RI1843046، RI184421، BC4، دیلمانی، IR50 و لاین ۲۳ در راس‌های چندضلعی واقع شده‌اند و چندضلعی را به شش بخش تقسیم می‌نمایند. با توجه به شکل ۴، در بخش مربوط به انتری C ژنوتیپ‌های E، D، G و C و در بخش مربوط به انتری f ژنوتیپ‌های F، A و B و در بخش مربوط به انتری h ژنوتیپ H واقع شده است که نشان دهنده وجود سه گروه هتروتیک می‌باشد. در گروه هتروتیک اول، بهترین ترکیب هیبریدی، تلاقی بین ژنوتیپ RI1843046 (c) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت به عنوان والد مادری با لاین ۲۳ (D) با ترکیب‌پذیری پایین و منفی به عنوان والد پدری می‌باشد. لاین ۲۳ تنها تستری است که نسبت به سه تستر دیگر در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد. در گروه

بر اساس نمودار ATC، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفت فروریختگی در تلاقی‌های مستقیم و معکوس به ترتیب  $c>f>a>b>h>e>g>d$  و  $c>f>h>g>b>a>d>e$  بود. در هر دو تلاقی، ژنوتیپ‌های RI1843046 و RI184421 ترکیب‌پذیری عمومی بالا و مثبتی داشتند و از این نظر مشابه نتایج به دست آمده از تجزیه گریفینگ بود. تطابق نتایج در هر دو روش به دلیل بالا بودن سهم دو مولفه اصلی اول در تجزیه بای‌پلات بود. نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات برای صفت فروریختگی در تلاقی مستقیم نشان داد که دو مولفه اصلی اول به ترتیب ۴۷ و ۲۳ درصد و در مجموع ۷۰ درصد از تغییرات کل را توضیح می‌دهند، در صورتی که سهم دو مولفه اصلی اول در تلاقی‌های معکوس (۸۴ درصد) به ترتیب برابر با ۵۶ و ۲۸ درصد بود (شکل



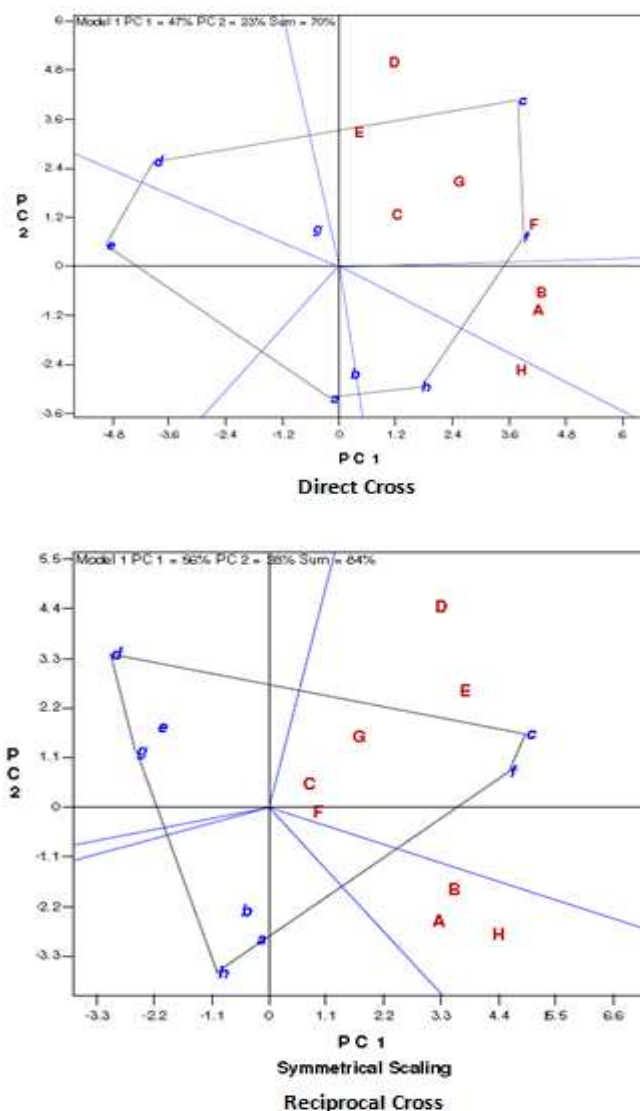
مربوط به انتری‌های c و f قرار دارند، به طوری که تسترهای D, E, G و C در بخش مربوط به انتری c و تسترهای A, B, F در بخش مربوط به انتری f واقع شده‌اند (شکل ۴). بنابراین، تلاقی بین انتری c به عنوان والد مادری و تسترهای D و E به عنوان والد پدری و تلاقی بین انتری f به عنوان والد مادری و تسترهای A, B, H و H به عنوان والد پدری ترکیب‌ها هتروتیک می‌باشند. در بخش‌های مربوط به سایر انتری‌ها هیچ‌یک از تسترها واقع نشدند. بنابراین، می‌توان گفت که انتری‌های c و f بهترین ترکیب‌شونده‌های عمومی بوده و قابلیت ترکیب با بیشتر ارقام مورد بررسی در این مطالعه را دارند (شکل ۴).

شناسایی ترکیب‌های هتروتیک برای خصوصیات چسبندگی برنج هتروتیک دوم، تلاقی بین انتری f (RI184421) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت و به عنوان ژنوتیپ راس و والد مادری با تسترهای A (دیلمانی) و B (طارم‌محلی) با ترکیب‌پذیری پایین و منفی که نسبت به مبدا در فاصله دورتری قرار دارند، بهترین ترکیبات هتروتیک بودند. در بخش مربوط به انتری‌های a, h, e و d هیچ ژنوتیپی واقع نشده است. به عبارت دیگر این انتری‌ها به عنوان والد مادری قابلیت ترکیب با هیچ‌یک از ژنوتیپ‌ها را ندارند و در صورت استفاده از آن در تلاقی‌ها، هتروزیس و تنوع قابل ملاحظه‌ای وجود نخواهد داشت (شکل ۴). در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های c, f, h, g و d ژنوتیپ‌های راس چندضلعی بوده و چندضلعی را به پنج بخش مجزا تفکیک کردند. تمامی تسترهای مورد مطالعه در دو بخش



شکل ۳- نمودار مختصات تستر متوسط در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت فروریختگی

Figure 3. Average tester coordinate (ATC) view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for breakdown viscosity parameter



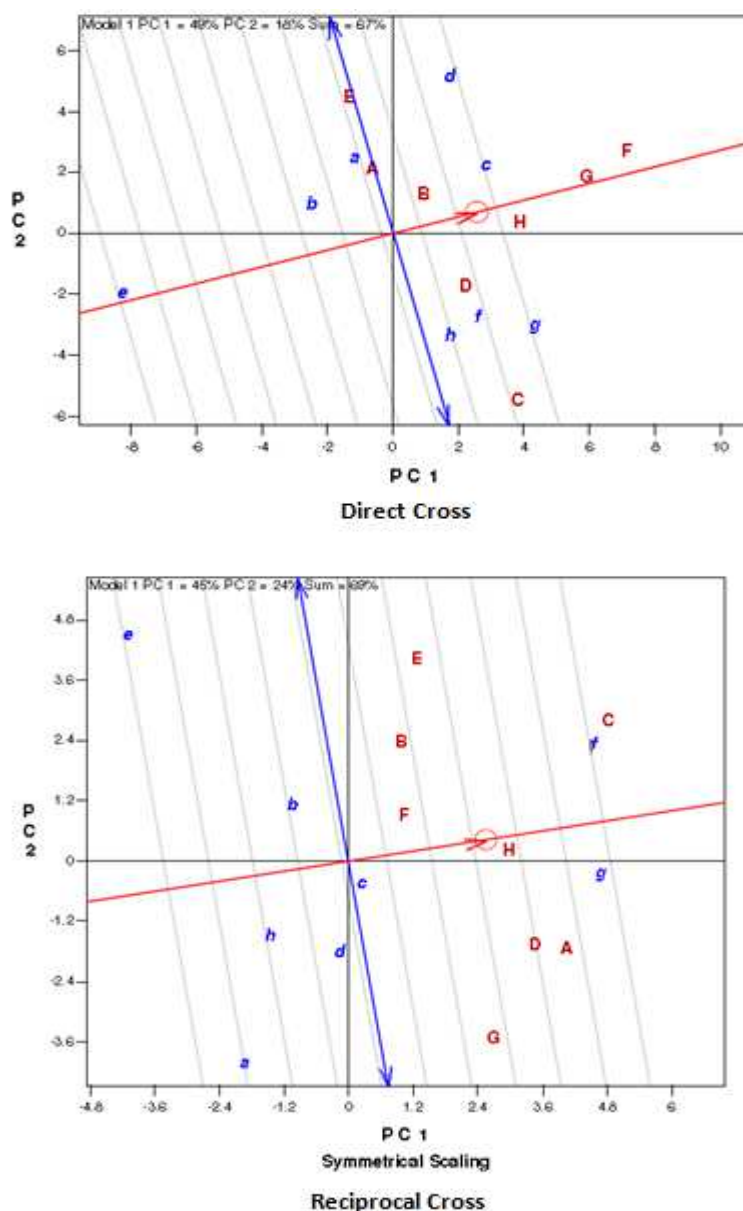
شکل ۴- نمودار چندضلعی در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت فروریختگی  
Figure 4. Polygon view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for breakdown viscosity parameter

پایین این خط قرار دارند. انتری‌های *f*, *h*, *a* و *b* با *e* واقع شدن در سمت چپ خط عمودی نمودار، ترکیب‌پذیری عمومی متوسط تا کم و منفی دارند و در بالای خط افقی قرار دارند (شکل ۵). با توجه به نتایج حاصل، انتری *e* (ژنوتیپ IR50) کمترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی را دارد و در صورت استفاده در تلاقی‌ها منجر به کاهش چسبندگی نهایی در نتاج می‌شود. در صورتی که استفاده از لاین‌های ۲۳، RI1843046 و RI184472 چسبندگی نهایی در نتاج را افزایش می‌دهد. از آنجایی که همبستگی بین چسبندگی نهایی و میزان آمیلوز مثبت و معنی‌دار است (Allahgholipour *et al.*, 2011)، بنابراین ژنوتیپ‌های با ترکیب‌پذیری عمومی بالا و پایین که

تجزیه بای پلات برای صفت چسبندگی نهایی در تلاقی مستقیم نشان داد که دو مولفه اصلی اول به ترتیب ۴۹ و ۱۸ درصد و در مجموع ۶۷ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌کنند، در صورتی که سهم دو مولفه اصلی اول در تلاقی‌های معکوس ۶۹ درصد و به ترتیب ۴۵ و ۲۴ درصد بود. رتبه ژنوتیپ‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی برای چسبندگی نهایی در تلاقی‌های مستقیم و معکوس  $d=c>g>f>h>a>b>e$  و  $f=g>c>d>b>h>a>e$  بود. در تلاقی‌های مستقیم لاین ۲۳، RI1843046 و RI184472 ترکیب‌پذیری عمومی بالا، مثبت و مشابه‌ای داشتند، طوری که دو لاین ۲۳ و RI1843046 در بالای خط افقی محور مختصات تستر متوسط و لاین RI184472 در

سمت چپ نمودار مختصات تستر متوسط قرار دارند. به عبارت دیگر، انتری‌های واقع شده در سمت راست دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و انتری‌های واقع در سمت چپ دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی هستند. در این دسته از تلاقی‌ها، دو انتری c و d به عنوان ژنوتیپ‌هایی که در قسمت‌های میانی محور مختصات قرار گرفته‌اند، می‌توانند به عنوان والد مادری در تلاقی‌ها مورد استفاده قرار گیرند (شکل ۵).

شناسایی ترکیب‌های هتروژیک برای خصوصیات چسبندگی برنج به ترتیب منجر به افزایش و کاهش چسبندگی نهایی می‌شوند، برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی مناسب نیستند. بر این اساس، لاین حاصل از تلاقی برگشتی (BC4)، دیلمانی و طارم‌محلی که در موقعیت میانی محور مختصات تستر متوسط واقع شده‌اند، به عنوان والد مادری در برنامه‌های اصلاحی جهت دستیابی به ارقام با چسبندگی نهایی و متعاقب آن میزان آمیلوز متوسط مناسب هستند. در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های f, g و c در سمت راست نمودار و انتری‌های a, h, b, d در

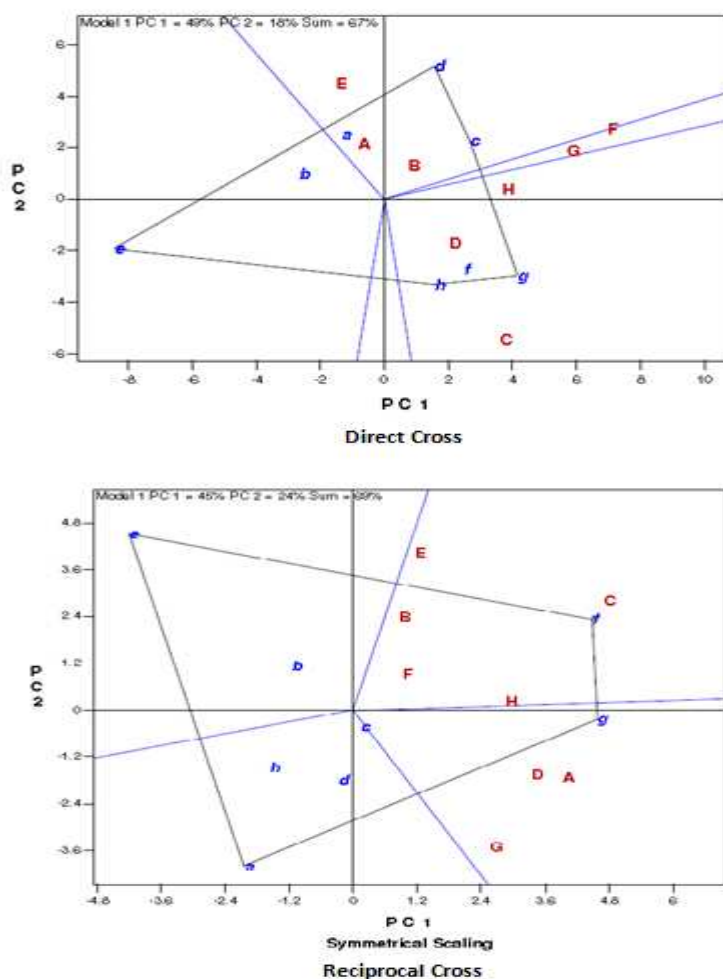


شکل ۵- نمودار مختصات تستر متوسط در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت چسبندگی نهایی

Figure 5. Average tester coordinate (ATC) view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for final viscosity parameter

E (IR50) بهترین تلاقی می‌باشد. در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های a, g, f و d ژنوتیپ‌های راس چندضلعی بوده و چندضلعی را به چهار بخش مجزا تفکیک نمودند. بر اساس شکل ۶، تمامی تسترهای مورد مطالعه در دو بخش مربوط به انتری‌های f و g قرار دارند، به طوری که تسترهای C, E, B, F و H در بخش مربوط به انتری f و تسترهای A, D و G در بخش مربوط به انتری g واقع شده‌اند. بنابراین، تلاقی بین انتری f به عنوان والد مادری و تسترهای H, C, H و E به عنوان والدین پدری و تلاقی بین انتری g به عنوان والد مادری و تسترهای A و D به عنوان والدین پدری ترکیبات هتروتیک هستند. در بخش‌های مربوط به انتری‌های a و e هیچکدام از تسترها واقع نشدند. به همین دلیل می‌توان اذعان کرد که انتری‌های f و g بهترین ترکیب‌شونده‌های عمومی هستند و قابلیت ترکیب با بیشتر ارقام مورد بررسی در این مطالعه را دارند (شکل ۶).

با توجه به شکل ۶، ژنوتیپ‌های RI1843046، IR50، BC4، RI184472 و لاین ۲۳ در راس‌های چندضلعی واقع شده‌اند و چندضلعی را به پنج بخش تقسیم می‌نمایند. در بخش مربوط به انتری C ژنوتیپ‌های B, H, G و F و در بخش مربوط به انتری g ژنوتیپ D و در بخش مربوط به انتری h ژنوتیپ C و در بخش مربوط به انتری d دو تستر A و E واقع شده است که نشان‌دهنده وجود چهار گروه هتروتیک می‌باشد. در بخش مربوط به انتری e هیچ ژنوتیپی واقع نشده است. در گروه هتروتیک اول، تلاقی بین ژنوتیپ RI1843046 (c) با ترکیب‌پذیری عمومی بالا و مثبت به عنوان والد مادری با لاین RI184421 (F) به عنوان والد پدری که نسبت به سه تستر دیگر در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد، بهترین ترکیب هتروتیک می‌باشد. در دیگر گروه هتروتیک، تلاقی بین انتری g (RI184472) به عنوان ژنوتیپ راس با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت و به عنوان والد مادری با تستر



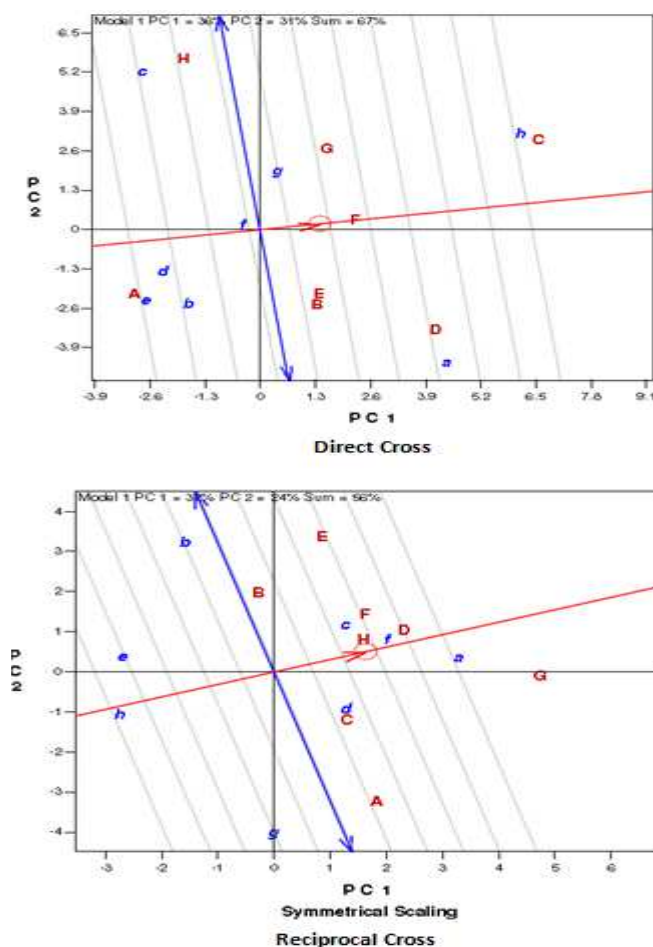
شکل ۶- نمودار چندضلعی در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت چسبندگی نهایی

Figure 6. Polygon view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for final viscosity parameter

تحقیقات غلات / دوره ششم / شماره سوم / پاییز ۱۳۹۵

استفاده از لاین‌های ۲۳، RI1843046، طارم محلی و IR50 منجر به کاهش این صفت در نتاج می‌شوند. مشخص شده است که هر چه میزان پس‌روی چسبندگی بیشتر باشد، دانه‌های برنج بعد از پخت نرم‌تر می‌شوند (Allahgholipour *et al.*, 2011)، بنابراین، ژنوتیپ‌های دیلمانی و لاین حاصل از تلاقی برگشتی (BC4) با ترکیب‌پذیری عمومی بالا پس‌روی چسبندگی در نتاج را افزایش می‌دهند و برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی مناسب هستند. در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های a, f, c و d در سمت راست نمودار و انتری‌های b, g, e و h در سمت چپ نمودار مختصات تستر متوسط (شکل ۷) قرار دارند و به ترتیب دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و منفی هستند. در این دسته از تلاقی‌ها، دو انتری a و f به عنوان ژنوتیپ‌هایی که دارای مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی بالا و مثبت هستند، می‌توانند به عنوان والد مادری در تلاقی‌ها مورد استفاده قرار گیرند.

شناسایی ترکیب‌های هتروژیک برای خصوصیات چسبندگی برنج نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات برای صفت پس‌روی چسبندگی در تلاقی مستقیم نشان داد که دو مولفه اصلی اول به ترتیب ۳۶ و ۳۱ درصد و در مجموع ۶۷ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند، در صورتی که سهم دو مولفه اصلی اول در تلاقی‌های معکوس به ترتیب ۳۲ و ۲۴ درصد و در کل ۵۶ درصد بود. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفت پس‌روی چسبندگی در تلاقی‌های مستقیم و معکوس به ترتیب به صورت  $a>f>c>d>b>g>e>h$  و  $h>a>g>f>b=c>d>e$  بود. در تلاقی‌های مستقیم لاین حاصل از تلاقی برگشتی، دیلمانی و RI184472 دارای ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و انتری‌های a, b, c, d, e و با واقع شدن در سمت چپ خط عمودی نمودار دارای ترکیب‌پذیری عمومی منفی هستند (شکل ۷). با توجه به نتایج حاصل، انتری h (لاین حاصل از تلاقی برگشتی) بالاترین میزان ترکیب‌پذیری عمومی را دارا بود و در صورت استفاده در تلاقی‌ها منجر به افزایش پس‌روی چسبندگی در نتاج می‌شود. در صورتی که

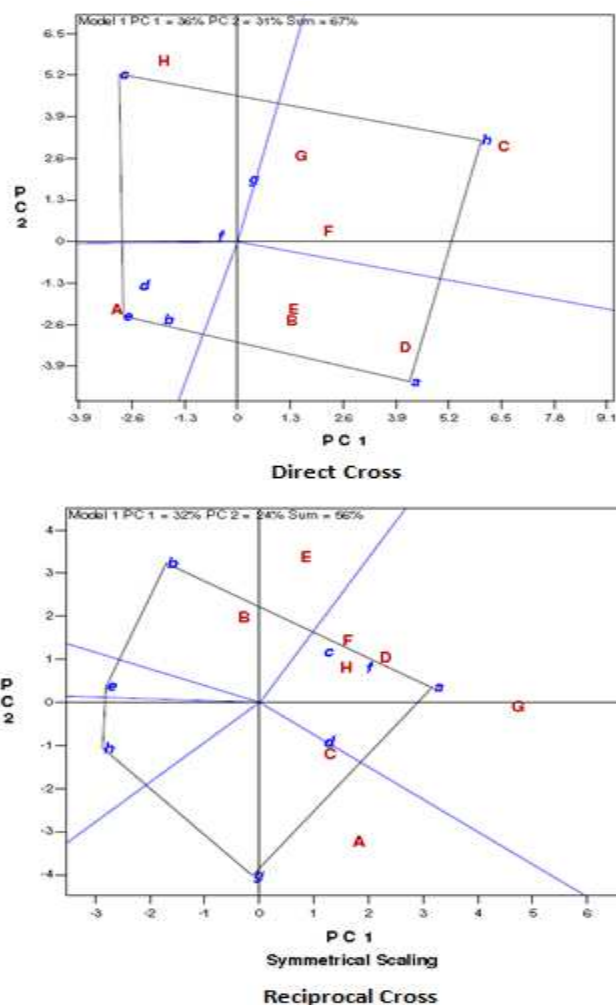


شکل ۷- نمودار مختصات تستر متوسط در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت پس‌روی چسبندگی

Figure 7. Average tester coordinate (ATC) view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for setback viscosity parameter

والد مادری با تستر D (لاین ۲۳) بهترین تلاقی می‌باشد. در دو گروه دیگر، تلاقی بین انتری e و تستر A و تلاقی بین انتری c و تستر H به عنوان ترکیبات هتروتیک برای اصلاح صفت پس‌روی چسبندگی به شمار می‌آید. در تلاقی‌های معکوس، انتری‌های a, g, h, e و b ژنوتیپ‌های راس چندضلعی بودند و چندضلعی را به پنج بخش مجزا تفکیک کردند. در بخش مربوط به انتری a، تسترهای G, D, H و F، در بخش مربوط به انتری g، تسترهای A و C و در بخش مربوط به انتری b، تسترهای E و B واقع شده‌اند. در بخش‌های مربوط به دو انتری h و e نیز هیچ‌یک از تسترها قرار ندارند (شکل ۸) و به همین دلیل می‌توان گفت که این دو انتری قابلیت ترکیب با هیچ‌یک از ارقام مورد بررسی در این مطالعه را ندارند.

با توجه به شکل ۸، لاین حاصل از تلاقی برگشتی (BC4)، دیلمانی، IR50 و RI1843046 در راس‌های چندضلعی واقع شده‌اند و چندضلعی را به چهار بخش تقسیم می‌کنند. در بخش مربوط به انتری h، ژنوتیپ‌های C, G, F، در بخش مربوط به انتری a، ژنوتیپ‌های B, D و E، در بخش مربوط به انتری e ژنوتیپ A و در بخش مربوط به انتری c تستر H واقع شده‌اند که نشان‌دهنده وجود چهار گروه هتروتیک است. در گروه هتروتیک اول، تلاقی بین لاین حاصل از تلاقی برگشتی (BC4) (H) با ترکیب‌پذیری عمومی بالا و مثبت به عنوان والد مادری با لاین RI1843046 (C) به عنوان والد پدری که نسبت به دو تستر دیگر در فاصله دورتری از مبدا قرار دارد، بهترین ترکیب هتروتیک است. در گروه هتروتیک دوم، تلاقی بین انتری a (دیلمانی) با ترکیب‌پذیری بالا و مثبت به عنوان



شکل ۸- نمودار چندضلعی در تلاقی‌های مستقیم (بالا) و معکوس (پایین) برای صفت پس‌روی چسبندگی  
Figure 8. Polygon view of biplot in direct (above) and reciprocal (below) crosses for setback viscosity parameter

## نتیجه‌گیری کلی

BC4 (H)، دیلمانی (A) و طارم‌محلی (B) برای صفت چسبندگی نهایی، به عنوان ترکیب‌شونده‌های عمومی خوب شناسایی شدند، اما در تلاقی‌های معکوس، والد (C) RI1843046 تنها ترکیب‌شونده خوب برای هر دو صفت بود. برای پس‌روی چسبندگی، اگرچه والد دیلمانی (A) ترکیب‌شونده عمومی خوبی در هر دو تلاقی مستقیم و معکوس بود، اما به‌ترتیب والدین BC4 (H) و (F) RI184421 بهترین ترکیب‌شونده عمومی در هر دو تلاقی بودند. علاوه بر آن، تلاقی‌های (RI1843046 × F) (RI184472 × F)، (دیلمانی × C) (RI184472 × F) و (A × IR50 × دیلمانی) (A × E) برای صفت حداکثر چسبندگی، تلاقی‌های (لاین ۲۳ × RI1843046) (C × A) و (D)، (دیلمانی × RI184472) (F × A) و (طارم‌محلی × RI184472) (F × B) برای صفت فروریختگی، تلاقی‌های (RI1843046 × RI184472) (C × F) و (IR50 × RI184421) (G × E) برای صفت چسبندگی نهایی و تلاقی‌های (BC4 × RI1843046) (H × C) و (لاین ۲۳ × دیلمانی) (A × D) برای صفت پس‌روی چسبندگی به عنوان ترکیبات هتروتیک شناسایی شدند.

اگرچه نتایج حاصل از تجزیه داده‌های دای‌آل از هر دو روش گریفینگ و GGE بای‌پلات در این تحقیق کاملاً یکسان بود، اما تحلیل و استنباط نتایج تجزیه دای‌آل با استفاده از روش گریفینگ بدون کمک گرفتن از نمودار بسیار پیچیده و مشکل است، در حالی‌که استفاده از روش نوین GGE بای‌پلات برای تجزیه داده‌های دای‌آل، توانایی تحلیل نتایج حاصل از تجزیه واریانس فنوتیپی به واریانس ترکیب‌پذیری‌ها و ارتباط بین والدین را بر اساس نمایش گرافیکی افزایش داد. همچنین، روش GGE بای‌پلات نسبت به روش کلاسیک دای‌آل به دلیل برآورد توأم آثار ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی جمعیت و شناسایی دقیق تلاقی‌های هتروتیک ترجیح داده می‌شود. در تلاقی‌های مستقیم این تحقیق، والدین دیلمانی (A)، (C) RI1843046، (E) IR50 و (F) RI184421 ترکیب‌شونده‌های عمومی مناسب برای حداکثر چسبندگی بودند، در حالی‌که در تلاقی‌های معکوس، تنها والد (F) RI184421 بهترین ترکیب‌شونده عمومی برای این صفت بود. در تلاقی‌های مستقیم، والدین RI1843046 (C) و (F) RI184421 برای صفت فروریختگی و والدین

## References

- AACC. 1995.** Approved methods for the AACC. 9<sup>th</sup> Ed. Methods 61-02 for RVA. The American Association of Cereal Chemists, St. Paul, Minnesota, USA.
- Abdel-Moneam, M. A., Sultan, M. S., Sadek, S. E. and Shalof, M. S. 2014.** Estimation of heterosis and genetic parameters for yield and yield components in maize using the diallel cross method. *Asian Journal of Crop Science* 6: 101-111.
- Allahgholipour, M., Rabiei, B. and Yekta, M. 2011.** Assessment of general and specific combining abilities of the starch paste viscosity properties in parental lines of hybrid rice. *Iranian Journal of Crop Sciences* 13 (1): 178-193. (In Persian with English Abstract).
- Allahgholipour, M., Moumeni, A., Nahvi, M., Yekta, M. and Zarbafi, S. S. 2012.** Identification of parental combinations for improvement of rice grain quality, yield and yield components in rice. *Cereal Research* 1 (1): 1-10. (In Persian with English Abstract).
- Allahgholipour, M., Rabiei, B., Ebadi, A. A., Hossieni, M. and Yekta, M. 2010.** Starch viscosity properties: New criteria for assessment of cooking quality of rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. *Iranian Journal of Crop Sciences* 12 (2): 140-151. (In Persian with English Abstract).
- Aminu, D. and Izge, A. U. 2013.** Gene action and heterosis for yield and yield traits in maize (*Zea mays* L.) under drought conditions in northern Guinea and Sudan savannas of Borno State. *Peak Journal of Agriculture Science* 1 (1): 17-23
- Bergman, C. J., Bhattacharya, K. R. and Ohtsubo, K. 2004.** Rice end-use quality analysis. Rice: Chemistry and technology. American Association of Cereal Chemists Inc., St. Paul. pp: 415-472.
- Bertoia, L., Lopez, C. and Burak, R. 2006.** Biplot analysis of forage combining ability in maize landraces. *Crop Science* 46 (3): 1346-1353.
- Chen, J. G. and Zhu, J. 2002.** Genetics effects for cooking quality characters in Indica-Japonica crosses of rice. *Journal of Biomedical Science* 17: 226-234.
- Cooper, M., Stucker, R. E., Delacy, I. H. and Harch, B. D. 1997.** Wheat breeding nurseries, target environments and indirect selection for grain yield. *Crop Science* 37: 1168-1176.

- Dehghani, H., Fayzian, S. E., Jalali, M., Rezai, A. and Dane, F. 2012.** Use of GGE biplot methodology for genetic analysis of yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Canadian Journal of Plant Science** 92: 77-85.
- Farshadfar, E., Hasheminasab, H. and Yaghotipoor, A. 2012.** Estimation of combining ability and gene action for improvement drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using GGE biplot techniques. **Journal of Agricultural Science** 4 (9): 1-10.
- Hallauer, A. R. 1990.** Improvements in yield of maize hybrids. **UDC** 63: 193-198.
- Juliano, B. O. 1990.** Rice grain quality: Problems and challenges. **Cereal Food World** 35: 245-253.
- Kuo, Y. C., Webb, B. D. and Stansel, J. W. 1995.** Heterosis and combining ability of amylose content and amylographic breakdown viscosity in milled rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Research** 44 (4): 391-402.
- Mo, H. D. 1993.** Quality improvement of rice grain in China. **Science of Agriculture Sinica** 26: 8-14.
- Rabiei, B., Valizadeh, M., Ghareyazie, B., Moghaddam, M. and Ali, A. J. 2004.** Identification of QTLs for rice grain size and shape of Iranian cultivars using SSR markers. **Euphytica** 137 (3): 325-332.
- Rastogi, A., Mishra, B. K., Srivastava, M., Siddiqui, A. and Shukla, S. 2011.** Biplot approach for identification of heterotic crosses in linseed (*Linum usitatissimum* L.). **Journal of Botany** 11: 1-7.
- Sharifi, P. 2012.** Graphic analysis of salinity tolerance traits of rice (*Oryza sativa* L.) using biplot method. **Cereal Research Communication** 40 (3): 416-424.
- Sharifi, P. 2013.** Genotype plus genotype by environment interaction (GGE) biplot analysis of nutrient quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Philippines Journal of Crop Science** 38 (2): 9-20.
- Shu, Q. Y., Wu, D. X., Xia, Y. W., Gao, M. W. and McClung, A. 1998.** Relationship between RVA profile character and eating quality in *Oryza sativa* L. **Science of Agriculture Sinica** 31: 25-29.
- Shu, Q. Y. 1996.** Study on the cooking and eating quality of rice. Doctoral dissertation. Zhejiang Agricultural University, China. pp: 40-57.
- Wang, L. Q., Liu, W. J., Xu, Y., He, Y. Q. and Luo, L. J. 2007.** Genetic basis of 17 traits and viscosity parameters characterizing the eating and cooking quality of rice grain. **Theoretical and Applied Genetics** 115: 463-476.
- Wu, D. X., Shu, Q. Y. and Xia, Y. W. 2001a.** Assisted-selection for early indica rice with good eating quality by RVA profiles. **Acta Agronomica Sinica** 27 (2): 165-172.
- Wu, D. X., Shu, Q. Y. and Xia, Y. W. 2001b.** Rapid identification of starch viscosity property of early Indica rice varieties with different apparent amylase content by RVA profile. **Chinese Journal of Rice Science** 15 (1): 57-59.
- Yan, W. 2001.** GGEbiplot-A windows application for graphical analysis of multi environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal** 93: 1111-1118.
- Yan, W. and Hunt, L. A. 2002.** Biplot analysis of diallel data. **Crop Science** 42: 21-31.
- Yan, W. and Kang, M. S. 2003.** GGEbiplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press. Boca Raton, FL, 605 pp.
- Yan, W., Cornelius, P. L., Crossa, J. and Hunt, L. A. 2001.** Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science** 41: 656-663.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. and Szlavnies, Z. 2000.** Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science** 40: 597-605.





University of Guilan  
Faculty of Agricultural  
Sciences

**Cereal Research**  
Vol. 6, No. 3, Autumn 2016 (367-383)

## **Identification of heterotic combinations for paste viscosity properties of rice grain using GGE biplot method**

Mehrzaad Allahgholipour<sup>1\*</sup> and Babak Rabiei<sup>2</sup>

Received: September 8, 2015

Accepted: February 1, 2016

### **Abstract**

GGE biplot method is one of the appropriate methods for analyzing the data with bilateral structure. In the present research, the GGE biplot model was used to identify promising heterotic crosses for paste viscosity parameters in rice (*Oryza sativa* L.) by using 8×8 full diallel progenies. In direct crosses, parents Deylamani, RI1843046, IR50 and RI184421 were identified as good general combiners for peak viscosity, while in reciprocal crosses, only parent RI184421 was the best combiner for this trait. The parents RI1843046 and RI184421 for breakdown viscosity property and the parents BC4, Deylamani and Tarommahalli for final viscosity parameter were identified as good general combiners in direct crosses, but RI1843046 was the best general combiner for both trait in reciprocal crosses. Although, the parents BC4 and RI184421 were respectively the best general combiners for setback viscosity in direct and reciprocal crosses, but the parent Deylamani was good general combiner for this trait in progenies of both cross. The results of this research showed that the crosses RI1843046 × RI184472, RI184472 × Deylamani and Deylamani × IR50 for peak viscosity, RI1843046 × Line 23, RI184472 × Deylamani and RI184472 × Tarommohali for breakdown viscosity, RI1843046 × RI184472 and RI184421 × IR50 for final viscosity and BC4 × RI1843046 and Deylamani × Line 23 for setback viscosity were the best specific combiners. The good general combiners to organize a new population and the good specific combiners as the suitable heterotic combinations for producing the progenies with suitable paste viscosity properties are suggested.

**Keywords:** Diallel, General combiner, Grain quality, Specific combiner

1. Research Assist. Prof., Dept. of Seed Improvement, Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran

2. Prof., Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

\* Corresponding author: [alahgholipour@yahoo.com](mailto:alahgholipour@yahoo.com)