Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 46, Summer 2023 p: 11-21

"Research Paper"

Estimation of Genetic Parameters of some Important Agronomical Traits in Oilseed Rape by Griffing's Diallel Method

Kamal Payghamzadeh[1] and Hassan Amiri Oghan[2]

1- Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, (Corresponding author: k.peyghamzade@areeo.ac.ir)

2- Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 7 May, 2022 Accepted: 23 July, 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: oilseed rape is one of the most important oilseed plants for supplying required oil and its products. To extent its cultivation area, the introduction of new cultivars with higher genetic diversity is necessary via breeding programs.

Material and Methods: To establish of new genetic diversity and evaluation of genetic parameters, the 11 oilseed rape genotypes were crossed in full diallel method; consequently, different traits of parents and their F_1 offspring were evaluated in a randomized complete block design replicated thrice.

Results: Analysis of variance revealed that traits including days to flower initiation, physiological maturing, plant height, number of pods per plant, number of grain per pod, thousand-grain weight, and grain yield were significant. The genetic parameters analysis by Griffing's method I model II showed significant GCA, SCA, and REC effects of different traits which represent the evaluated traits were controlled by additive, non-additive, and cytoplasmic gene action effects. Analysis of combining ability represented that among parents, genotype SRL-97-1 had the highest GCA for physiological maturing, number of pod per plant, thousand-grain weight, and grain yield. Also, cross SRL-97-4×SRL-96-20 and SRL-97-15×SRL-97-3had the highest SCA and REC for grain yield, respectively. Besides, the broad sense heritability was higher in traits such as plant height, number of pod per plant and grain yield (H2=0.99); meanwhile, grain yield had a higher narrow sense heritability (h2=0.39).

Conclusion: Consequently, results showed that there was sufficient genetic diversity among evaluated genotypes in which the achieved diversity from the crossing of these genotypes could be applied in cultivar introduction. It is recommended that, genotypes with higher GCA and SCA are suitable for the foundation of a desirable population for selection of promising pure lines with higher yield attributes.

Keywords: Combining ability, Gene action, Heritability, Yield

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

OPEN ACCESS
CC BY NC

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مهم زراعی در ژنوتیپ‌های کلزا به روش دای‌آلل گریفینگ

کمال پیغام‌زاده[۱] و حسن امیری اوغان[۲]

۱- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: k.peyghamzade@areeo.ac.ir)

۲- موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۲/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۵/۱

صفحه: ۱۱ تا ۲۱

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: کلزا یکی از مهم‌ترین گیاهان دانه روغنی جهت تأمین روغن و کنجاله مورد نیاز است. برای توسعه سطح زیر کشت آن، معرفی ارقام جدید با تنوع ژنتیکی بالا از طریق برنامه‌های به‌نژادی دارای اهمیت فراوانی است.

مواد و روش‌ها: با هدف ایجاد تنوع ژنتیکی جدید و ارزیابی پارامترهای ژنتیکی، یازده ژنوتیپ بهاره کلزا با استفاده از روش دای‌آلل کامل تلاقی داده شد و صفات مختلف والدین و نتاج F_1 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند.

یافته‌ها: تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد صفات روز تا شروع گلدهی، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، ارتفاع گیاه، تعداد خورجین در گیاه، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌ها و دورگ‌های حاصل معنی‌دار بودند. این نتایج بیانگر وجود تنوع ژنتیکی کافی در بین ژنوتیپ‌ها بود. تجزیه پارامترهای ژنتیکی با روش اول گریفینگ مدل دوم معنی‌دار بودن واریانس‌های GCA، SCA و REC صفات مختلف را نشان داد که بیانگر کنترل صفات مورد بررسی توسط اثرات افزایشی، غیر افزایشی ژن‌ها و سیتوپلاسمی بود. تجزیه ترکیب‌پذیری نشان داد که در میان والدین، ژنوتیپ SRL-97-1 دارای بیشترین مقدار GCA برای صفات رسیدن فیزیولوژیک، تعداد خورجین در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه بود. همچنین، تلاقی SRL-97-4×SRL-96-20 و SRL-97-15×SRL-97-3 به‌ترتیب دارای بیشترین مقدار SCA و REC برای عملکرد دانه بودند. به‌علاوه، صفات ارتفاع بوته، تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه دارای بیشترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی (۹۹ درصد) بودند و عملکرد دانه دارای بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی (۳۹ درصد) بود.

نتیجه‌گیری: به‌طورکلی، نتایج نشان داد که در ژنوتیپ‌های مورد بررسی تنوع ژنتیکی کافی وجود دارد، به‌طوری‌که تنوع حاصل از تلاقی این ژنوتیپ‌ها می‌تواند برای معرفی ارقام مورد بهره‌برداری قرار گیرد. ژنوتیپ‌هایی با GCA و SCA بالا جهت تشکیل یک جمعیت مناسب جهت تولید نتاج دارای ویژگی‌هایی با عملکرد بالا پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: ترکیب‌پذیری، عملکرد ، عمل ژن، وراثت‌پذیری

مقدمه

کلزا (*Brassica napus* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان دانه روغنی با ۴۰ درصد روغن و ۲۰ درصد پروتئین است که دارای مزایای اقتصادی، صنعتی، تغذیه‌ای، اجتماعی و اکولوژیکی بسیاری می‌باشد. کلزا بعد از نخل روغنی و سویا به‌عنوان سومین گیاه روغنی جهان جهت تأمین روغن خوراکی بشمار می‌آید (۱۶،۱۸،۲۸). با توجه به وجود تیپ‌های بهاره، زمستانه و حد واسط و نیز سازگاری بالا به طیف گسترده‌ای از شرایط آب و هوایی، این گیاه در سرتاسر دنیا کشت و کار می‌شود (۱۳،۱۹). با کمک روش‌های اصلاح کلاسیک و پیشرفته، سطح زیر کشت کلزا با شیب ملایم رو به افزایش است به‌طوری‌که سطح زیر کشت آن در جهان در سال ۲۰۲۰ تقریباً برابر با ۳۵/۵ میلیون هکتار با ۷۲/۴ میلیون تن دانه کلزا می‌باشد که سهم ایران از آن ۱۶۰ هزار هکتار با ۳۴۰ هزار تن دانه کلزا می‌باشد (۶). توسعه پایدار سطح زیر کشت کلزا به‌ویژه در ایران مستلزم معرفی ارقام با تنوع ژنتیکی بالا و سازگار برای مناطق مختلف از طریق برنامه‌های به‌نژادی است. انتخاب نوع روش اصلاحی تا حد زیادی بستگی به میزان وراثت‌پذیری صفت و نوع عمل ژن دارد (۲۹). به‌منظور اصلاح ارقام هیبرید یا آزادگرده‌افشان کلزا با عملکرد بالا شناخت ساختار ژنتیکی در رابطه با نحوه توارث، اثرات ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) از جمله شاخص‌های ژنتیکی مهم لاین‌های خالص یا ارقام تجاری می‌باشد. برای افزایش پتانسیل کمی و کیفی عملکرد کلزا دانش نحوه عمل افزایشی یا غیر افزایشی ژن‌ها در یک جمعیت در حال تفرق برای تعیین روش اصلاحی با کارایی بالا برای صفت هدف حائز اهمیت فراوانی است (۱۹،۲۸). استفاده از تنوع ژنتیکی محدود کلزا یکی از مهم‌ترین موارد مورد توجه در بهبود ژنتیکی عملکرد و سایر صفات مهم اقتصادی است (۲۲). به‌منظور ارزیابی نحوه عمل ژن‌ها، GCA و SCA و انتخاب والد برتر در برنامه‌های به‌نژادی، روش تجزیه دای‌آلل دارای کارایی بالایی می‌باشد (۱۸،۲۱). وجود اثرات افزایشی ژن‌ها در جمعیت بیانگر کارایی بالای گزینش در مقایسه با سایر روش‌های اصلاحی می‌باشد در حالی که اصلاح ارقام هیبرید در حضور اثرات غیر افزایشی ژن‌ها از جمله غالبیت و فوق غالبیت سودمند خواهد بود (۲،۱۵،۱۶). بیدگلی و همکاران (۴) دامنه‌ای از وراثت‌پذیری عمومی از ۸۶/۰۳ درصد (قطر ساقه) تا ۹۸/۵۳ درصد (خاتمه گلدهی) و نیز وراثت‌پذیری خصوصی از ۵۶/۸۳ درصد (قطر ساقه) تا ۹۱/۶۳ درصد (تعداد شاخه‌های فرعی) را گزارش کردند و بیان داشتند تستر SPN1 و لاین‌های DH4 و SPN30 دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی بودند. روستاباغی و همکاران (۲۳) در مطالعه‌ای پارامترهای ژنتیکی هفت لاین کلزا در قالب یک طرح تلاقی نیمه دای‌آلل را مورد ارزیابی قرار دادند و گزارش کردند که رقم اوپرا دارای بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و رقم فوریناکس دارای بیشترین مقدار ترکیب‌پذیری عمومی منفی بود. ترکیب‌پذیری خصوصی ناشی از دو والد خالص طلایه با اوپرا و طلایه با

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

اورینت بیشترین مقدار بود. اوغان و همکاران (۲) مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی (بین ۷۳/۶۵ درصد برای تعداد شاخه در بوته و ۸۷/۶۵ درصد برای عملکرد دانه) را گزارش کردند که نشان از بیشتر بودن واریانس ژنتیکی نسبت به واریانس محیطی می‌باشد. به‌طورکلی، یکی از روش‌های برآورد پارامترهای ژنتیکی روش تجزیه دای‌آلل به روش گریفینگ است. در این روش با استفاده از مدل آماری مناسب، اجزای واریانس ناشی از GCA و SCA برآورد می‌شود و سپس این واریانس‌ها به اجزای ژنتیکی تجزیه می‌شوند (۱۱). هدف از این پژوهش بررسی نحوه توارث برخی صفات مهم کلزا و تعیین بهترین ژنوتیپ‌ها با ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی بالا جهت ایجاد یک جمعیت با تنوع ژنتیکی بالا برای استخراج لاین‌های امیدبخش برتر می‌باشد.

مواد و روش‌ها

محل اجرای آزمایش

این پروژه طی دو سال زراعی متوالی ۹۸-۱۳۹۷ و ۹۹-۱۳۹۸ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (عراقی محله) در استان گلستان اجرا شد. شهرستان گرگان دارای میانگین درازمدت بارندگی سالانه تقریباً ۴۸۷ میلی‌متر، دامنه نوسانات دمایی سالانه ۱۰ درجه سانتی‌گراد، ارتفاع ۵/۵ متر از سطح دریا و میانگین دمای سالانه تقریباً ۱۸ درجه سانتی‌گراد در عرض جغرافیایی ۳۶ درجه، ۵۳ دقیقه و ۲۴ ثانیه شمالی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه، ۲۴ دقیقه و ۵۱ ثانیه شرقی قرار دارد. در این منطقه معمولاً یک فصل معتدل و مرطوب به‌وسیله یک فصل نسبتاً گرم و مرطوب دنبال می‌شود.

عملیات زراعی

عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک، تسطیح، مرزبندی و غیره طبق دستورالعمل کشت کلزا (۷) انجام شد. برای این منظور، ابتدا مزرعه شخم و سپس دیسک زده شد. سپس علف‌کش ترفلان (۲/۵ لیتر در هکتار) با استفاده از سمپاش پشت تراکتوری به‌طور یکنواخت در سطح مزرعه پخش گردید و بلافاصله به‌طور سطحی به‌وسیله دیسک با خاک مخلوط شد. نحوه مصرف کود و مواد غذایی چون نیتروژن، فسفر و پتاس بر اساس نتایج آزمون خاک انجام شد، به‌طوری‌که تمامی کود فسفره و پتاسه به همراه یک‌سوم کود نیتروژنه از منبع اوره هم‌زمان با کاشت به زمین مصرف شد. مابقی کود ازته به‌صورت سرک در مراحل تعریف‌شده استفاده گردید. در مرحله شش برگی در صورت نیاز وجین علف‌های هرز و نیز تنک کردن بوته‌ها به‌صورت دستی انجام می‌شود. هنگام شروع ساقه رفتن بوته‌ها و قبل از ظهور غنچه‌های گل کود نیتروژنه باقیمانده به نسبت مساوی در سطح مزرعه آزمایشی پخش شد. طی دوران رشد در صورت مشاهده آفات کلزا از علف‌کش‌ها و آفت‌کش‌های توصیه شده در دستورالعمل فنی تولید کلزا (۷) استفاده شد.

مواد ژنتیکی

برای ارزیابی ترکیب‌پذیری عمومی، ترکیب‌پذیری خصوصی و سایر پارامترهای ژنتیکی کلزا در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ تعداد ۱۱ ژنوتیپ بهاره کلزا نسل F_6 (جدول ۱) در بلوک تلاقی در دو خط پنج متری با فاصله بین ردیف ۶۰ سانتی‌متری و فاصله بوته روی ردیف تقریباً ۱۵ متری در دو تاریخ کاشت دهه آخر مهرماه و دهه دوم آبان ماه کشت شدند و در قالب طرح آمیزشی دای‌آلل دوطرفه با یکدیگر تلاقی داده شدند. بعد از انجام تلاقی‌ها بین ۱۱ والد، تعداد ۵۵ نتاج F_1 حاصل از تلاقی مستقیم و معکوس (در مجموع ۱۱۰ نتاج) حاصل شد. در سال زراعی دوم (۹۹-۱۳۹۸) تعداد ۱۲۱ ژنوتیپ شامل ۱۱ والد، ۵۵ نتاج F_1 حاصل از تلاقی‌های مستقیم و ۵۵ نتاج F_1 حاصل از تلاقی‌های معکوس در قالب طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی در چهار ردیف چهار متری (مساحت هر کرت ۴/۸۰ سانتی‌متر) با فاصله بین ردیف ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بوته روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر با تراکم پایین (۱۶۰ بوته در هر کرت و ۳۳ بوته در متر مربع) در سه تکرار کشت شدند. در این پژوهش صفاتی مانند تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد خورجین در گیاه، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه (گرم) و عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) مورد بررسی قرار گرفت. یادداشت‌برداری صفات و نیز برداشت محصول در هر کرت از دو ردیف میانی به‌منظور حذف اثرات حاشیه‌ای به‌صورت دستی انجام شد و سپس توسط کمباین خرمن‌کوبی و پس از بوجاری به‌صورت جداگانه برای اندازه‌گیری‌های بعدی جمع‌آوری شد.

محاسبات آماری

بعد از تائید نرمال بودن داده‌ها، تجزیه واریانس داده‌ها با نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ (۲۴) انجام شد. جهت بررسی اختلاف ژنوتیپ‌های والدینی و نتاج F_1، برآوردهای واریانس ترکیب‌پذیری عمومی، ترکیب‌پذیری خصوصی، تلاقی‌های معکوس، واریانس افزایشی و غالبیت، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی، نسبت غالبیت بر اساس روش اول گریفینگ مدل دوم (۱۰،۱۱) با استفاده از نرم‌افزار PBTools (V. 1.4) (۱۴) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. نسبت بیکر با استفاده از رابطه زیر محاسبه گردید:

$$Baker\ ratio: \frac{2\sigma_g^2}{2\sigma_g^2 + \sigma_s^2}$$

که در آن σ_g^2 و σ_s^2 به‌ترتیب واریانس ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

جدول ۱- والدین کلزا مورد استفاده برای تلاقی دای‌آلل کامل

Table 1. Oilseed rape parents used to full diallel cross

شماره والد Parent No.	شجره Pedigree	نام ژنوتیپ Genotype name	منشأ Origin	تیپ رشدی Growth habit
P_1	F6-Rameh 97-1	SRL-97-1	ایران Iran	بهاره Spring
P_2	F6-Rameh 97-3	SRL-97-3		
P_3	F6-Rameh 97-4	SRL-97-4		
P_4	F6-Rameh 97-5	SRL-97-5		
P_5	F6-Rameh 97-6	SRL-97-6		
P_6	F6-Ogh-Beh-4	SRL-97-15		
P_7	Dalgan	Dalgan		
P_8	F6-Zabol-8	SRL-97-24		
P_9	F6-11 (Rameh)	SRL-96-11		
P_{10}	F6-20 (Rameh)	SRL-96-20		
P_{11}	F6-22 (Rameh)	SRL-96-22		

نتایج و بحث

تجزیه واریانس دای‌آلل

نتایج تجزیه واریانس صفات یادداشت‌برداری شده در جدول ۲ نشان داده شده است (جدول ۲). در این مطالعه واریانس کل به دو جزء مشخص یعنی والدین و ژنوتیپ‌ها (نتاج F_1) تفکیک شد. صفات مورد بررسی در والدین و نتاج F_1 اختلاف آماری معنی‌داری داشتند (جدول ۲) که این موضع بیانگر وجود تنوع ژنتیکی مناسب در میان والدین جهت استفاده از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی کلزا می‌باشد (۱،۲،۱۷،۱۸). همچنین، وجود مقادیر میانگین مربعات GCA، SCA و REC معنی‌دار به‌ترتیب بیانگر ماهیت اثرات افزایشی، غیرافزایشی (غالبیت) عمل ژن‌ها و اثرات مادری (سیتوپلاسمی) می‌باشد (۱۸،۱۹). اثرات تلاقی معکوس و مادری برای همه صفات معنی‌دار بود. وجود اثرات معکوس معنی‌دار برای صفات فوق (جدول ۲) بیانگر تفاوت بین تلاقی‌های مستقیم و معکوس است (۸،۲۶).

برآورد پارامترهای ژنتیکی

تجزیه تنوع موجود در ترکیب‌پذیری نشان داد که بیشترین مقدار GCA به‌ترتیب در صفات عملکرد دانه، تعداد خورجین در گیاه و ارتفاع بوته مشاهده شد، درحالی‌که سایر صفات مقادیر GCA پایین‌تری داشتند (جدول ۳). برای همه صفات مورد مطالعه مقادیر SCA بیشتر از مقادیر GCA بود، به‌طوری‌که بیشترین مقدار SCA به‌ترتیب برای صفات عملکرد دانه، تعداد خورجین در بوته و ارتفاع گیاه به دست آمد (جدول ۳). مقادیر بیشتر واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت، مقادیر پایین‌تر $\boldsymbol{\sigma_g^2/\sigma_s^2}$ و نسبت بیکر برای صفات مورد بررسی وجود برتری اثر غیر افزایشی و غالبیت ژن‌های کنترل‌کننده صفات فوق را نشان می‌باشد (جدول ۳). نسبت بیکر که نشان‌دهنده نسبت واریانس افزایشی به کل واریانس ژنتیکی می‌باشد که برای صفاتی مانند عملکرد دانه، وزن هزار دانه و تعداد خورجین در بوته نسبت به سایر صفات بیشتر بود به‌طوری‌که این صفات در ژنوتیپ‌های مورد نظر به‌طور هم‌زمان دارای GCA بالایی نیز بودند. همچنین، این صفات دارای وراثت‌پذیری خصوصی بالایی نیز بودند (جدول ۳). این نتایج با گزارش‌های سایر محققین مطابقت دارد (۲،۱۹). این یافته‌ها نشان می‌دهد که ژن‌های دارای عمل غالبیت نسبت به ژن‌های دارای اثرات افزایشی بیشتر بوده و در کنترل صفات ژنوتیپ‌های مورد بررسی حائز اهمیت بیشتری می‌باشند. این یافته‌ها با یافته‌های سایر محققین مطابقت دارد (۱۶،۱۹،۲۸). اخیراً در گزارش‌های متعددی مقادیر SCA بیشتری نسبت به مقادیر GCA برای صفات مختلف کلزا گزارش شده است (۴،۱۲). برای بیشتر صفات کلزا از جمله تحمل به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، تعداد خورجین در گیاه، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و درصد روغن اثرات غیر افزایشی ژن‌ها اهمیت بیشتری نسبت به اثرات افزایشی ژن‌ها دارند (۱۶،۱۸،۲۸)، در حالی‌که برخی محققین نتایج مغایری گزارش کردند (۲،۲۰،۲۶). پیشنهاد می‌شود از صفات تحت کنترل اثر غالبیت ژن برای اصلاح کلزا به روش هیبریداسیون که از جمله روش‌های کاربردی اصلاح به‌منظور تولید ارقام هیبرید می‌باشد، استفاده شود. در مطالعه کنونی، از نظر وراثت‌پذیری عمومی بیشتر صفات با احتمال بیشتر از ۷۰ درصد به نسل بعدی منتقل می‌شوند. به‌عنوان مثال، صفات ارتفاع گیاه، تعداد خورجین در گیاه، و عملکرد دانه دارای بیشترین (۹۹ درصد) و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک دارای کمترین (۷۶ درصد) وراثت‌پذیری عمومی بودند (جدول ۳). در مطالعه کنونی مقادیر بسیار پایینی از وراثت‌پذیری خصوصی (بین ۰/۰۱ برای صفت رسیدن فیزیولوژیک تا ۰/۳۹ برای صفت عملکرد دانه) برای صفات مورد بررسی به دست آمد که بیانگر عدم وجود واریانس افزایشی بالا در جمعیت مورد بررسی بود و بنابراین در این‌گونه جمعیت‌ها پیشنهاد می‌شود که فرایند انتخاب به نسل‌های بعدی موکول شود. بنابراین، در جمعیت‌هایی با ساختار ژنتیکی فوق می‌توان به‌وسیله کنترل ژن‌های مرتبط با وزن هزار دانه، تعداد خورجین در بوته، عملکرد دانه و ارتفاع بوته، ارقامی پر محصول با ارتفاع مناسب را انتخاب کرد و پس از رسیدن به خلوص و تایید سازگاری و پایداری صفات هدف به عنوان یک رقم معرفی کرد. برخی محققین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی بالایی برای صفات فوق گزارش کردند (۲،۴،۱۸،۲۰).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

جدول ۲- تجزیه واریانس دای‌آلل صفات مختلف در ژنوتیپ‌های بهاره کلزا به روش اول مدل دوم گریفینگ
Table 2. Diallel variance analysis of different traits in spring type of oilseed rape genotypes by Griffing method I model II

میانگین مربعات Mean Squres							درجه آزادی Degree freedom	منابع تغییرات Source of variation
عملکرد دانه Grain yield	وزن هزار دانه Thousand grain weight	تعداد دانه در خورجین Number of grains per pod	تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته Plant height	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation		
65827.94**	1.40**	4.84ns	5445.81**	1285.76**	52.44ns	55.15**	2	بلوک Block
861485.70**	0.34**	31.88**	27633.32**	839.40**	54.11**	94.77**	120	تیمار (ژنوتیپ‌ها/F_1) Treatmernt (genotypes/F_1)
498652.90**	0.27**	29.93**	24734.15**	686.58**	46.74**	72.51**	100	مادری: پدری Maternal:paternal
2864113**	0.61**	62.79**	58991.72**	2160.85**	114.26**	258.07**	10	اثرات مادری Maternal effects
2487187**	0.76**	20.42ns	25266.63**	1046.12**	67.69**	157.12**	10	اثرات پدری Paternal effects
22439.95	0.09	136.62	519.25	7.31	18.19	3.97	240	خطا erorr
1688237**	0.42**	19.40ns	21794.50**	759.18**	29.60*	54.96**	10	ترکیب‌پذیری عمومی General combining ability
196853.90**	0.09**	11.44**	8542.59**	235.79**	14.37**	24.89**	55	ترکیب‌پذیری خصوصی Specific combining ability
122729.10**	0.08**	8.21**	7595.73**	236.64**	19.60**	34.04**	55	اثرات معکوس Reciprocal effects
7479	0.03	4.50	173.08	2.44	6.32	1.32	240	خطا erorr
10.12	4.53	6.83	7.64	8.84	3.11	5.58	-	ضریب تغییرات (٪) Coefficient variation (%)

ns، *و **: به‌ترتیب بیانگر عدم اختلاف آماری معنی‌دار و اختلاف آماری معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشند
ns, not significant; *and **Significant at 0.05 level of probability, respectively

جدول ۳- برآورد پارامترهای ژنتیکی و نحوه عمل ژن صفات مختلف در ۱۱ ژنوتیپ کلزا به روش اول مدل دوم گریفینگ
Table 3. Estimation of genetic parameters and gene action of different traits in 11 oilseed rape genotypes by Griffing method I model II

عملکرد دانه Grain yield	وزن هزار دانه Thousand grain weight	تعداد دانه در خورجین Number of grains per pod	تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته Plant height	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation	پارامترهای ژنتیکی Genetic parameters
67867.68	0.01	0.36	605.79	23.88	0.69	1.38	σ_g^2
103217.82	0.03	3.78	4561.76	127.19	4.38	12.84	σ_s^2
271470.73	0.06	1.46	2423.15	95.54	2.78	5.50	VA
412871.30	0.14	15.14	18247.04	508.76	17.54	51.38	VD
0.39	0.26	0.07	0.12	0.16	0.10	0.09	h2
0.99	0.87	0.79	0.99	0.99	0.76	0.94	H2
1.74	2.18	4.55	3.88	3.26	3.55	4.32	DR
0.57	0.40	0.16	0.21	0.27	0.24	0.18	BR
0.66	0.33	0.10	0.13	0.19	0.16	0.11	σ_g^2/σ_s^2

σ_g^2: واریانس ترکیب‌پذیری عمومی، σ_s^2: واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی، VA: واریانس افزایشی، VD: واریانس غالبیت، H2: وراثت‌پذیری عمومی، h2: وراثت‌پذیری خصوصی، DR: نسبت غالبیت، BR: نسبت باکر و σ_g^2/σ_s^2 : نحوه عمل ژن
σ_g^2: general combining ability variance; σ_s^2: specific combining ability variance; VD: additive variance; VD: dominance variance; H2: broad sense heritability; h2: norrow sense heritability; DR: dominance ratio; BR: baker ratio; $\sigma_s^2/\ \sigma_g^2$: gene action

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

جدول ۴- برآورد اثرات ترکیب‌پذیری عمومی صفات مختلف والدین کلزا

Table 4. Estimation of general combining ability effects of different traits in oilseed rape parents

عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	وزن هزار دانه (گرم) Thousand grain weight (gr)	تعداد دانه در خورجین Number of grains per pod	تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation	والدین Parents
342.31**	0.18**	0.08ns	54.48**	−9.05**	1.23*	−0.52*	P_1
115.18**	0.09*	−1.41**	29.28**	3.80**	−0.17ns	−0.46ns	P_2
−288.81**	−0.26**	−1.05**	39**	−8.80**	0.23ns	1.92**	P_3
135.28**	0.07ns	−1.21*	1.90ns	2.10**	0.99ns	−0.80**	P_4
125.86**	0.08ns	−0.38ns	−5.07ns	3.52**	1.15*	0.22ns	P_5
115.90**	0.06ns	0.48ns	−17.71**	−0.47ns	−1.81**	−1.58**	P_6
72.50ns	0.05ns	0.84ns	−38.69**	−3.76**	2.13**	−1.02**	P_7
29.08ns	0.05ns	−0.23ns	−46.18**	−4.11**	−0.96ns	0.48ns	P_8
270.91**	0.03ns	1.34*	12.18**	5.57**	0.65ns	0.78**	P_9
−409.64**	−0.23**	0.51ns	−17.06**	1.77**	0.60ns	1.67**	P_{10}
−508.58**	−0.09*	1.04*	−12.13**	9.43**	0.21ns	3.60**	P_{11}
17.58	0.04	0.43	2.67	0.32	0.51	0.23	$SE_{(gi)}$
26.08	0.05	0.64	3.97	0.47	0.76	0.35	$SEd_{(gi-gj)}$

ns، *و **: به‌ترتیب بیانگر عدم اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشند. کد ژنوتیپ‌ها عبارت از P_1: SRL-97-1؛ P_2: SRL-97-3؛ P_3: SRL-97-4؛ P_4: SRL-97-5؛ P_5: SRL-97-6؛ P_6: SRL-97-15؛ P_7: Dalgan؛ P_8: SRL-97-24؛ P_9: SRL-96-11؛ P_{10}: SRL-96-20؛ P_{11}: SRL-96-22 می‌باشد.

ns, not significant; *and **Significant at 0.05 level of probability, respectively. Genotypes code consist P_1: SRL-97-1; P_2: SRL-97-3; P_3: SRL-97-4; P_4: SRL-97-5; P_5: SRL-97-6; P_6: SRL-97-15; P_7: Dalgan; P_8: SRL-97-24; P_9: SRL-96-11; P_{10}: SRL-96-20; P_{11}: SRL-96-22.

جدول ۵- برآورد اثرات ترکیب‌پذیری خصوصی صفات مختلف نتاج کلزا

Table 5. Estimation of specific combining ability effects of different traits in oilseed rape offspring

عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	وزن هزار دانه (گرم) Thousand grain weight (gr)	تعداد دانه در خورجین Number of grains per pod	تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological maturity	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation	دورگ‌ها hybrids
48.16ns	−0.02ns	2.90**	−52.46**	3.30**	0.01ns	−2.01**	$P_1 \times P_2$
145.47*	0.36**	0.73ns	108.95**	8.12**	−0.24ns	6.28**	$P_1 \times P_3$
−114.97**	0.02ns	0.38ns	−46.87**	11.89**	−0.50ns	−0.34ns	$P_1 \times P_4$
360.46**	0.08ns	2.17ns	58.95**	15.40**	0.35ns	−3.58**	$P_1 \times P_5$
−163.41**	−0.11ns	1.58ns	−61.80**	2.29*	−2.36ns	−2.39**	$P_1 \times P_6$
−71.45*	−0.11ns	3.46*	−68.36**	−18.88**	0.63ns	2.38**	$P_1 \times P_7$
118.73**	0.07ns	−4.54**	55.23**	−2.10*	−1.04ns	−0.61ns	$P_1 \times P_8$
−276.28**	−0.13ns	−1.11ns	−47.92**	−5.17**	−0.65ns	−1.42ns	$P_1 \times P_9$
−428.42**	−0.32**	−4.76**	−49.75**	5.40**	1.01ns	0.86ns	$P_1 \times P_{10}$
−477.08**	−0.01 ns	−0.75ns	−96.14**	−7.62**	0.29ns	0.92ns	$P_1 \times P_{11}$
−40.62ns	0.16 ns	−0.35ns	80.20**	3.21**	0.67ns	−2.11**	$P_2 \times P_3$
26.75ns	−0.51**	3.36*	−0.59ns	−5.86**	2.41ns	0.27ns	$P_2 \times P_4$
−252.99**	0.07ns	−4.10**	−57.03**	3.83**	−0.74ns	−2.64**	$P_2 \times P_5$
348.81**	0.06ns	0.72ns	57.64**	−8.29**	1.55ns	2.39**	$P_2 \times P_6$
49.15ns	0.16ns	0.72ns	−22.31**	−13.33**	−2.30ns	0.83ns	$P_2 \times P_7$
−107.56ns	−0.23*	−0.05ns	−22.50**	−11.94**	−0.80ns	4.49**	$P_2 \times P_8$
−113.28*	−0.02ns	−4.16**	−36.44**	−12.30**	0.60ns	6.36**	$P_2 \times P_9$
14.88ns	−0.06 ns	2.41ns	37.49**	0.69ns	2.81ns	4.30**	$P_2 \times P_{10}$
79.24ns	0.12 ns	1.72ns	109.20**	17.48**	0.53ns	−1.63*	$P_2 \times P_{11}$
121.67*	0.11 ns	−0.54ns	88.76**	23.64**	4.67**	4.89**	$P_3 \times P_4$
−13.91ns	0.24*	3.34*	4.46 ns	6.32**	4.52**	7.31**	$P_3 \times P_5$
−388.97**	−0.22ns	0.15ns	−25.04**	−5.24**	0.47ns	1.17ns	$P_3 \times P_6$
−296.87**	0.02ns	0.02ns	−42.96**	4.37**	−4.37**	−1.88*	$P_3 \times P_7$
−368.68**	−0.31**	−2.48ns	−65.13**	−5.65**	−3.04ns	−2.22**	$P_3 \times P_8$
−353.57**	0.40**	2.10ns	−74.42**	−7.53**	−1.48ns	−1.85*	$P_3 \times P_9$
644.66**	−0.37**	−1.27ns	17.97*	−10.19**	−4.10*	−4.58**	$P_3 \times P_{10}$
298.99**	0.23*	1.59ns	−112.14**	−22.59**	−0.87ns	−4.01**	$P_3 \times P_{11}$
106.58ns	0.16ns	2.03 ns	−7.79 ns	2.74**	−3.57*	−4.31**	$P_4 \times P_5$
−140.25*	0.09ns	1.14ns	−48.34**	5.31**	1.05ns	−1.95*	$P_4 \times P_6$
−17.18ns	0.03ns	−3.05*	13.41 ns	2.09*	2.04ns	2.99**	$P_4 \times P_7$
68.72ns	0.16ns	2.07ns	−11.50 ns	−2.61*	2.20ns	6.49**	$P_4 \times P_8$
519.02**	0.07ns	1.50ns	106.16**	7.76**	−0.90ns	1.19 ns	$P_4 \times P_9$

ns، *و **: به‌ترتیب بیانگر عدم اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشند. کد ژنوتیپ‌ها عبارت از P_1: SRL-97-1؛ P_2: SRL-97-3؛ P_3: SRL-97-4؛ P_4: SRL-97-5؛ P_5: SRL-97-6؛ P_6: SRL-97-15؛ P_7: Dalgan؛ P_8: SRL-97-24؛ P_9: SRL-96-11؛ P_{10}: SRL-96-20؛ P_{11}: SRL-96-22 می‌باشد.

ns, not significant; *and **Significant at 0.05 level of probability, respectively. Genotypes code consist P_1: SRL-97-1; P_2: SRL-97-3; P_3: SRL-97-4; P_4: SRL-97-5; P_5: SRL-97-6; P_6: SRL-97-15; P_7: Dalgan; P_8: SRL-97-24; P_9: SRL-96-11; P_{10}: SRL-96-20; P_{11}: SRL-96-22.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

ادامه جدول ۵- برآورد اثرات ترکیب‌پذیری خصوصی صفات مختلف نتاج کلزا
ContinuedTable 5. Estimation of specific combining ability effects of different traits in oilseed rape offspring

عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Grain yield ($kg.ha^{-1}$)	وزن هزار دانه (گرم) Thousand grain weight (gr.)	تعداد دانه در خورجین Number of grains per pod	تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiological	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation	دورگ‌ها hybrids
-404.43^{**}	-0.10^{ns}	-1.55^{ns}	-27.98^{**}	-17.33^{**}	-3.03^{ns}	-2.04^{**}	$P_4 \times P_{10}$
-369.69^{**}	-0.12^{ns}	-3.04^{*}	-25.93^{**}	-8.57^{**}	1.04^{ns}	-0.63^{ns}	$P_4 \times P_{11}$
-234.27^{**}	0.13^{ns}	-2.07^{ns}	-55.14^{**}	-8^{**}	-1.60^{ns}	2.48^{**}	$P_5 \times P_6$
-281.65^{**}	-0.32^{**}	0.70^{ns}	-62.02^{**}	-13.03^{**}	-2.28^{ns}	0.25^{ns}	$P_5 \times P_7$
128.31^{*}	-0.02^{ns}	-2.91^{*}	35.43^{**}	3.47^{**}	0.72^{ns}	-0.25^{ns}	$P_5 \times P_8$
582.40^{**}	0.07^{ns}	0.71^{ns}	126.84^{**}	-1.79^{ns}	2.11^{ns}	-2.05^{**}	$P_5 \times P_9$
-301.70^{**}	-0.26^{*}	-0.90^{ns}	-60.14^{**}	-6.99^{**}	0.32^{ns}	0.55^{ns}	$P_5 \times P_{10}$
234.72^{**}	0.16^{ns}	1.13^{ns}	110.64^{**}	13.82^{**}	1.88^{ns}	5.63^{**}	$P_5 \times P_{11}$
-19.58^{ns}	0.12^{ns}	-4.11^{**}	35.95^{**}	6.39^{**}	-1.83^{ns}	-3.72^{**}	$P_6 \times P_7$
258.90^{**}	0.16^{ns}	0.31^{ns}	17.26^{*}	2.39^{**}	0.84^{ns}	-2.39^{**}	$P_6 \times P_8$
-1.90^{ns}	-0.25^{*}	0.04^{ns}	32.15^{**}	-1.66^{ns}	3.23^{ns}	5.15^{**}	$P_6 \times P_9$
-390.17^{**}	0.04^{ns}	-2.09^{ns}	-24.31^{**}	21.41^{**}	3.11^{ns}	-0.92^{ns}	$P_6 \times P_{10}$
603.46^{**}	-0.25^{*}	3.17^{*}	-24.31^{**}	-6.47^{**}	-8.99^{**}	-0.84^{ns}	$P_6 \times P_{11}$
358.64^{**}	-0.05^{ns}	2.89^{*}	60.88^{**}	13.26^{**}	-0.68^{ns}	-2.11^{**}	$P_7 \times P_8$
371.13^{**}	0.11^{ns}	1.17^{ns}	36.39^{**}	-2.53^{*}	0.72^{ns}	-0.75^{ns}	$P_7 \times P_9$
425.21^{**}	-0.11^{ns}	1.31^{ns}	-15.31^{ns}	-0.84^{ns}	4.10^{**}	0.69^{ns}	$P_7 \times P_{10}$
-506.41^{**}	-0.15^{ns}	-0.06^{ns}	122.64^{**}	3.63^{**}	3.82^{*}	4.10^{**}	$P_7 \times P_{11}$
-86.15^{ns}	0.08^{ns}	2.56^{ns}	-49.80^{**}	14.19^{**}	0.05^{ns}	0.42^{ns}	$P_8 \times P_9$
35.90^{ns}	0.04^{ns}	-1.02^{ns}	-46.23^{**}	-3.87^{**}	0.60^{ns}	-0.31^{ns}	$P_8 \times P_{10}$
-61.62^{ns}	0.03^{ns}	3.29^{*}	25.16^{**}	5.61^{**}	-1.18^{ns}	-7.45^{**}	$P_8 \times P_{11}$
140.24^{*}	-0.10^{ns}	3.56^{*}	47.60^{**}	-4.22^{**}	-2.34^{ns}	-0.55^{ns}	$P_9 \times P_{10}$
-319.99^{**}	-0.15^{ns}	-3.56^{*}	23.42^{**}	6.70^{**}	3.05^{ns}	1.13^{ns}	$P_9 \times P_{11}$
-92.75^{ns}	0.51^{**}	1.03^{ns}	6.98^{ns}	2.22^{*}	-2.07^{ns}	1.40^{ns}	$P_{10} \times P_{11}$
55.86	0.11	1.37	8.50	1.01	1.63	0.74	SE (sij)
82.45	0.16	2.02	12.54	1.49	2.40	1.10	SEd (sij-sik)
78.22	0.15	1.92	11.90	1.41	2.28	1.04	SEd (sij-skl)

ns، *و **: به‌ترتیب بیانگر عدم اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشند. کد ژنوتیپ‌ها عبارت از P_1: SRL-97-1؛ P_2: SRL-97-3؛ P_3: SRL-97-4؛ P_4: SRL-97-5؛ P_5: SRL-97-6؛ P_6: SRL-97-15؛ P_7: Dalgan؛ P_8: SRL-97-24؛ P_9: SRL-96-11؛ P_{10}: SRL-96-20؛ P_{11}: SRL-96-22 می‌باشد.

ns, not significant; *and **Significant at 0.05 level of probability, respectively. Genotypes code consist P_1: SRL-97-1; P_2: SRL-97-3; P_3: SRL-97-4; P_4: SRL-97-5; P_5: SRL-97-6; P_6: SRL-97-15; P_7: Dalgan; P_8: SRL-97-24; P_9: SRL-96-11; P_{10}: SRL-96-20; P_{11}: SRL-96-22.

برآورد اثرات ترکیب‌پذیری والدین

ترکیب‌پذیری عمومی برای تعیین بهترین والد برای ایجاد نسل‌های در حال تفرق مناسب مورد استفاده قرار می‌گیرد. در روش‌های اصلاح گیاهی، تخمین پتانسیل ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی یک پیش‌نیاز اساسی برای تعیین والدین امیدبخش است. در مطالعه حاضر، هر سه والد SRL-97-1 (برای صفات رسیدن فیزیولوژیک، تعداد خورجین در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه)، SRL-96-11 (برای صفت تعداد دانه در خورجین) و SRL-96-22 (برای صفات گلدهی و ارتفاع بوته) دارای GCA خوب به‌منظور استفاده از آن‌ها به‌عنوان والدین در برنامه‌های هیبریداسیون می‌باشد. به‌عنوان مثال، والد SRL-97-1 از لحاظ ژنتیکی بیشترین مقدار GCA مثبت و معنی‌دار را برای صفات رسیدن فیزیولوژیک، تعداد خورجین در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بیان داشت (جدول ۴)؛ بنابراین به‌منظور تهیه جمعیت بهتر در نسل‌های پیشرفته، این والدین می‌توانند به‌عنوان دهنده صفات فوق در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند. از این‌رو، اگر هدف از برنامه اصلاحی کلزا بهبود عملکرد دانه باشد با توجه به مقدار GCA بالا در والد SRL-97-1 برای صفت عملکرد و اجزای مرتبط با آن، استفاده از این ژنوتیپ سودمند خواهد بود. در مطالعات متعددی اثرات GCA مثبت و معنی‌داری برای صفات فوق گزارش شده است (۱، ۴، ۱۲، ۲۸). در یک رقم وجود مقادیر GCA بالا برای تعداد خورجین در گیاه، وزن هزار دانه به همراه عملکرد دانه منجر به تقویت پتانسیل ژنتیکی بیشتر برای عملکرد دانه خواهد شد. اثرات GCA بالا غالباً ناشی از اثرات افزایشی یا اثرات متقابل افزایشی×افزایشی ژن‌های دخیل در کنترل صفات هدف می‌باشد (۲۷). بیشتر ژنوتیپ‌ها اثر GCA پایین یا منفی برای عملکرد دانه نشان دادند اما مقادیر GCA زیادی برای اجزای عملکرد و صفات زراعی نشان دادند. برای مثال، ژنوتیپ SRL-96-11 برای صفت تعداد دانه در خورجین و SRL-96-22 برای صفات گلدهی و ارتفاع بوته حائز بیشترین مقادیر GCA نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند؛ بنابراین، برای ایجاد یک جمعیت پایه پویا برای تولید لاین امیدبخش با تعدادی از ژن‌های مؤثر و مفید، علاوه بر ژنوتیپ SRL-97-1 می‌توان از این ژنوتیپ‌ها نیز استفاده کرد.

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که از ۵۵ ترکیب تلاقی ایجاد شده، ۱۴ ترکیب برای صفت شروع گلدهی، ۳ ترکیب برای صفت رسیدن فیزیولوژیک، ۲۷ ترکیب برای صفت ارتفاع بوته، ۲۱ ترکیب برای صفت تعداد خورجین در بوته، ۸ ترکیب برای صفت تعداد دانه در خورجین، ۵ ترکیب برای صفت وزن هزار دانه و ۱۷ ترکیب برای صفت عملکرد دانه دارای مقادیر SCA مثبت و معنی‌دار داشتند. برخی از ترکیبات تلاقی دارای اثرات SCA معنی‌داری برای عملکرد و سایر صفات بودند. برای مثال، تلاقی‌های SRL-97-4×SRL-97-

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

6، SRL-97-5×SRL-97-4، SRL-97-6×SRL-96-11، SRL-96-20×SRL-96-11، SRL-96-11×SRL-96-20 و SRL-96-20×SRL-97-4 به‌ترتیب بیشترین مقدار اثرات SCA مثبت و معنی‌دار برای صفات شروع گلدهی، رسیدن فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، خورجین در بوته، دانه در خورجین، وزن هزار دانه و عملکرد دانه را داشتند (جدول ۵). همان‌گونه که مشاهده می‌شود ترکیب تلاقی‌ها برتر، از والدینی که دارای مقادیر GCA بالا یا پایین داشتند، حاصل شده است. این موضوع ممکن است به علت وجود اثرات افزایشی مناسب در والدین با اثرات GCA بالا و اثرات اپیستاتیک والدین با GCA ضعیف حادث شود. احتمالاً اثرات افزایشی و اپیستاتیک مکمل یکدیگر در بهبود ویژگی‌های مهم گیاهی باشد (۲۷). داده‌های حاصله نشان داد (جدول ۴) که حداقل یک یا چند والد که در اثرات SCA فوق مشارکت دارند دارای GCA معنی‌داری برای صفات فوق می‌باشند؛ بنابراین، انتخاب از میان نسل‌های در حال تفرق حاصل از این تلاقی‌ها می‌تواند منجر به بهبود ژنتیکی جمعیت شده و حتی اگر اثرات SCA معنی‌دار نباشد ممکن است از یک جمعیت پایه که از تلاقی والدینی با اثرات افزایشی ژن‌ها تشکیل شده است، لاین خالص سودمند استخراج شود (۵، ۲۵). برخی از والدینی که در تلاقی مشارکت داشتند با اینکه SCA پایینی داشتند، اما دارای GCA بالایی بودند. هرچند ژنوتیپ‌هایی با GCA بالا از جمله والدین امیدبخش برای ایجاد جمعیتی با اثرات SCA خوب هستند اما همیشه والدینی که دارای اثرات GCA بالایی هستند ضرورتاً دارای اثرات SCA بالایی نیستند که این موضوع بیانگر تأثیر اثرات منفی SCA بر صفات مورد بررسی است. این نتایج نشان می‌دهد که برای تشکیل هیبریدها همیشه ملزم به وجود ژنوتیپ‌هایی با GCA بالا نیست (۳، ۹). صفاتی که توسط اثرات ژنتیکی غیر افزایشی کنترل می‌شوند با استفاده از روش اصلاحی شجره‌ای در نسل‌های اولیه به‌راحتی قابل بهبود و تثبیت نیستند. در نتیجه، در روش اصلاحی با مواد ژنتیکی که دارای اثرات ژنتیکی غیر افزایشی هستند به‌منظور افزایش عملکرد دانه حفظ هموزیگوسیتی در نسل‌های در حال تفرق اولیه از جمله مهم‌ترین ضروریات است؛ بنابراین تحت این شرایط، با استفاده از روش اصلاح شجره‌ای چرخه‌های انتخاب کمتری برای بهبود عملکرد و اجزای آن در ژنوتیپ‌ها کفایت کند (۲۷).

تجزیه واریانس داده‌های حاصله بیانگر معنی‌دار بودن اثر تلاقی‌های معکوس برای صفات مورد بررسی است (جدول ۲). معنی‌دار بودن تلاقی‌های معکوس احتمالاً نشان‌دهنده وجود اثرات سیتوپلاسم پایه مادری است. وجود تلاقی‌های معکوس معنی‌دار در روش گریفینگ دلیل قطعی آثار سیتوپلاسم پایه مادری نمی‌باشد؛ بنابراین، پیشنهاد می‌شود اثرات تلاقی معکوس به دو جزء اثرات پایه مادری و پدری تفکیک و در ادامه به‌طور مستقیم اثرات سیتوپلاسم پایه مادری را مورد آزمون قرار داد. آزمون اثرات مادری نشان داد که همه صفات مورد بررسی به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر اثرات سیتوپلاسمی قرار گرفتند (جدول ۲). نتایج مشابهی توسط سایر محققان گزارش شده است (۸، ۲۶). تجزیه واریانس اثرات تلاقی‌های معکوس نشان داد که بیشترین اثرات سیتوپلاسمی برای صفات گلدهی، رسیدن فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، خورجین در بوته، دانه در خورجین، وزن هزار دانه و عملکرد دانه به‌ترتیب در ترکیب تلاقی‌های (Dalgan× SRL-97-3)، (Dalgan× SRL-97-1 و SRL-97-24×)، (SRL-97-24× SRL-97-3)، (SRL-96-20× SRL-97-3)، (SRL-97-5× SRL-97-3)، (SRL-97-15× SRL-97-3) و (SRL-97-24× SRL-97-3) حاصل شد (جدول ۶).

نتیجه‌گیری کلی

در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بیشترین مقدار GCA، SCA و REC برای صفت عملکرد دانه به‌ترتیب در SRL-97-1، SRL-96-20×SRL-97-4 و SRL-97-15×SRL-97-3 مشاهده شد؛ بنابراین، در برنامه‌های اصلاحی پیشنهاد می‌شود جهت دستیابی به لاین‌های امیدبخش با عملکرد و اجزای عملکرد بالا از والدین فوق استفاده شود. به‌علاوه، با توجه به وراثت‌پذیری پایین و سهم بیشتر اثرات غیر افزایشی ژن‌ها برای صفات مورد بررسی به غیر از عملکرد دانه، انتخاب مستقیم از بین بهترین تلاقی‌ها در نسل‌های مقدماتی دارای بازده ژنتیکی پایینی بوده و پیشنهاد می‌گردد عمل انتخاب برای این صفات تا نسل‌های پیشرفته و افزایش توارث‌پذیری به تأخیر بیافتد؛ اما با توجه به اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل عملکرد دانه و بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی برای این صفت، انتخاب مستقیم برای بهبود این صفت به‌طور مستقیم مفید می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

جدول ۶- برآورد اثرات معکوس صفات مختلف نتاج کلزا

Table 6. Estimation of reciprocal effects of different traits in oilseed rape offspring

عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Grain yield (kg.ha^{-1})	وزن هزار دانه (گرم) Thousand grain weight (gr.)	تعداد دانه در خوردچین Number of grains per pod	تعداد خوردچین در بوته Number of pods per plant	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک Days to physiologic al maturity	تعداد روز تا شروع گلدهی Days to flower initiation	دورگ‌ها hybrids
42.47 ^{ns}	0.01 ^{ns}	1.25 ^{ns}	−5.95 ^{ns}	−8.78**	−3.50*	−3.83**	$P_2\times P_1$
55.26 ^{ns}	−0.04 ^{ns}	−0.70 ^{ns}	22.87*	27.78**	0.67 ^{ns}	−5.33**	$P_3\times P_1$
−117.80 ^{ns}	−0.03 ^{ns}	−2.33 ^{ns}	−69.20**	9.72**	−1.17 ^{ns}	0.33 ^{ns}	$P_3\times P_2$
−172.96**	0.15 ^{ns}	3.19*	−86.26**	2.77*	−1.17 ^{ns}	−1.83*	$P_4\times P_1$
−39.69 ^{ns}	−0.59 ^{ns}	5.36**	−15.57 ^{ns}	14.01**	0.002 ^{ns}	−0.83 ^{ns}	$P_4\times P_2$
−532.54**	0.24 ^{ns}	−0.48 ^{ns}	−90.91**	4.44**	1.67 ^{ns}	−0.67 ^{ns}	$P_4\times P_3$
−421.20**	−0.04 ^{ns}	0.63 ^{ns}	−119.79**	8.94**	2.17 ^{ns}	1.17 ^{ns}	$P_5\times P_1$
233.49**	−0.02 ^{ns}	2.19 ^{ns}	57.60**	−6.11**	−2.67 ^{ns}	−1.17 ^{ns}	$P_5\times P_2$
65.80 ^{ns}	0.20 ^{ns}	−0.57 ^{ns}	40.07**	0.99 ^{ns}	1 ^{ns}	6**	$P_5\times P_3$
−205.29**	−0.05 ^{ns}	−1.85 ^{ns}	−41.22**	4.35**	4.33**	0.83 ^{ns}	$P_5\times P_4$
161.12*	0.38 ^{ns}	−1.88 ^{ns}	37.86**	1.17 ^{ns}	2.83 ^{ns}	6**	$P_6\times P_1$
503.44**	0.02 ^{ns}	5.28**	64.92**	4.12**	3 ^{ns}	−0.17 ^{ns}	$P_6\times P_2$
289.87**	0.13 ^{ns}	−1.84 ^{ns}	31.11**	−7.55**	−2.33 ^{ns}	−3.50**	$P_6\times P_3$
−104.64**	−0.02 ^{ns}	−0.18 ^{ns}	−25.18**	−0.89**	−0.33 ^{ns}	−1.50 ^{ns}	$P_6\times P_4$
−160.46 ^{ns}	−0.12 ^{ns}	−2.36 ^{ns}	−17.16 ^{ns}	18.89**	−1.50 ^{ns}	−2.17**	$P_6\times P_5$
322.52**	0.01 ^{ns}	2.16 ^{ns}	49.12**	−14.38**	4.83**	9.67**	$P_7\times P_1$
−199.98**	0.02 ^{ns}	−0.13 ^{ns}	−57.74**	14.11**	4.17*	10.83**	$P_7\times P_2$
319.06**	−0.08 ^{ns}	−1.29 ^{ns}	64.11**	−9.88**	−2.50 ^{ns}	−1 ^{ns}	$P_7\times P_3$
201.75**	−0.05 ^{ns}	0.72 ^{ns}	84.17**	13.17**	2.33 ^{ns}	9.67**	$P_7\times P_4$
−281.27**	−0.29 ^{ns}	1.49 ^{ns}	−84.36**	−20.68**	2.17 ^{ns}	0.83 ^{ns}	$P_7\times P_5$
−244.29**	−0.01 ^{ns}	−0.05 ^{ns}	−67.79**	−5.22**	3.33 ^{ns}	3.83**	$P_7\times P_6$
300.59**	0.16 ^{ns}	0.33 ^{ns}	145.31**	−18.92**	1.33 ^{ns}	−3.17**	$P_8\times P_1$
119.75 ^{ns}	0.59 ^{ns}	−2 ^{ns}	20.37**	28.27**	4.83**	5**	$P_8\times P_2$
349.95**	−0.30*	1.67 ^{ns}	73.45**	4.50**	−1.67 ^{ns}	−2.50**	$P_8\times P_3$
−107.89 ^{ns}	−0.03 ^{ns}	−1.47 ^{ns}	8.44 ^{ns}	−18.56**	2.67 ^{ns}	6.33**	$P_8\times P_4$
329.46**	−0.06 ^{ns}	0.41 ^{ns}	46.62**	5.61**	4*	4.17**	$P_8\times P_5$
−162.57*	−0.04 ^{ns}	−0.30 ^{ns}	22.12*	−14.10**	−0.83 ^{ns}	−1.67*	$P_8\times P_6$
−31.32 ^{ns}	0.04 ^{ns}	−1.25 ^{ns}	63.24**	−11.54**	−2.67 ^{ns}	−1.83*	$P_8\times P_7$
5.49 ^{ns}	−0.15 ^{ns}	−1.83 ^{ns}	40.38**	−6.04**	−2 ^{ns}	−4.67**	$P_9\times P_1$
−482.34**	−0.11 ^{ns}	−4.39 ^{ns}	−124.51**	6.42*	−1.50 ^{ns}	−3.50**	$P_9\times P_2$
71.56 ^{ns}	0.22 ^{ns}	0.43 ^{ns}	37.03**	−9.70**	−1.50 ^{ns}	−3.17**	$P_9\times P_3$
−24.54 ^{ns}	−0.05 ^{ns}	−2.90 ^{ns}	45.78**	12.83**	2.50 ^{ns}	4.67**	$P_9\times P_4$
83.02 ^{ns}	0.15 ^{ns}	0.47 ^{ns}	27.92**	−10.33**	1.33 ^{ns}	0.67 ^{ns}	$P_9\times P_5$
−40.82 ^{ns}	−0.30*	−0.27 ^{ns}	27.49**	−14.50**	1.17 ^{ns}	−7.17**	$P_9\times P_6$
−152.41*	0.07 ^{ns}	−0.68 ^{ns}	16.94 ^{ns}	2 ^{ns}	−2.33 ^{ns}	−5.17**	$P_9\times P_7$
−194.61**	0.13 ^{ns}	1.21 ^{ns}	−32.77**	0.05 ^{ns}	−2.50 ^{ns}	−2.50**	$P_9\times P_8$
201.31**	−0.24 ^{ns}	−1.31 ^{ns}	2.68 ^{ns}	−10.53**	−0.67 ^{ns}	−4.50**	$P_{10}\times P_1$
405.65**	−0.03 ^{ns}	0.70 ^{ns}	148.46**	−4.67**	0.78 ^{ns}	3**	$P_{10}\times P_2$
−276.32**	−0.51**	0.70 ^{ns}	−72.67**	−5.52**	2.17 ^{ns}	−2.50**	$P_{10}\times P_3$
228.06**	0.25*	0.41 ^{ns}	−0.29 ^{ns}	−3.78**	1.33 ^{ns}	2.67**	$P_{10}\times P_4$
357.98**	0.28*	0.20 ^{ns}	57.29**	0.26 ^{ns}	0.50 ^{ns}	−0.83 ^{ns}	$P_{10}\times P_5$
−9.28 ^{ns}	0.06 ^{ns}	0.88 ^{ns}	−23*	14.44**	−0.33 ^{ns}	−1 ^{ns}	$P_{10}\times P_6$
−12.59 ^{ns}	0.12 ^{ns}	−1.12 ^{ns}	10.21 ^{ns}	−7.99**	0.33 ^{ns}	1.17 ^{ns}	$P_{10}\times P_7$
−366.41**	0.09 ^{ns}	−0.99 ^{ns}	−49.80**	−2.37*	−4.17*	0.33 ^{ns}	$P_{10}\times P_8$
−609.37**	−0.03 ^{ns}	−4.47**	−40.74**	0.19 ^{ns}	2.67 ^{ns}	6.83**	$P_{10}\times P_9$
105.23 ^{ns}	−0.10 ^{ns}	−4.73**	60.76**	4.39**	0.50 ^{ns}	3.17**	$P_{11}\times P_1$
−65.09 ^{ns}	0.12 ^{ns}	−1.38 ^{ns}	−91.22**	2.12 ^{ns}	1.33 ^{ns}	1 ^{ns}	$P_{11}\times P_2$
252.61**	−0.03 ^{ns}	−3.09*	38.06**	8.23**	2.33 ^{ns}	−7.17**	$P_{11}\times P_3$
32.17 ^{ns}	−0.18 ^{ns}	0.41 ^{ns}	75.96**	−6.14**	3.67*	−2.27**	$P_{11}\times P_4$
161.79*	−0.06 ^{ns}	−0.36 ^{ns}	−40.98**	−2.85*	0.67 ^{ns}	−1.17 ^{ns}	$P_{11}\times P_5$
−99 ^{ns}	−0.30*	−0.63 ^{ns}	0.13 ^{ns}	0.67 ^{ns}	15.50**	0.33 ^{ns}	$P_{11}\times P_6$
205**	−0.05 ^{ns}	0.24 ^{ns}	−19.38*	11.21**	2.83 ^{ns}	−4.83**	$P_{11}\times P_7$
244.50**	−0.05 ^{ns}	−3.92*	110.70**	18.33**	2.83 ^{ns}	−2.83**	$P_{11}\times P_8$
−221.60**	−0.23 ^{ns}	0.73 ^{ns}	−64.87**	−3.21**	−1.67 ^{ns}	4**	$P_{11}\times P_9$
−48.37 ^{ns}	0.14 ^{ns}	0.01 ^{ns}	−3.99 ^{ns}	5.50**	−1.83 ^{ns}	4.50**	$P_{11}\times P_{10}$
86.15	0.12	1.50	9.30	1.10	1.78	0.81	SE $_{(rij)}$
86.48	0.17	2.12	13.16	1.56	2.28	1.15	SEd $_{(rij-rkl)}$

ns، *و **: به‌ترتیب بیانگر عدم اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشند. کد ژنوتیپ‌ها عبارت از P_1: SRL-97-1؛ P_2: SRL-97-3؛ P_3: SRL-97-4؛ P_4: SRL-97-5؛ P_5: SRL-97-6؛ P_6: SRL-97-15؛ P_7: Dalgan؛ P_8: SRL-97-24؛ P_9: SRL-96-11؛ P_{10}: SRL-96-20؛ P_{11}: SRL-96-22 می‌باشد.

ns, not significant; *and **Significant at 0.05 level of probability, respectively. Genotypes code consist P_1: SRL-97-1; P_2: SRL-97-3; P_3: SRL-97-4; P_4: SRL-97-5; P_5: SRL-97-6; P_6: SRL-97-15; P_7: Dalgan; P_8: SRL-97-24; P_9: SRL-96-11; P_{10}: SRL-96-20; P_{11}: SRL-96-22.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

تشکر و قدردانی

این اثر بروندادی از اجرای پروژه‌ای تحت عنوان "ایجاد تنوع ژنتیکی از طریق دورگ‌گیری بین لاین‌های کلزای بهاره به‌منظور تولید ارقام پر محصول و زودرس" با شماره مصوب "۰-۰۳-۰۳-۲۹۱-۹۷۱۳۲۷" می‌باشد. به این وسیله از مسئولان موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان برای تأمین اعتبار، تهیه مواد ژنتیکی و امکانات لازم برای اجرای این پروژه صمیمانه تقدیر و تشکر می‌گردد.

منابع

1. Ali, M., I.A.K. Raziuddin, N.U. Khan, S.U. Khan, M.U. Rehman, G. Gul Ghani Afridi, I.A. Khalil, N.U. Khan, U. Khan, M.U. Rehman and G.G. Afridi. 2014. Genetic analysis of yield and yield related attributes in *Brassica napus*. Pure and Applied Biology, 3 (4): 175-187.
2. Amiri Oghan, H., M. Moghaddam Vahed, R. Ataei and M. Gholamhosseini. 2018. Genetic analysis of yield and some important traits of oilseed rape under noraml and delayed planting conditions. Journal of Crop Breeding, 10(28): 171-180 (In Persian).
3. Arya, V.K., P. Kumar, J. Singh, L. Kumar and A.K. Sharma. 2018. Genetic analysis of some yield and quality traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Wheat and Barley Research, 10 (1): 25-32.
4. Bidgoli, M.A., M.H. Fotokian, H.A. Oghan and B. Alizadeh. 2021. Genetic evaluation of some phonological and morphological traits of oilseed rape (*Brassica napus* L.) Genotypes by line×tester method. Iranian Journal of Field Crop Science, 52(1): 49-58.
5. Engqvist, G.M. and H.C. Becker. 1991. Relative importance of genetic parameters for selecting between oilseed rape crosses. Hereditas, 115(1): 25-30.
6. FAOSTAT. 2022. Food and Agriculture Organization Crop Production Statistics: World sorghum production and utilization.
7. Faraji, A., A. Kiani, Y.A. Masoomea, M.T. Mobashari, M.A. Aghajani, K. Payghamzadeh, L. Habibian, H. Sadegh Neghad and M. Bagheri. 2021. Handbook of oilseed rape cultivation in Golestan province (practical notes in field management). Agricultural Education and Extension Inistitute publication. Agricultural Research Education and Extention Organization (AREEO), Karaj, Iran, 32 p.
8. Farhatullah, F., N.A. Khan, S.J. Abbas, T. Xxvii, R.O.Ś.L.O. Leiste and O.I.C. Rops. 2006. Heterosis for yield and yield components in diallel crosses of *Brassica napus* L. Rośliny Oleiste-Oilseed Crops, 27(1)
9. Farooq, M., A. Khan, I. Ishaaq, A. Cheema, M. Afzal, A. Ali and J. Zhu. 2018. Growing degree days during the late reproductive phase determine spike density and cognate yield traits. Agronomy, 8(10): 217.
10. Griffing, B. 1956. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, 10(1): 31-50.
11. 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.
12. Habiba, U. 2009. Heterosis and combining ability from 8x8 diallel analysis in *Brassica napus* L. Master of science thesis. Faculty of agriculture, Sher-e-Bangla Agricultural University, Dhaka, 124 p.
13. Hegewald, H., M. Wensch-Dorendorf, K. Sieling and O. Christen. 2018. Impacts of break crops and crop rotations on oilseed rape productivity: A review. European Journal of Agronomy, 101: 63-77.
14. IRRI. 2014. International Rice Research Institute, Quantative Genetics, Biometric Cluster and Breeding Informatic. Plant Breeding, Genetic and Biotechnology Division. PBTools (ver. 1.4) Software. 198.
15. Łopatyńska, A., J. Bocianowski, A. Cyplik and J. Wolko. 2021. Multidimensional analysis of diversity in DH lines and hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Agronomy, 11(4): 645.
16. Masood, S.A., H. Rehman, M.I. Yasin, S. Ahmad, S.S.Q. Ali, Q. Ali and Q. Ali. 2019. Genotypic association studies of yield traits and their inheritance pattern in oilseed rape (*Brassica napus* L.): A review. International Journal of Botany Studies, 4(3): 157-165.
17. Mustafa, M., M. Iqbal, R. Ishaq, Z. Shahbaz, A. Imran4 and M. Aftab. 2021. Genetic analysis of yield and yield related attributes in *Brassica napus*. Pure and Applied Biology, 3(4): 175-187.
18. Norouzi, M.A., L. Ahangar, K. Payghamzadeh, H. Sabouri and S.J. Sajjadi. 2021. Heritability and gene action of different traits in spring oilseed rape using diallel analysis. Journal of Crop Breeding, 13(39): 166-178 (In Persian).
19. Oghan, H.A., A.H. Shirani Rad and F. Shariati. 2020. Inheritance of winter oilseed rape fatty acid under normal and late sowing conditions. Journal of Crop Breeding, 12 (35): 113-124 (In Persian).
20. Rameeh, V. 2012. Combining ability and heritability estimates of main agronomic characters in rapeseed breeding lines using line×tester analysis. Journal of Agricultural Sciences, 57 (3): 111-120.
21. Rashid, M., A.A. Cheema and M. Ashraf. 2007. Line x tester analysis in basmati rice. Pakistan Journal of Botany, 39(6): 2035-2042.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]

22. Rehman, A.U., M.A. Ali, B.M. Atta, M. Saleem, A. Abbas, A.R. Mallahi, M. Amjad Ali, B.M. Atta, M. Saleem, A. Abbas and A.R. Mallahi. 2009. Genetic studies of yield related traits in Mungbean ('*Vigna radiata* L. Wilczek). Australian journal of crop science, 3(6): 352-360.
23. Roostabaghi, B., H. Dehghani, B. Alizadeh and N. Sabaghnia. 2013. Analysis of general and specific combining ability in canola using biplot method. (July).
24. SAS. 2017. Step-by-Step Programming with Base SAS® 9.4, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.
25. Seboka, H., A. Ayana and H. Zelleke. 2009. Combining ability analysis for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). East African Journal of Sciences, 3(1): 87-94.
26. Sincik, M., A.T. Goksoy, M.Z. Turan, M. Sincik, A.T. Goksoy and Z.M. Turan. 2011. The heterosis and combining ability of diallel crosses of rapeseed inbred lines. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 39(2): 242-248.
27. Soughi, H., K. Payghamzadeh, M. Khodarahmi and M. Nazari. 2019. Estimation of heritability and some genetic parameters for yield and yield-related traits of wheat using Diallel design. Journal of Plant Molecular Breeding, 7(1): 45-55.
28. Tahir, A., S. Muzaffar, S. Tahir, R. Saif, S. Sattar, A. Imran and M.M. Zafar. 2018. A review on heterosis and combining ability analysis of seed yield and oil contents in rapeseed (*Brassica napus* L.). Nature and Science, 16(12): 46-55.
29. Valiollah, R. 2009. Estimation of heritability and heterosis for agronomic traits and oil content in rapeseed spring varieties. Journal of Crop Breeding, 1(4): 1-13 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.61186/jcb.15.46.11]