نشریه پژوهشهای زراعی ایران
جلد 11، شماره 2، تابستان 1392، ص. 258-251

Iranian Journal of Field Crops Research
Vol. 11, No. 2, Summer. 2013, p. 251-258

بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی چند لاین کلزا با استفاده از روش بای‌پلات

بهنام روستاباغی[1]- حمید دهقانی[2*]- بهرام علیزاده[3]- ناصر صباغ نیا[4]

تاریخ دریافت:1389/5/26
تاریخ پذیرش:1391/11/3

چکیده

به منظور مطالعه ترکیب‌پذیری و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت عملکرد دانه در کلزا، هفت لاین کلزا در قالب یک طرح تلاقی نیمه دی‌آلل 7x7 مورد ارزیابی قرار گرفتند. بذور 28 دورگ نسل F_1 به همراه والدین کشت شده و از روش گرافیکی GGE biplot برای تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل استفاده گردید. روش بای‌پلات والدین مورد بررسی را بصورت ژنوتیپ محک (Tester) و انتری در یک نمودار نشان داده و امکان استخراج اطلاعات بطور گرافیکی را فراهم می‌نماید. بر اساس نتایج تجزیه واریانس، میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی درسطح احتمال پنج درصد و میانگین مربعات ترکیب‌پذیری خصوصی و میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای عملکرد دانه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار گردید. نتایج حاصل از روش بای‌پلات نشان داد که دو مؤلفه اصلی 74/3 درصد (مؤلفه اصلی اول 47/7 درصد و مؤلفه اصلی دوم 26/6 درصد) از تغییرات مشاهده شده را توجیه نمودند. روش گرافیکی GGE biplot نشان داد والد Opera دارای بیش‌ترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و والد Fornax دارای بیش‌ترین مقدار ترکیب‌پذیری عمومی منفی بود. ترکیب‌پذیری خصوصی ناشی از دو والد خاص، TALAYE با OPERA و TALAYE با ORIENT بیشترین مقدار بود. بطور کلی نتایج این تحقیق نشان داد که در بین والدین مورد بررسی هتروزیس کافی برای تولید و معرفی ارقام دورگ وجود دارد.

واژه‌های کلیدی: بای‌پلات، دی‌آلل، کلزا (*Brassica napus* L.)، هتروزیس، ترکیب‌پذیری عمومی، ترکیب‌پذیری خصوصی

مقدمه

گیاه کلزا (*Brassica napus* L.) سومین گیاه روغنی مهم جهان پس از سویا (*Glycin max* L.) و نخل روغنی (*Elaseis guineenis* L.) می‌باشد که به علت دارا بودن دو تیپ بهاره و پاییزه کشت آن در طیف گسترده‌ای از شرایط اقلیمی جهان امکان‌پذیر می‌باشد (11). کلزا ذاتاً خودگشن است ولی با وفور حشرات میزان دگرگشنی آن 30-20 درصد می‌شود که از این مقدار دگرگشنی می‌توان برای تولید ارقام دورگ با هتروزیس قابل ملاحظه استفاده کرد (22). همچنین مشابه سایر گیاهان خودگشن از قبیل گندم و برنج، هتروزیس در خورتوجهی در کلزا قابل انتظار است. بنابراین اطلاع از ترکیب‌پذیری ژنوتیپ‌ها و نحوه توارث صفات اساس برنامه‌های به‌نژادی را تشکیل می‌دهد. در واقع با برآورد واریانس ژنوتیپی و اجزای آن (افزایشی، غالبیت و اپیستازی) می‌توان روش اصلاحی مناسبی را انتخاب کنیم. بعلاوه آگاهی از وراثت‌پذیری صفت، اصلاحگر را قادر خواهد ساخت تا میزان پاسخ به گزینش را که اساسی‌ترین راهکار به‌نژادی است، برآورد نماید. اثر افزایشی ژن‌ها بیشترین نقش را در وراثت‌پذیری صفات داشته و غالبیت و فوق غالبیت در بروز پدیده هتروزیس دخالت دارند (18). ضمن اینکه باید به این نکته توجه کرد که صفات وابسته به عملکرد در بسیاری از گیاهان زراعی به صورت کمی به ارث می‌رسند که به طور معمول توارث‌پذیری پایینی دارند (10). بنابراین انتخاب برای عملکرد معمولا نیاز به ارزیابی زیاد در سال‌ها، مکان‌ها و تکرارهای مختلف دارد. انتخاب غیر مستقیم برای عملکرد با استفاده از صفات وابسته یا به عبارت دیگر اجزای عملکرد در بسیاری از گیاهان موفقیت‌آمیز بوده است (4 و 5). در واقع با افزایش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت، حدود انتخاب چه در حالت طبیعی و چه مصنوعی وسیع‌تر می‌گردد. تنوع ژنتیکی برای صفت عملکرد دانه توسط محققین مختلف گزارش شده است (15، 17 و 21).

در تلاقی‌های دی‌آلل از والدهای مختلفی از قبیل لاین اینبرد تا واریته‌هایی با پایه ژنتیکی وسیع استفاده شده است (14). گریفینگ (13) و کوکرهام (7) دی‌آلل را در دو مدل ثابت و تصادفی به تفصیل شرح داده‌اند. در مدل ثابت ژنوتیپ‌های خاصی تلاقی داده می‌شوند و در مدل تصادفی والدین نمونه‌هایی از جمعیت مرجع می‌باشند،

1 و 2- دانشجوی کارشناسی ارشد و دانشیار گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس
(*- نویسنده مسئول: Email: dehghanr@modares.ac.ir)
3- استادیار بخش دانه‌های روغنی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج
4- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه مراغه

Archive of SID
www.SID.ir

برآوردهای حاصل در مدل ثابت فقط برای ژنوتیپهایی که در تلاقی‌ها استفاده شده‌اند قابل ارایه است و قابل تعمیم به کل جمعیت نمی‌باشد. دو مفهوم ترکیب‌پذیری عمومی (GCA[1]) و ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA[2]) توسط گریفینگ (13) شرح داده شده است. معنی‌دار بودن کارکرد ژن‌ها به صورت افزایشی و غالبیت را در یک جمعیت اصلاحی را می‌توان از طریق ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی محاسبه نمود.

سینگ و یاوادا (19) با مطالعه تلاقی‌های دی‌آلل 9 لاین کلزا خصوصیات عملکرد دانه را مورد بررسی قرار دادند. نتایج این تحقیق حاکی از معنی‌دار بودن میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی برای تعداد روز تا گلدهی و عملکرد دانه و همچنین ترکیب پذیری خصوصی برای تعداد روز تا رسیدگی معنی‌دار بوده است. در ضمن کنترل ژنتیکی خصوصیات مورد مطالعه بصورت فوق غالبیت بوده است. این محققین گزارش نمودند که والدینی که دارای فاصله ژنتیکی بیشتری بودند از ترکیب‌پذیری خصوصی بالایی برای تعداد روز تا شروع گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی برخوردار بودند.

درطی یک تحقیق تجزیه ژنتیکی صفات عملکرد دانه در بوته با استفاده از طرح دی‌آلل 9 × 9 در کلزا مورد مطالعه قرار گرفت. معنی‌دار بودن مقادیر واریانس ژنوتیپ‌ها و همچنین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی آنها حاکی از نقش اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات یاد شده بود (20). لبنا و جندل (16) عملکرد دانه و اجزای عملکرد کلزا را در یک طرح تلاقی دی‌آلل 5×5 مورد مطالعه قرار دادند. آنها دریافتند که صفاتی چون ارتفاع بوته، تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه توسط اثر فوق‌غالبیت ژنی کنترل می‌شوند، اما تعداد دانه در خورجین تحت کنترل غالبیت ناقص قرار دارد. برای اکثریت صفات توزیع‌های غیر قرینه مثبت و منفی ژن‌ها مشاهده شد. به عبارت دیگر برخی ژن‌های کنترل‌کننده صفت مورد مطالعه در جهت افزایش و برخی در جهت کاهش صفات مذکور موثر بوده و در نتیجه باعث ایجاد حالت غیرمتقارن می‌گردند. یان و هانت (26) در تحقیقی با استفاده از ویژگی‌های نمودار بای‌پلات گابریل (12) و روش چند متغیره تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، روش نوین GGE بای‌پلات را معرفی نمودند. در این رابطه در تحقیقی از روش GGE بای‌پلات برای آنالیز آزمایش دی‌آلل 5 × 4 استفاده شد. با توجه به نتایج گزارش شد، تعداد غلاف در بوته و تعداد بذر در غلاف همبستگی مثبت با عملکرد دانه و وزن هزار دانه و ارتفاع شاخه اصلی با عملکرد دانه همبستگی منفی داشت (28). در تحقیقی دیگر از روش GGE بای‌پلات در تفسیر داده‌های دی‌آلل در مطالعه نحوه مقاومت به بیماری زنگ زرد در گیاه گندم استفاده شده است (2).

1- GCA: General Combining Ability

2- SCA: Specific Combining Ability

هرچند که روش بای‌پلات برای آزمایشات ناحیه‌ای ایجاد شده است (8، 23، 24 و 25). اما کاربرد آن برای همه داده‌های دو طرفه که ساختار انتری - ژنوتیپ محک[3] دارند، از جمله داده‌های آزمایش دی‌آلل که در آن هر والد هم یک انتری و هم یک ژنوتیپ محک می‌باشد، فراهم است. محققان مختلفی در تحقیقات خود از هر والد هم به عنوان انتری و هم به عنوان ژنوتیپ محک جهت بررسی ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی مورد استفاده قرار داده‌اند (1، 2، 9 و 26).

هدف از تحقیق حاضر ارزیابی ترکیب پذیری عمومی والدین (7 رقم پاییزه) و ترکیب‌پذیری خصوصی دو به دوی والدین، شناسایی بهترین ژنوتیپ محک از میان والدین و بهترین دورگ با استفاده از روش GGE بای‌پلات می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی

در این تحقیق ارقام داخلی طلایی و زرفام در کنار شش رقم خارجی Colvert، Fornax، Modena، Okapi، Opera و Orient که همگی پاییزه هستند، در یک طرح دی‌آلل یک‌طرفه 8 × 8 بررسی شد. بعد از انجام تلاقی‌ها بین 8 والد بصورت یکطرفه در سال زراعی اول (87-1386) 28 دورگ (F_1) تولید شد. در سال زراعی دوم (88-1387) 36 ژنوتیپ شامل 8 والد، 28 تلاقی مستقیم در قالب یک طرح لاتیس ساده با دو تکرار انجام شد. آزمایش‌ها در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس در تهران و در نیمه دوم ماه مهر هر سال اجرا شد. عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک و کودپاشی به میزان 300 کیلوگرم اوره در هکتار و 150 کیلوگرم فسفات آمونیوم با توجه به آزمایش خاک بود. کشت بصورت هیرم‌کاری انجام شد. هر کرت شامل چهار ردیف به طول دو متر با فاصله 60 سانتی متر بین ردیف‌ها بود. مبارزه با علف‌های هرز با دست انجام شد و آفات نیز کنترل شد. آبیاری به صورت نشتی و با کمک سیفون طی پنج نوبت به ترتیب در مراحل کاشت، روزت، شروع گلدهی، تشکیل خورجین و توسعه دانه انجام شد. برداشت محصول در هرکرت از دو ردیف میانی برای حذف اثر حاشیه بصورت دستی انجام شد، محصول برداشت شده توسط کمباین خرمنکوبی و پس از حذف کاه و کلش در کیسه‌هایی بصورت جداگانه برای انجام اندازه‌گیری‌های بعدی جمع‌آوری گردید.

مدل ریاضی و تجزیه داده‌ها

در این تحقیق از روش GGE بای‌پلات برای تجزیه داده‌های دی‌آلل که بر اساس تجزیه به مقادیر منفرد (Singular Value Decomposition) به صورت زیر استفاده شد:

3- Tester

Archive of SID

www.SID.ir

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

در این رابطه، Yij میانگین انتری i در محیط j، μ میانگین کل، β_j اثر اصلی ژنوتیپ محک j، λ_l مقادیر منفرد برای مؤلفه اصلی PCl, l=1,2…k و k=2 برای بای‌پلات دوبعدی)، η_{lj} بردار ویژه ژنوتیپ محک j برای PCl و ε_{il} باقیمانده مدل است.

مقدار منفرد برای یک مؤلفه اصلی برابر ریشه دوم مجموع مربعات توجیه شده توسط آن مؤلفه اصلی است. بنابراین ریشه دوم مقادیر منفرد برای مؤلفه اصلی lام بر اساس رابطه زیر بدست آمد:

$$\lambda_l^{1/2} = (x_l n)^{1/4} \quad (2)$$

در این رابطه، χ_l مقدار منفرد برای مؤلفه اصلی lام و n تعداد انتری است. برای مقیاس‌بندی متقارن (Symmetrical Scaling) بردارهای ویژه انتری‌ها و ژنوتیپ‌های محک از روابط زیر استفاده شد:

$$\xi_{il}^* = \lambda_l^{1/2} \xi_{il} = (\lambda_l \xi_{ik}) \lambda_l^{1/2} \quad (3)$$

$$\eta_{jl}^* = \lambda_l^{1/2} \eta_{jl} = \eta_{jl} \lambda_l^{1/2} \quad (4)$$

پس از مقیاس‌بندی متقارن بردارهای ویژه انتری و ژنوتیپ های محک، مقادیر مورد نیاز برای رسم نمودارهای بای‌پلات حاصل می‌شود این نمودارها با استفاده از نرم‌افزار GGE بای‌پلات که بطور خودکار تمامی این مراحل را انجام می دهد، رسم گردید.

از نمودار بای‌پلات برای تعیین ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی، بهترین ژنوتیپ محک و بهترین دورگ‌ها استفاده شد. فاصله افقی هر انتری (ژنوتیپ‌هایی با حرف کوچک) از محور عمودی مختصات ژنوتیپ محک متوسط و آن هم در جهت فلش محور افقی بیانگر مقدار مثبت ترکیب‌پذیری عمومی است. از آنجایی که اثر ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی اورتوگونال هستند، فاصله ژنوتیپ‌ها با محور افقی مختصات ژنوتیپ محک متوسط نشانگر ترکیب‌پذیری خصوصی برای ژنوتیپ‌های مختلف است (27).

ژنوتیپ محکی به عنوان بهترین ژنوتیپ محک در ترکیب با سایر انتری‌ها شناخته می‌شود که در مرکز نقطه دایره مرکزی باشد، در واقع ژنوتیپ محک ایده‌آل ژنوتیپی است، که کمترین فاصله را با محور افقی مختصات ژنوتیپ محک متوسط را داشته و در جهت فلش این محور باشد (26).

از نمودار، چند ضلعی برای تشخیص بهترین دورگ‌های ممکن از تلاقی ما بین انتری‌ها و ژنوتیپ‌های محک استفاده شد. به این منظور ژنوتیپ‌هایی (انتری‌هایی) که دورترین فاصله را از مبدأ بای‌پلات دارند توسط خطوط راست بهم متصل و یک تحدب (چند ضلعی) که سایر ژنوتیپ‌ها در درون آن قرار می گیرند را به وجود می‌آورند. خطوط عمودی در اطراف چند ضلعی ترسیم می‌شود که از مبدأ بای‌پلات شروع شده و بای‌پلات را به چند ناحیه تقسیم می نماید (26).

با توجه به پایین بودن راندمان نسبی (105%) طرح لاتیس ساده نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی در تجزیه واریانس انجام شده، و معنی‌دار نبودن اختلاف بین بلوک‌های ناقص در درون تکرارها، تجزیه واریانس بصورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. همچنین برای افزایش میزان سهم دو مؤلفه اول تمام حالات مختلف هفت والدی با حذف والدین مختلف مورد بررسی قرار گرفت و براساس نتایج حاصل بیشترین میزان تغییرات قابل توجیه بوسیله دو مؤلفه اول، با حذف والد Modena مطلوب تشخیص داده شد. بنابراین نمودارهای بای پلات براساس هفت والد رسم گردیدند. سپس تجزیه داده‌های حاصل از تلاقی دی‌آلل (برای 28 ژنوتیپ کلزا) بر اساس مدل ثابت و روش دوم گریفینگ (13) و با استفاده از برنامه ver 9.2 SAS انجام شد (29).

نتایج و بحث

بر اساس نتایج تجزیه واریانس مندرج در جدول 1، اختلافات معنی‌داری (P<0.01) بین ژنوتیپ‌ها و ترکیب‌پذیری‌های عمومی و خصوصی برای عملکرد دانه مشاهده شد. بنابراین امکان ارزیابی ژنتیکی نتایج حاصل از تلاقی دی‌آلل یک‌طرفه برای بررسی توانایی ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی فراهم بود. همچنین نسبت ژنتیکی نشان داد که برای عملکرد دانه واریانس غیرافزایشی اهمیت بیشتری دارد. مقایسه میانگین دورگ‌ها با استفاده از آزمون LSD نشان داد که دورگ Talaye × Opera دارای بیشترین عملکرد دانه بود (جدول 3). مقادیر سهم نسبی، سهم تجمعی و واریانس ریشه‌های مشخصه بدست آمده از محاسبه روش بای‌پلات در جدول 4 نشان داد شده است. بر این اساس مؤلفه اول 47/7 درصد و مؤلفه دوم 26/6 درصد تغییرات و در مجموع دو مؤلفه اول 74/3 درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. بر اساس نظر یان (23) هر چه درصد سهم دو مؤلفه در تبیین تغییرات کل داده‌ها بیشتر باشد دلیل بر ثبات و پایداری نتایج حاصل می‌باشد، که در این تحقیق سهم دو مؤلفه در تبیین تغییرات کل داده‌ها (74/3 درصد)، سهم نسبتاً بالایی از تغییرات کل داده‌ها را نشان میدهد. اثر قدرت ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی بر اساس تعریف مختصات ژنوتیپ محک متوسط[1] که از مهمترین نمودارهای روش GGE بای‌پلات نشان داد که والدین Orient و Opera دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه بودند. والد Fornax دارای بیشترین مقدار ترکیب‌پذیری عمومی منفی برای عملکرد دانه بود و ترکیب‌پذیری عمومی Talaye در حد صفر بود (شکل 1). ترتیب ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای ترکیب‌پذیری عمومی به صورت Orient > Opera> Fornax> Zarfam >Talaye > Okapi > Colvert قرار می‌گیرند. در تحقیقی که بصورت دی‌آلل 9 × 9 انجام شده بود گزارش شد که والدین SLM046 و Modena دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند (1).

1- ATC: Average Tester Coordinate

Archive of SID

www.SID.ir

جدول1- تجزیه واریانس صفت عملکرد دانه ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا

	منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات
تجزیه واریانس	تکرار	1	5171770/2 **
	ژنوتیپ	27	1279475/1 **
	اشتباه	27	249382/9
تجزیه دی‌آلل	GCA	۶	673685/84 *
	SCA	۲۱	1452557/75 **
	اشتباه	۲۷	124691/45
	نسبت ژنتیکی $\frac{2\sigma^2_{Gca}}{2\sigma^2_{Gca}+2\sigma^2_{Sca}}$		0/481

* و **- به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال 0/05 و 0/01

جدول2- مقایسه میانگین عملکرد دانه برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا به همراه مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی

شماره	نام ژنوتیپ	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	ترکیب پذیری عمومی وخصوصی
1	Colvert	۲۱۶۲/۱۵ efgh	-28/9
2	Fornax	۳۲۸۴/۲۵ abcdef	-79/2
3	Okapi	۲۷۹۳ cdefgh	-259/1
4	Opera	۲۲۳۹/۵ efgh	120/3
5	Orient	۳۰۴۴/۲۵ bcdefgh	-70/2
6	Talaye	۲۵۵۳/۷۵ defgh	438/3
7	Zarfam	۱۷۳۲/۵ gh	-121/2
8	Colvert × Fornax	۳۳۲۴/۷۵ abcde	620/9
9	Colvert × Okapi	۲۸۱۱ cdefgh	287/8
10	Colvert × Opera	۳۶۹۱/۵ abcd	788/3
11	Colvert × Orient	۲۵۱۰/۴ defgh	-202/1
12	Colvert × Talaye	۳۰۶۳/۷۵ bcdefgh	-157/7
13	Colvert × Zarfam	۲۵۰۷/۶۵ defgh	745/6
14	Fornax × Okapi	۱۹۳۱/۱۵ fgh	-541/9
15	Fornax × Talaye	۱۷۳۲/۵ gh	-1120/4
16	Fornax × Orient	۱۶۹۹/۵ h	-962/8
17	Fornax × Opera	۳۶۲۸/۵ abcd	457/6
18	Fornax × Zarfam	۲۸۹۵ cdefgh	915/4
19	Okapi × Opera	۳۰۹۶ bcdefg	423/5
20	Okapi × Orienti	۲۱۲۷ efgh	-354/9
21	Okapi × Zarfam	۲۵۲۸/۲۵ defgh	-462/5
22	Okapi × Talaye	۲۰۷۹/۶۵ efgh	148/1
23	Opera × Orient	۱۸۱۵/۰۵ gh	-1046/4
24	Opera × Talaye	۴۶۲۹ a	1259/1
25	Opera × Zarfam	۴۱۳۲/۳۵ abc	508/7
26	Orient × Talaye	۴۳۸۹/۹۵ ab	1209/6
27	Orient × Zarfam	۳۲۳۰/۵ bcdef	983/4
28	Talaye × Zarfam	۳۰۹۲/۹ bcdefg	-1171/3

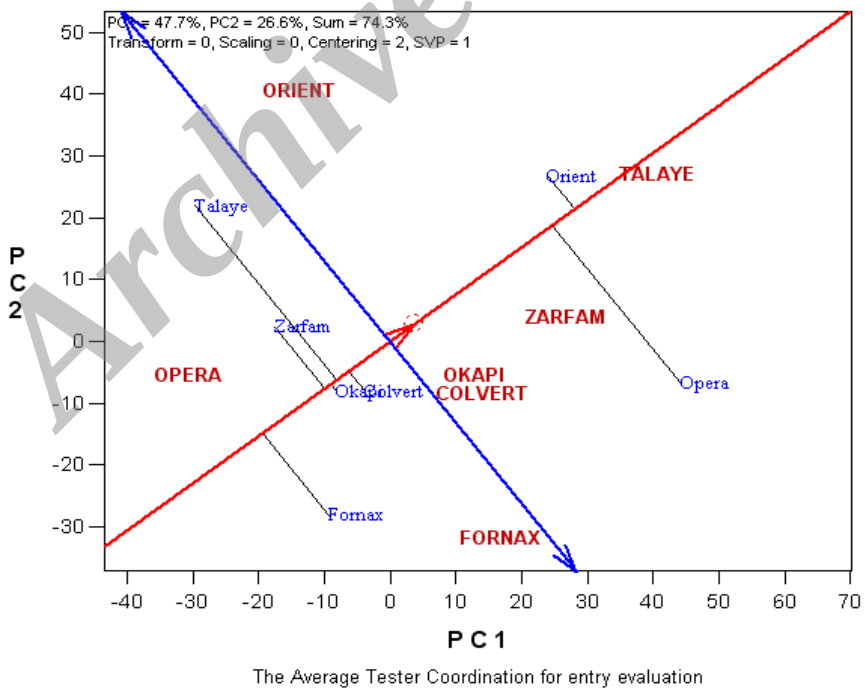
میانگین‌هایی که دارای حداقل یک حرف مشترک می‌باشند، از نظر آماری در سطح احتمال یک درصد تفاوت معنی‌داری ندارند.

Archive of SID

www.SID.ir

از آنجایی که اثرات ترکیب‌پذیری عمومی و ترکیب‌پذیری خصوصی اورتوگونال هستند، بنابراین ژنوتیپ‌ها به دو گروه، شامل ژنوتیپ‌های Orient و Opera و گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های Talaye، Zarfam، Okapi، Colvert و Fornax تقسیم شدند که با یکدیگر برهم‌کنش منفی دارند (شکل 1). بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مثبت ناشی از والد Orient در تلاقی با والد Okapi و همچنین والد Orient در تلاقی با والد Colvert بود زیرا بیشترین فاصله از محور افقی یا مؤلفه ژنوتیپ محک متوسط را داشتند و در مقابل بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی منفی مربوط به تلاقی بین دو والد Opera و Fornax بود، همچنین کمترین میزان ترکیب‌پذیری خصوصی ناشی از والد Zarfam در تلاقی با والد Okapi و همچنین تلاقی والد Zarfam با والد Colvert بود، زیرا کمترین فاصله از محور افقی یا مؤلفه ژنوتیپ محک متوسط را داشت. ترکیب‌پذیری خصوصی ناشی از دو والد Orient و Talaye دارای بیشترین مقدار برای عملکرد دانه نسبت به سایر ترکیبات دوتایی بود، که در دو جهت متفاوت قرار داشته و نسل F_1 حاصل از آنها دارای عملکرد دانه بیشتری از مقدار قابل پیش بینی ناشی از ترکیب پذیری عمومی بود که مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها در جدول 3 این موضوع را نشان می‌دهد. در رتبه بعدی ترکیب‌پذیری خصوصی تلاقی والدین Talaye با Opera و والدین Zarfam با Opera واجد بیشترین مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی ناشی از دو والد خاص بودند. والدین Fornax و Orient دارای بیشترین مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی منفی برای عملکرد بودند. صباغ‌نیا و همکاران (1) با انجام آزمایش دی‌آلل یک‌طرفه 9 × 9 گزارش کردند که بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مربوط به والد Opera و کمترین ترکیب‌پذیری عمومی ناشی از والد Modena بود و والدین Opera و Colvert دارای بیشترین مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی بودند.

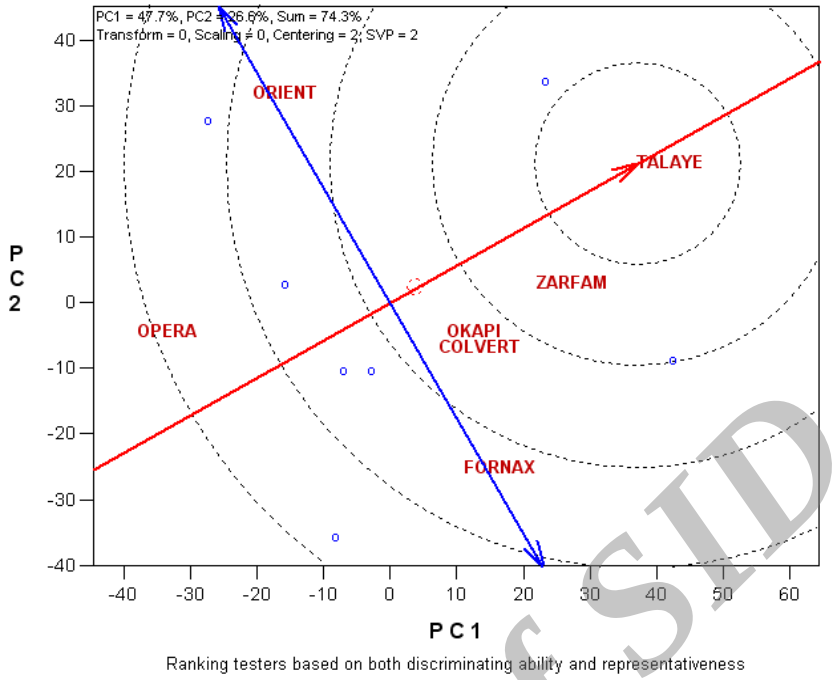
والد Talaye به عنوان بهترین ژنوتیپ محک شناخته شد، چون کمترین فاصله را با محور افقی مختصات ژنوتیپ محک متوسط داشت و بدترین ژنوتیپ محک هم والد Opera می‌باشد (شکل 2). هر چند بیشتر نتایج نمودارهای بای‌پلات از طریق مقادیر واقعی ترکیب‌پذیری‌های عمومی و خصوصی (جدول 3) تائید می‌شوند، اما در مواردی که توافقی بین مقادیر واقعی ترکیب‌پذیری‌های عمومی و خصوصی و نمایش نمودارهای بای‌پلات وجود ندارد، علت این امر اختلاف درصد سهم دو مؤلفه در تبیین تغییرات کل داده‌ها از 100% می‌باشد که هر چه این اختلاف بیشتر باشد تعداد یا میزان عدم تطابق بیشتر خواهد بود (24). در این تحقیق سهم دو مؤلفه 74/3 درصد از کل تغییرات داده‌ها توسط مدل بکار گرفته شده توجیه شدند، لذا برخی تفاوتها دیده شده و غیرقابل اجتناب است.



شکل1- نمودار مؤلفه ژنوتیپ محک متوسط برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا

Archive of SID

www.SID.ir



شکل2- نمودار بهترین ژنوتیپ محک برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا

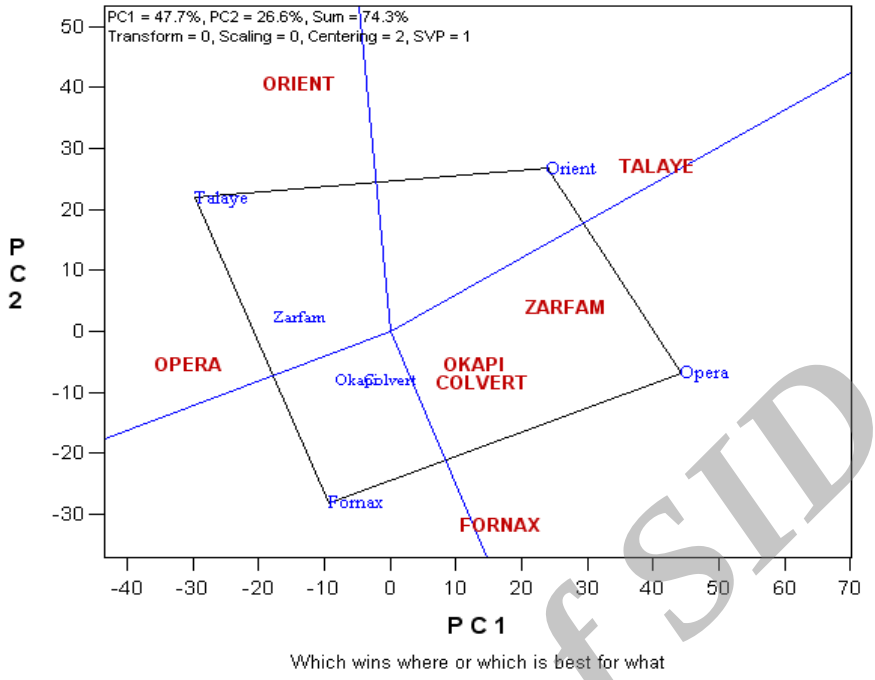
ژنوتیپ‌های رئوس چندضلعی در این آزمایش Fornax، Opera، Orient و Talaye بودند (شکل3). این ژنوتیپ‌ها (انتری‌ها) بالاترین پاسخ را در ترکیب با سایر ژنوتیپ‌ها (ژنوتیپ‌های محک) داده‌اند. بدین معنی که بهترین یا بدترین انتری‌ها از لحاظ مقدار در تلاقی با تعدادی یا همه ژنوتیپ‌های محک بودند. با توجه به شکل 3 هیچ ژنوتیپ محکی در ناحیه انتری Fornax قرار نگرفته که نشان می‌دهد انتری Fornax والد مادری خوبی در ترکیب با ژنوتیپ‌های محک نبوده و هیچ وقت ژنوتیپ محک Fornax در ناحیه انتری Fornax قرار نمی‌گیرد، زیرا ترکیب حاصل از خودگشنی Fornax هموژن و هموزیگوت است، در نتیجه فاقد هتروزیس است، که نتایج حاصل مشابه با نتایج درویش‌زاده و همکاران (9) است. ژنوتیپ‌های محک Colvert، Fornax، Okapi و Zarfam در ناحیه انتری Opera قرار گرفته‌اند، که نشان می‌دهد انتری Opera والد مادری مناسبی در تلاقی با این ژنوتیپ‌های محک می‌باشد و دورگ‌های حاصل از آنها دارای هتروزیس نسبتاً بالایی می‌باشد. بنابراین انتری Opera می‌تواند به عنوان بهترین والد مادری در ترکیب با ژنوتیپ‌های محک باشد چون تعداد بیشتری ژنوتیپ محک در ناحیه آن قرار گرفته است. ژنوتیپ محک Talaye در ناحیه انتری Orient قرار گرفته، که دورگ بوجود آمده از Talaye × Orient دارای هتروزیس بالایی می‌باشد. ژنوتیپ‌های محک Orient و Opera نیز در ناحیه انتری Talaye قرار می‌گیرند. با توجه به آنچه گفته شد بهترین دورگ‌ها، به ترتیب دورگ‌های حاصل از تلاقی Opera × Talaye و Talaye × Orient می‌باشند، چون با توجه به شکل 1 بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی را دارا می‌باشند.

در چند تحقیق کارایی روش بای‌پلات در تفسیر داده‌های دی‌آلل اثبات شده است. این تحقیقات مطالعه نحوه مقاومت به بیماری در برخی گیاهان مثل کلزا، گندم، ذرت و آفتابگردان می‌باشد (1، 2، 9، 23، ۲۴،۲۵ و26). همچنین از این روش در چین برای بررسی عملکرد دانه و هتروزیس کلزا (*Brassica napus* L.) در تلاقی دی‌آلل بین 5 لاین نرعقیم و 4 لاین بازگردانده باروری استفاده شده و نتایج آن در تطابق با نتایج سایر تحقیقات بوده است (28). بنابراین نتایج این تحقیق می‌تواند برای توسعه ارقام جدید و همچنین مطالعه تولید ارقام دورگ در کلزا جهت بهبود عملکرد مورد استفاده قرار گیرد.

بطورکلی در مجموع ازبین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ Orient دارای اثر ترکیب‌پذیری عمومی بالایی در تلاقی با سایر ژنوتیپ‌ها بود. قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ‌های حاصل از تلاقی Orient × Talaye ، Talaye × Opera و Opera × Zarfam دارای بیشترین مقدار نسبت به سایر دورگ‌ها بود. برای افزایش عملکرد دانه دو گروه هتروتیک، یک گروه شامل Orient و Opera و گروه دیگر شامل، Zarfam و Talaye تعیین شدند. بهترین ژنوتیپ محک هم والد Talaye بود.

Archive of SID

www.SID.ir



شکل3- نمودار بهترین ترکیب والدین (دورگ‌ها) برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا

جدول 3- سهم نسبی، سهم تجمعی و واریانس ریشه‌های مشخصه برای ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی نیمه دی‌آلل 7 × 7 در کلزا

ریشه مشخصه	واریانس ریشه مشخصه	سهم نسبی	سهم تجمعی
1	4343/80	47/7	47/7
2	2422/33	26/6	74/3
3	1092/78	12	86/3
4	746/73	8/2	94/5
5	282/30	3/1	97/6
6	218/56	2/4	100
7	0	0	100

لذا با وجود تنوع ژنتیکی موجود بین ارقام و دورگ‌های مورد مطالعه برای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی می‌توان نتیجه گرفت که امکان انتخاب ژنوتیپ‌های برتر برای ترکیب‌پذیری جهت افزایش عملکرد دانه وجود دارد.

منابع

1- صباغ‌نیا، ن.، ح. دهقانی، ب. علیزاده و م. مقدم. 1388. تجزیه بای‌پلات تلاقی دی‌آلل عملکرد دانه در کلزا. خلاصه مقالات همایش ملی گیاهان دانه روغنی. دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان، 1 و 2 مهر ماه 1388. صفحه 103.

2- دهقانی، ح.، م. ترابی، م. مقدم و م. ر. قنادها. 1384. تجزیه بای‌پلات داده‌های تلاقی دی‌آلل تیپ آلودگی زنگ زرد گندم. مجله نهال و بذر، جلد 21، شماره 1، صفحه 123- 138.

3- Ali, N., F. Javidfar, J. Y. Elmira, and M. Y. Mirza. 2003. Relationship among yield components and selection criteria for yield improvement in winter rapeseed (*Brassica napus* L.). Pakistan Journal of Botany. 35: 167- 174.

4- Ashraf, M. and S. Ahmad. 2000. Genetic effects for yield components and fiber characteristics in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivated under salinized (NaCl) conditions. Agronomie. 20: 917- 929.

Archive of SID

www.SID.ir

5- Baker, R. J. 1978. Issues in diallel analysis. Crop Science. 18 (4): 533- 536.
6- Board, J. E., M. S. Kang, and M. L. Bodrero. 2003. Yield components as indirect selection criteria for late- planted soybean cultivars. Agronomy Journal. 95: 420- 429.
7- Cockerham, C. C. 1963. Estimation of genetic variances. Statitica1 Genetics and Plant Breeding. 982: 53-94.
8- Cooper, M., R. E. Stucker, I. H. Delacy, and B. D. Harch. 1997. Wheat breedeing nurseries, target environments, and indirect selection for grain yield. Crop Science. 37: 1168- 1176.
9- Darvishzadeh, R., I. Bernousi, S. Poormohammad-Kiani, G. Dehghamp-Guillaume, and A. Sarrafi. 2009. Use of GGE biplot methodology and Griffing's diallel method for genetic analysis of partial resistance to phoma black stem disease in sunflower. Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science. 1-6.
10- Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. Genetics. 4th ed. Longman Group, London, UK.
11- Food Agriculture Organization (FAO). 2009. Data Stat Year 2009. FAO, Rome, Italy.
12- Gabriel, K. R. 1979. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika. 58: 453-467.
13- Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity. 10: 31-50.
14- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames.
15- Kandil, A. A., S. I. Mahandes, and N. M. Mahrous. 1995. Genotypic and phenotypic variability, heritability and interrelationships of some characters in oilseed rape (*Brassica napus* L.). Plant Breeding Abstracts. 65: 148- 158.
16- Labana, K. S. and S. Jindal. 1982. Genetics of seed yield and its components in Indian colza. Indian Journal of Agricultural Science. 52 (4): 230-241.
17- Richards, R. A. and N. Thuring. 1979. Genetic analysis of drought stress respons in rapeseed (*Brassica compestris* L. *B. napus*). II. Physiological characters. Euphytica. 28 (3): 755- 759.
18- Roy, D. 2000. Plant Breeding. In: Analysis and Exploitation of Variation. NAROSA Pub. House, Crops. PP. 660.
19- Singh, H. and C. K. Yavada. 1980. Gene action combining ability in rapeseed. Indian Journal of Agricultural Sicence. 50: 655- 658.
20- Thukral, S. K. and H. Singh. 1978. Genetic analysis of seed yield, flowering and maturity in rapeseed. Indian Journal of Agricultural Research. 25: 298- 302.
21- Thurling, N. 1974. Morphophysiological determinates of yield in rapeseed (*Brassica compestris* and *B.napus* L.). Australian Journal of Agricultural Research. 25; 711-721.
22- Weiss, E. A. 1983. Oilseed Crops. Longman Publications, 660 pp .
23- Yan, W. 1999. Methodology of cultivar evaluation based on yield trial data with special refrence to winter wheat in Ontario. Ph.D. thesis, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.
24- Yan, W., L. A. Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and mega-enviroment investigation based on the GGE biplot. Crop Science. 40: 597- 605.
25- Yan, W., P. L. Cornelius, J. Crssa, and L. A. Hunt. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-enviroment trial data. Crop Science. 41: 656- 663.
26- Yan, W. and L. A. Hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Science. 42: 21- 30.
27- Yan, W. and M. S. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press. Boca Raton, FL, 605 pp.
28- Yi, S., L. I. Shao-Qin, L. I. Dian-Rong, and T. Jian-Hua. 2006. GGE biplot analysis of diallel cross of *Brassica. napus* L. Acta Agron. SInica. 32: 243- 248.
29- Zhang, Y., M. S. Kang, and K. R. Lamkey. 2005. Diallel SAS 05: A comprehensive program for Griffing,s and Gardner-Eberhatt analysis. Agronomy Journal. 97: 1097- 1106.

Archive of SID

www.SID.ir