دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

بررسی تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری عملکرد و اجزای عملکرد دانه ارقام کلزای بهاره

محمد مرادی[1] و مهدی سلطانی‌حویزه[2]

۱- استادیار گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، واحد شوشتر، دانشگاه آزاد اسلامی، شوشتر، ایران ایران، (نویسنده مسوول: moradim_17@yahoo.com)
۲- مربی، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران
تاریخ دریافت: ۹۵/۱۰/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۶/۳/۱۷

چکیده

وجود تنوع ژنتیکی برای تداوم و پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی گیاهان زراعی و افزایش کارایی انتخاب ضروری است. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات مؤثر بر عملکرد ژنوتیپ‌های کلزای بهاره، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۱۷ ژنوتیپ در ٤ تکرار در سال زراعی ۱۳۹۵-۱۳۹٤ در مزرعه‌ای در صفی‌آباد واقع در شهرستان دزفول اجرا گردید. بالاترین مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی به ترتیب برای صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در غلاف و تعداد روز تا رسیدگی به دست آمد. این نتایج مبین این نکته بود که اصلاح این صفات از راه گزینش محتمل است. بیشترین درصد وراثت‌پذیری عمومی به ترتیب مربوط به وزن هزار دانه، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد دانه در غلاف و شاخص برداشت بود و کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ارتفاع بوته اختصاص داشت. با انجام تجزیه و تحلیل عامل‌ها، دو عامل مهم شناسایی شدند که عامل اول «صفات مرتبط با عملکرد و یا عامل مقصد فیزیولوژیک» و عامل دوم عامل «رشد رویشی» تعیین گردید. بنابراین امکان استفاده از این صفات در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه ارقام بهاره کلزا به‌عنوان معیار انتخاب وجود دارد. تجزیهٔ خوشه‌ای به روش وارد، ژنوتیپ‌ها را در ٥ گروه قرار داد، بنابراین پیش‌بینی می‌شود بر اساس بیشترین عملکرد دانه در هکتار و فاصلهٔ ژنتیکی تلاقی بین ارقام هایولا٤٠١ و RGS003 منجر به بهترین دورگ‌ها و تنوع مطلوبی را برای برنامه‌های به‌نژادی در نسل‌های در حال تفرق فراهم کند.

واژه‌های کلیدی: ضریب تنوع، تجزیه خوشه‌ای، تجزیهٔ عامل‌ها و کلزا

مقدمه

گیاه کلزا (*Brassica napus* L.) از نظر اسیدهای چرب غیر اشباع، غنی بوده و فاقد کلسترول می‌باشد و به‌طور متوسط حاوی ۴۰ تا ۴۵ درصد روغن در دانه است (۱۱). با توجه به روند رو به رشد افزایش جمعیت در کشور و نیاز روزافزون به افزایش تولید محصولات کشاورزی در واحد سطح، شناسایی شاخص‌های موثر بر عملکرد این گیاه زراعی و استفاده از در برنامه‌های به‌نژادی و به‌زراعی می‌تواند در افزایش تولید موثر باشد (۲۱). اساس علم اصلاح نباتات بر وجود تنوع ژنتیکی در جوامع گیاهی استوار است و اصولاً بدون وجود تنوع، به‌نژادی و انتخاب مفهومی نخواهد داشت (۱۳). مطالعه تنوع ژنتیکی فرآیندی است که تفاوت یا شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها و یا افراد را با استفاده از روش‌ها و مدل‌های آماری خاص بر اساس صفات مورفولوژیک، اطلاعات شجره‌ای یا خصوصیات مولکولی افراد بیان می‌کند (۱۳). به‌طورکلی شانس موفقیت متخصصان اصلاح نباتات در گرو انتخاب مواد مناسب و وجود تنوع بوده و والدینی که از نظر ژنتیکی متفاوت هستند، هیبریدهایی با هتروزیس بیشتر تولید می‌کنند و احتمال به دست آوردن نتاج تفرق یافته برتر (تفکیک متجاوز) افزایش می‌یابد. تجزیه و تحلیل و تفسیر دقیق تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم موجود از مهمترین مراحل در برنامه‌های اصلاحی است که امکان طبقه‌بندی و توصیف دقیق نمونه‌ها را فراهم آورده و اصلاحگر را در شناسایی زیر مجموعه‌ها و نمونه‌هایی که امکان استفاده مؤثر از آنها در برنامه‌های اصلاحی آتی وجود دارد را یاری می‌دهد و علاوه بر حصول برآورد دقیق از میزان تنوع موجود در ژرم‌پلاسم، والدین متنوع برای ایجاد نتاج متفرق که دارای حداکثر تنوع برای انتخاب‌های بعدی و استفاده در دیگر برنامه‌های اصلاحی می‌باشند، نیز قابل شناسایی هستند. از طرفی امکان ادغام ژن‌های مطلوب از ژرم‌پلاسم دیگر به ژرم‌پلاسم پایه فراهم می‌آید (۱۳). از ضرایب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی برای تعیین وجود یا عدم وجود تنوع استفاده می‌شود. هرچه نسبت تنوع ژنوتیپی به فنوتیپی زیادتر باشد، بازدهی انتخاب بیشتر بوده و راحت‌تر می‌توان ژنوتیپ‌های مطلوب را از نامطلوب تشخیص داد (۲۴). میزان بازدهی انتخاب به وسیلهٔ قابلیت توارث بیان می‌شود که عامل مهمی در تعیین روش مناسب برای بهبود صفات در برنامه‌های به نژادی است که به تأثیر نسبی عوامل ژنتیکی و غیر ژنتیکی در بروز تفاوت‌های فنوتیپی آن صفات، بستگی دارد (۱). در تجزیهٔ عامل‌ها، هدف اصلی بیان وجود روابط کوواریانس میان بسیاری از متغیرها براساس چند کمیت تصادفی غیرقابل مشاهده است که عامل‌ها نامیده می‌شوند. به عبارت دیگر، از تجزیه به عامل‌ها به‌منظور پیدا کردن علت وجود همبستگی و توصیف رابطه بین صفات و ژنوتیپ‌ها برحسب تعداد کمتری شاخص که روی این صفات تأثیر گذارند، استفاده می‌شود (۴). در این راستا، محقق دیگری در مطالعه‌ای تجزیه عامل‌ها را برای ۱۰ صفت تعیین کننده عملکرد در ژنوتیپ‌های کلزا بکار برد و ۴ عامل را استخراج نمود (۶). همین محقق در مطالعه دیگری (۱۸) تجزیه عامل‌ها را برای صفات تعیین کننده عملکرد در ارقام کلزا بکار برد و ۳ عامل را استخراج نمود، که جمعاً ۷۴ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. تجزیه به عامل‌ها نشان داد که نه عامل اول در مجموع ۸۹/۱ درصد تنوع کل داده‌ها را توجیه کردند (۹). از بین روش‌های آماری چند متغیره، روش تجزیهٔ خوشه‌ای در بیان و تشریح تنوع ژنتیکی کاربرد زیادی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]
[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

دارد (۸). تجزیهٔ خوشه‌ای حداقل در دو مورد می‌تواند به به‌نژادگر کمک کند: یکی پیدا کردن گروه‌های واقعی براساس تشابه ژنتیکی بین آن‌ها و دیگری کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر گروه یا دسته (۸). والدینی که از لحاظ ژنتیکی متفاوت‌اند، هیبریدهایی با هتروزیس بیشتر تولید می‌کنند و احتمال به دست آوردن نتاج تفرق یافتهٔ برتر (تفکیک متجاوز) را افزایش می‌دهند، از جهتی تعیین مشخصات و گروه‌بندی ژرم‌پلاسم به به‌نژادگران امکان می‌دهد تا از دوباره‌کاری در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها خودداری کنند (۲۳). هدف پژوهش حاضر، بررسی تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری عملکرد دانه و صفات وابسته در ارقام کلزای بهاره و دسته‌بندی ژنوتیپ‌های کلزای بهاره برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی است.

مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری عملکرد دانه و صفات وابسته و نیز عوامل پنهانی دخالت کننده در ایجاد تنوع و دسته‌بندی ژنوتیپ‌های کلزای بهاره، در آزمایشی در مزرعه‌ای در صفی‌آباد واقع در ۱۸ کیلومتری جنوب شهرستان دزفول با ارتفاع ۸۲ متر از سطح دریا با طول و عرض جغرافیایی به ترتیب ۴۸ درجه و ۲۳ دقیقه شرقی و ۳۲ درجه و ۲۴ دقیقه شمالی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در چهار تکرار در سال زراعی ۱۳۹۵-۱۳۹۴ اجرا گردید. تیمارهای آزمایشی شامل ۱۶ رقم کلزای تیپ بهاره دو صفر به همراه رقم هیبرید هایولا۴۰۱ به‌عنوان شاهد بود. که عبارتند از: S-83, RG4403, Amica, RGAS0324, RGS006, Kimberley, RG405/02, RG405/03 Hyola401, Sarigol, Hysun110, RGS003, .Hyola308, Hyola60, pF, Option500, Hyola420, کاشت بذرها در تاریخ ۲۰ آبان ماه به صورت هیرم‌کاری انجام شد. هر کرت آزمایشی شامل ۴ ردیف ۵ متری به فاصله خطوط ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بوته روی ردیف ۵ سانتی‌متر بود. پس از عملیات تهیه زمین شا مل شخم، دیسک و ماله، بر اساس نتایج آزمایش‌های تجزیه خاک، ۳۰۰ کیلوگرم در هکتار اوره (یک سوم اول هنگام کاشت، یک سوم دوم در مرحله روزت و یک سوم باقیمانده در مرحله قبل از گل‌دهی) و ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار فسفات آمونیوم و علفکش ترفلان به صورت یکنواخت در سطح مزرعه پخش شد و به وسیله دیسک سبک، کود و علف‌کش با خاک مخلوط گردید. آبیاری به صورت نشتی و با کمک سیفون انجام شد. در طول دوره رشد، صفاتی از قبیل صفات تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره گلدهی، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه برای ۱۰ بوته که به صورت تصادفی از دو پشته میانی با حذف اثر حاشیه انتخاب شده بودند، اندازه‌گیری شد. برداشت محصول در هر کرت از دو پشته میانی برای حذف اثر حاشیه به طور دستی انجام شد. عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. برای محاسبهٔ واریانس ژنوتیپی، محیطی، فنوتیپی و وراثت‌پذیری عمومی برای تمامی صفات از روابط زیر استفاده شد (۲).

واریانس ژنتیکی $$V_G = \frac{MS_g - MS_e}{r}$$

واریانس محیطی $$V_E = MS_e$$

واریانس فنوتیپی $$V_P = V_G + V_E$$

وارثت پذیری عمومی $$H_b = \frac{V_G}{V_P}$$

ضریب تغیرات فنوتیپی $$CV_P = \frac{\sqrt{V_P}}{\bar{x}} \times ۱۰۰$$

ضریب تغیرات ژنوتیپی $$CV_G = \frac{\sqrt{V_G}}{\bar{x}} \times ۱۰۰$$

در روابط بالا، MS_g واریانس تیمار، MS_e واریانس اشتباه، r تکرار، V_E واریانس محیطی، V_P و V_G به ترتیب واریانس فنوتیپی و ژنوتیپی و $\bar{x}$ میانگین کل برای هر صفت است. تجزیه ویانس شامل برآورد واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی است که از واریانس‌ها برای برآورد ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی استفاده شد (۲). برای تعیین عوامل پنهانی، با استفاده تجزیه به عامل‌ها از نرم‌افزار SAS استفاده گردید. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با استفاده از میانگین متغیرهای استاندارد شده با نرم‌افزار SPSS و مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه مورد استفاده قرار گرفت.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ساده صفات نشان داد که رقام از نظر کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد دارند(جدول ارائه نشده است) که می‌تواند بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل استفاده در بین ارقام جهت داشتن یک انتخاب مؤثر برای بهبود عملکرد و زودرسی و نیز انتخاب ژنوتیپ‌های برتر باشد. میانگین عملکرد ۲۴۰۵ کیلوگرم در هکتار محاسبه گردید (جدول ۱). مقایسه میانگین ارقام مورد بررسی نشان داد که ارقام RGS003 و هایولا۴۰۱ به ترتیب با متوسط عملکرد دانه ۳۳۵۸ و ۳۳۲۹ کیلوگرم در هکتار بیشترین عملکرد دانه را داشتند. عملکرد بیشتر این ارقام سبت به دیگر ارقام مورد بررسی در این پژوهش ممکن است بدلیل دارا بودن وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف بیشتر باشد. رقم Amica با متوسط ۱۷۹۲ کیلوگرم در هکتار کمترین عملکرد دانه را داشت (جدول ۱). وزن بیوماس رفتار کلی رویشی یک گیاه را در طول فصل زراعی تعیین می‌کند. عملکرد بیولوژیک شامل عملکرد دانه و عملکرد کاه است (۲۳). مقایسه میانگین عملکرد بیولوژیک ارقام مورد بررسی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

نشان داد (جدول ۱) که بیشترین مقدار این صفت به میزان ۱۱۶۱۷/۴ کیلوگرم در هکتار به رقم هایولا۴۰۱ تعلق داشت و ارقام RGS003 وKimberley به ترتیب با ۱۰۹۶۸/۸ و ۱۰۵۴۳/۴ کیلوگرم در هکتار در گروه بعدی قرار گرفتند. رقم Amica با متوسط ۷۴۶۷/۹ کیلوگرم در هکتار کمترین عملکرد بیولوژیک را داشت (جدول ۱). توانایی و راندمان یک گیاه زراعی را در تبدیل بخشی از بیوماس کل به عملکرد دانه را شاخص برداشت نامند (۲۲). مقایسه میانگین ارقام مورد بررسی نشان داد (جدول ۱) که ارقام RGS003 و هایولا۴۰۱ به ترتیب با متوسط شاخص برداشت ۳۲/۱ و ۳۱/۱ درصد بیشترین شاخص برداشت را داشتند. ارقامS-83 و Hysun110 به ترتیب با متوسط شاخص برداشت ۲۳/۴ و ۲۳/۶ درصد در گروه بعدی قرار گرفتند (جدول ۱). تعداد غلاف در بوته یکی از اجزا مهم و کلیدی تعیین کننده عملکرد در کلزا شناخته شده است. این صفت به عواملی مثل واریته، خاک مناسب و شرایط محیطی بستگی دارد (۲۲). مقایسه میانگین ارقام مورد بررسی نشان داد (جدول ۱) که بیشترین تعداد غلاف در بوته به میزان ۴۳۵ عدد به رقم S-83 تعلق داشت و ارقامHysun110 و RG405/02 به ترتیب با ۳۵۰ و ۳۳۷ غلاف در بوته در گروه بعدی قرار گرفتند. اگرچه این ارقام توانستند بیشترین تعداد غلاف در بوته را در بین ارقام مورد بررسی تولید نمایند اما عملکرد دانه آنها پایین بود، زیرا اکثر غلاف‌های در این ارقام مخصوصاً غلاف‌های موجود در روی شاخه‌های فرعی کوچک بوده و تعداد دانه کمی در آنها تولید شد. این موضوع به دلیل برخورد دوره گلدهی و پرشدن دانه این ارقام با گرمای آخر فصل می‌باشد. کمترین تعداد غلاف در بوته را رقم RGS006 دارا بود (جدول ۱). یکی دیگر از اجزای عملکرد کلزا وزن هزار دانه است. وزن هزار دانه به میزان هیدرات‌کربن ذخیره شده در شروع پرشدن دانه و ژنوتیپ گیاه بستگی دارد (۲۲).

ضریب تنوع و توارث‌پذیری

مقادیر ضریب تنوع در جدول ۲ بیانگر بالاترین ضریب تنوع ژنتیکی به ترتیب برای صفات وزن هزار دانه (۲۲/۵۹)، تعداد دانه در غلاف (۲۰/۳۷) و تعداد روز تا رسیدگی (۱۷/۶۶) است. بالا بودن ضریب تنوع ژنتیکی برای این صفات نشان می‌دهد که می‌توان آنها را با گزینش اصلاح کرد. بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی به ترتیب برای صفات وزن هزار دانه (۲۵/۱۳)، تعداد دانه در غلاف (۲۳/۷۶) و تعداد روز تا رسیدگی (۱۹/۷۷) بود. همچنین کمترین میزان ضریب تغییرات فنوتیپی ژنوتیپ‌ها به ترتیب مربوط به صفات ارتفاع بوته (۱/۱۳) و تعداد روز تا شروع گلدهی (۲/۶۶) بود (جدول ۲)، که نشان دهنده کمترین درصد تنوع مشاهده شده بین صفات بود. وجود تنوع ژنتیکی مناسب در بین مواد گیاهی مورد مطالعه می‌تواند اصلاح‌گر را در کشف روابط بین صفات یاری کرده و کارایی انتخاب را بالا ببرد (۷). ضرایب تنوع فنوتیپی بیشتر از ضرایب تنوع ژنتیکی بود، ولی در بسیاری از حالات این دو تفاوت کمی داشتند و این نشان می‌دهد که تأثیر عوامل محیطی بر روی این صفات پایین است. مقادیر وراثت‌پذیری عمومی صفات در جدول ۲ نشان می‌دهد که تأثیر واریانس ژنتیکی بر صفات به مراتب از واریانس محیطی بیشتر است. زیرا در تمام صفات مورد بررسی مقدار وراثت‌پذیری عمومی نسبتاً بالا بود.

جدول ۱- مقایسه میانگین عملکرد، اجزای عملکرد و صفات فنولوژیکی در ارقام کلزا

Table 1. Mean comparison of the grain yield, yield components and phenological characters in rapeseed cultivars

ردیف	نام رقم	عملکرد دانه (کیلو گرم در هکتار)	وزن هزار دانه (گرم)	عملکرد بیولوژیک (کیلو گرم در هکتار)	تعداد غلاف در بوته	شاخص برداشت (٪)	تعداد دانه در غلاف	درصد روغن	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	تعداد روز تا شروع گلدهی	طول دوره گلدهی	تعداد روز تا رسیدگی
۱	RGS003	۳۳۵۸^{a}	۴/۲^{ab}	۱۰۹۶۸/۸^{b}	۲۰۰^{de}	۳۲^{a}	۲۷^{d}	۴۱/۳^{ab}	۱۸۲^{b}	۱۱۰^{b}	۲۴^{g}	۱۶۲^{b}
۲	RG405/03	۲۶۱۹^{bcd}	۳/۳^{bcd}	۱۰۱۷۳/۲^{bc}	۲۶۸^{bcd}	۲۷^{b}	۲۰^{c}	۳۸/۱^{b}	۱۸۱^{b}	۱۱۴^{a}	۱۸^{h}	۱۶۲^{b}
۳	Kimberley	۲۷۴۴^{bc}	۲/۹^{cd}	۱۰۵۴۳/۴^{bc}	۲۷۱^{bcd}	۲۷^{b}	۲۷^{a}	۴۲/۲^{ab}	۱۶۶^{b}	۹۴^{e}	۳۶^{c}	۱۶۱^{c}
۴	RGS006	۲۴۰۶^{cde}	۳/۲^{bcd}	۹۶۴۷/۲^{c}	۱۶۲^{e}	۲۵^{bc}	۲۸^{a}	۴۱/۷^{ab}	۱۸۹^{b}	۱۰۴^{c}	۲۸^{f}	۱۶۲^{b}
۵	RGAS0324	۲۴۰۶^{cde}	۳/۴^{bcd}	۹۵۸۴/۳^{c}	۲۴۴^{cde}	۲۵^{bc}	۲۴^{b}	۴۴/۵^{a}	۱۸۷^{b}	۱۰۲^{d}	۳۱^{e}	۱۶۱^{bc}
۶	Amica	۱۷۹۲^{e}	۲/۶^{de}	۷۴۶۷/۹ ^{d}	۲۵۰^{de}	۲۴^{c}	۲۳^{b}	۴۱/۵^{ab}	۱۷۴^{b}	۱۱۵^{a}	۲۷^{f}	۱۶۶^{a}
۷	RG4403	۲۴۹۷^{cde}	۳/۷^{abc}	۸۷۶۹/۸ ^{cd}	۲۱۰^{de}	۲۶^{bc}	۲۲^{bc}	۴۴/۷^{a}	۱۷۴^{b}	۹۴^{e}	۳۹^{b}	۱۶۶^{a}
۸	S-83	۲۰۱۴^{de}	۳/۲^{bcd}	۸۵۶۷/۹ ^{cd}	۴۳۵^{a}	۲۳^{d}	۴^{d}	۲۸/۴^{c}	۲۶۳^{a}	۱۱۵^{a}	۳۴^{cd}	۱۶۶^{a}
۹	Hysun110	۱۹۴۷^{de}	۲/۱^{e}	۹۵۶۵/۸ ^{c}	۳۵۰^{b}	۲۴^{d}	۲۲^{bc}	۴۰/۲^{ab}	۱۸۶^{b}	۸۴^{f}	۴۷^{a}	۱۶۲^{b}
۱۰	RG405/02	۲۳۶۷^{cde}	۳/۳^{bcd}	۹۹۸۷/۹ ^{bc}	۳۳۷^{bc}	۲۵^{bc}	۲۴^{b}	۴۲/۵^{ab}	۱۹۰ ^{b}	۹۴^{e}	۳۸^{b}	۱۶۶^{a}
۱۱	Sarigol	۲۲۶۹^{cde}	۲/۶^{de}	۹۴۷۸/۵ ^{c}	۲۲۴^{de}	۲۶^{bc}	۲۰^{c}	۳۹/۹^{ab}	۱۹۳^{b}	۱۱۴^{a}	۳۲^{de}	۱۶۶^{a}
۱۲	Hyola401	۳۳۲۹^{ab}	۳/۹^{ab}	۱۱۶۱۷/۴ ^{a}	۳۵۷^{bc}	۳۱^{a}	۲۷^{a}	۴۵/۳^{a}	۱۷۵^{b}	۹۴^{e}	۳۴^{cd}	۱۶۲^{b}
۱۳	Hyola308	۲۵۸۶^{cd}	۲/۸^{bcd}	۸۵۶۴/۲ ^{cd}	۲۳۸^{cde}	۲۶^{bc}	۲۳^{b}	۳۸/۷^{ab}	۱۷۶^{b}	۹۵^{e}	۳۳^{e}	۱۶۱^{bc}
۱۴	Hyola60	۲۴۵۸^{cde}	۲/۶^{de}	۸۴۲۷/۹ ^{cd}	۲۴۵^{be}	۲۴^{c}	۲۳^{b}	۴۱/۶^{ab}	۱۷۴^{b}	۱۱۳^{ab}	۳۳^{cd}	۱۶۲^{b}
۱۵	PF	۲۱۹۸^{cde}	۳/۴^{bcd}	۹۵۸۴/۳ ^{c}	۲۴۴^{cde}	۲۵^{bc}	۲۴^{b}	۴۴/۵^{a}	۱۸۷^{b}	۱۰۲^{d}	۳۱^{e}	۱۶۱^{bc}
۱۶	Option500	۲۰۶۲^{de}	۲/۶^{de}	۷۴۶۷/۹ ^{d}	۲۵۰^{be}	۲۴^{c}	۲۳^{b}	۴۱/۵^{ab}	۱۷۴^{b}	۱۱۵^{a}	۲۷^{f}	۱۶۲^{b}
۱۷	Hyola420	۲۵۴۶^{cd}	۲/۹^{bcd}	۸۴۸۵/۳ ^{cd}	۲۴۱^{cde}	۲۶^{bc}	۲۲^{bc}	۳۷/۹^{ab}	۱۷۳^{b}	۹۸^{de}	۳۲^{e}	۱۶۰^{bc}

میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح ۵ درصد معنی‌دار نیستند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

جدول ۲- تغییرات بین ارقام کلزا از نظر کمترین و بیشترین صفات مورد بررسی، انحراف استاندارد، برآورد اجزای واریانس، ضریب تنوع و توارث‌پذیری عمومی

Table 2. Changes between the lowest and highest traits studied of rapeseed cultivars, Standard deviation, Estimation of variance components, Coefficient of variation and broad sense heritability

صفات	دامنه		میانگین	انحراف استاندارد	برآورد اجزای واریانس			ضریب تنوع		توارث‌پذیری عمومی (٪)
	کمترین	بیشترین			فنوتیپی	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی	ژنتیکی	
عملکرد دانه	۱۷۹۲	۳۳۵۸	۲۴۰۵	۲۸/۷۳	۱۷۶۲/۹	۹۳۷/۳	۸۲۵/۶	۱/۷۵	۱/۲۷	۵۳
وزن هزار دانه	۲/۱	۴/۱	۳/۴	۰/۳۷	۰/۷۳	۰/۵۹	۰/۱۴	۲۵/۱۳	۲۲/۵۹	۸۰
عملکرد بیولوژیک	۷۴۶۸	۱۱۶۱۷/۴	۹۳۴۷/۲	۲۲۲/۸۹	۱۰۶۶۰۹/۱	۵۶۹۲۷/۸	۴۹۶۸۱/۳	۳/۴۹	۲/۵۵	۵۳
تعداد غلاف در بوته	۱۶۲	۳۵۰	۲۶۶/۲	۲۳/۲۹	۱۱۶۸/۴	۶۲۵/۸	۵۴۲/۶	۱۲/۸۴	۹/۴۰	۵۴
شاخص برداشت	۲۳	۳۲	۲۶	۲/۳۴	۱۸/۶۶	۱۳/۲۰	۵/۴۶	۱۶/۶۱	۱۳/۹۷	۷۱
تعداد دانه در غلاف	۴	۲۸	۲۲/۵	۲/۷۵	۲۸/۵۷	۲۱/۰۱	۷/۵۶	۲۳/۷۶	۲۰/۳۷	۷۴
درصد روغن	۲۸/۴	۴۵/۳	۳۸/۶	۲/۴۷	۱۴/۴۱	۸/۳۲	۶/۰۹	۹/۸۳	۷/۴۷	۵۷
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۱۷۳	۲۶۲	۱۸۰/۵	۱/۶۶	۴/۱۴	۱/۳۸	۲/۷۶	۱/۱۳	۰/۶۵	۳۳
تعداد روز تا شروع گلدهی	۸۴	۱۱۵	۱۰۳/۴	۱/۶۰	۶/۴۹	۳/۹۲	۲/۵۷	۲/۴۶	۱/۵۵	۶۰
طول دوره گلدهی	۱۸	۴۷	۳۲	۴/۰۴	۳۴/۹۴	۱۸/۶۲	۱۶/۳۲	۱۸/۴۷	۱۳/۴۸	۵۳
تعداد روز تا رسیدگی	۱۶۰	۱۶۶	۱۶۲/۸	۱/۴۵	۱۰/۳۶	۸/۲۷	۲/۰۹	۱۹/۷۷	۱۷/۶۶	۸۰

با وجود این به علت اجرای آزمایش در یک سال، احتمالاً بخشی از واریانس ژنتیکی مربوط به واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است. همچنین پیوستگی ژن‌ها نیز بخشی از تفاوت در برآورد قابلیت توارث ویژگی‌ها را توجیه می‌کند در صورت نبودن تعادل در پیوستگی ژن‌ها، اثر غالبیت سبب اریبی در وراثت‌پذیری می‌شود. بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به صفات وزن هزار دانه (۸۰ درصد)، تعداد روز تا رسیدگی (۸۰ درصد) و تعداد دانه در غلاف (۷۴ درصد) بود که بیانگر این است که تنوع فنوتیپی در این صفات بیشتر تحت کنترل عوامل ژنتیکی است. وجود تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری بالا برای صفات سبب افزایش بازده ناشی ازگزینش در بهبود این صفات خواهد شد. کمترین مقدار وراثت پذیری به ارتفاع بوته (۳۳ درصد) اختصاص داشت که نشان می‌دهد این صفت تأثیرپذیری بیشتری از عوامل محیطی دارند. نتایج به دست آمده با نتایج برخی پژوهش‌های گذشته مطابقت دارد (۱۸،۲). کمتر بودن وراثت‌پذیری این صفت نسبت به سایر صفات بیانگر این موضوع است که تأثیر محیطی قسمت اعظم تغییرات فنوتیپی این صفت را به وجود می‌آورد و انتخاب ژنوتیپ برتر بر اساس این ویژگی نمی‌تواند چندان مؤثر باشد. وراثت پذیری برای برخی از صفات مانند ارتفاع بوته کم بود و دلیل آن را می‌توان به بزرگ بودن واریانس فنوتیپی آنها نسبت داد که ناشی از اثرگذاری‌های محیطی است. بنا به باور برخی محققان (۲۶) اگر وراثت‌پذیری یک صفت خیلی بالا باشد (بیش از ۸۰ درصد) گزینش برای آن به نسبت آسان خواهد بود و دلیل آن رابطهٔ نزدیک ژنوتیپ و فنوتیپ و سهم به نسبت کوچک محیط در شکل دادن فنوتیپ است. از سوی دیگر، (۱۵) وراثت‌پذیری بیش از ۶۰ درصد، پیشرفت ژنتیکی بالای ۱۰ و پیشرفت ژنتیکی به صورت درصد مطلق از میانگین بیش از ۱۵ درصد را به عنوان معیار سنجش صفات عنوان کرده‌اند.

تجزیه عامل‌ها

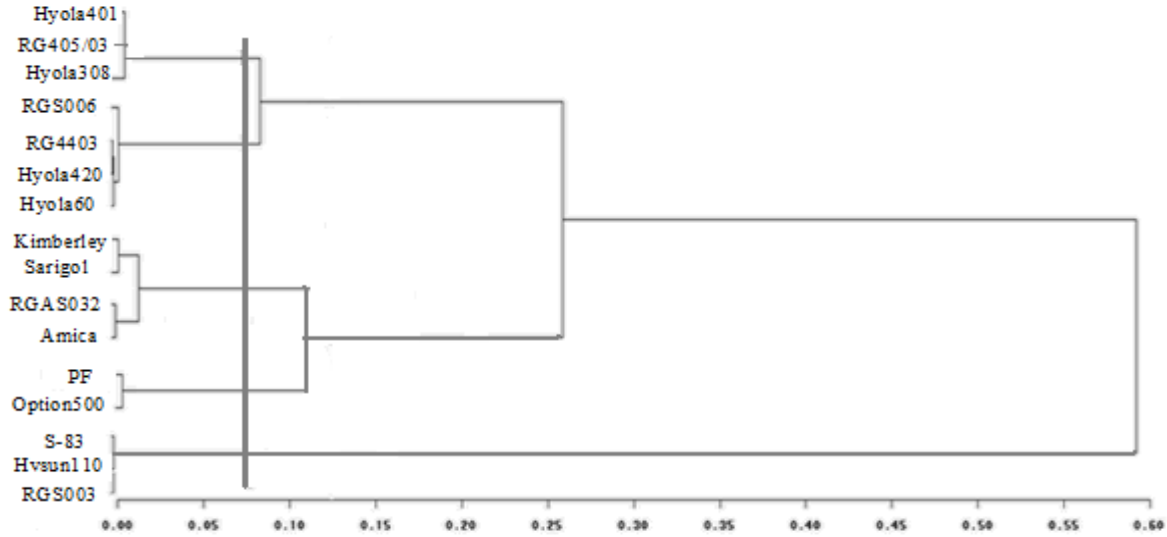
از تجزیه عامل‌ها جهت شناسایی روابط موجود بین صفات و گروه‌بندی آنها بر اساس این روابط استفاده شده است (۲۶). در این تحقیق تجزیه عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی انجام گرفت. به منظور توجیه بهتر، عامل‌ها را به روش وریماکس (۵) دوران داده که در نهایت با توجه به توجیه منطقی عامل‌ها و تعداد ریشه‌های مشخصه بزرگتر از یک، تعداد معدودی عامل استخراج و مورد تشریح و تفسیر قرار گرفتند. در جدول ۳ نتایج حاصل از تجزیه عامل‌ها شامل بردار بار عامل‌های دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر عامل، نسبت تجمعی واریانس توجیه شده و ریشه‌های مشخصه مربوط به هر عامل نشان داده شده است. دو عامل استخراج شد در مجموع ۷۵ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند. عامل اول ۴۸ درصد از تغییرات کل را توجیه نمود. در عامل اول صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در غلاف دارای بار عامل‌های بزرگ و مثبت هستند، بنابراین این عامل را می‌توان عامل صفات مرتبط با عملکرد و یا عامل مقصد فیزیولوژیک تلقی نمود. زیرا با افزایش شمار تعداد دانه در غلاف و وزن هزار دانه، امکان ذخیره مواد فتوسنتزی بیشتری فراهم می‌شود. بنابراین، این عامل می‌تواند نقش مهمی را به‌عنوان شاخص انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی و جهت تولید ارقام با عملکرد مطلوب ایفا کند. در عامل دوم که ۲۷ درصد از تغییرات را شامل می‌شود، صفات طول دوره گلدهی، تعداد روز تا شروع گلدهی و ارتفاع بوته دارای بار عامل‌های بزرگ و مثبت هستند که در نتیجه می‌توان این عامل را عامل رشد رویشی در نظر گرفت. در واقع این متغیرهای فنولوژیک با اثر روی صفات، رشد رویشی مربوط به سرمایهٔ ثابت (ساختارهای درونی و ساخت مواد فتوسنتزی) سبب ذخیرهٔ مواد برای رشد زایشی گیاه می‌شوند. با استفاده از این عامل به عنوان شاخص انتخاب می‌توان ژنوتیپ‌های زودرس‌تر با ارتفاع کمتر را انتخاب نمود. همانطوریکه مشاهده می‌شود. این اطلاعات پژوهشگر را قادر می‌سازد که تصمیم بگیرد برای افزایش عملکرد، انتخاب را چگونه انجام دهد. در مطالعه‌ای با بررسی هم‌بستگی و تجزیه به عامل‌ها در ژنوتیپ‌های کلزا مشخص شد سه عامل اول در مجموع ۸۱ درصد از تغییرات و تنوع بین صفات را توجیه نمود، عامل اول را عامل سرمایهٔ ثابت و عامل‌های دوم و سوم را عامل سینک نام‌گذاری شده است (۱۴). پژوهشگران دیگری نیز با بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های کلزا با استفاده از تجزیه به عامل‌ها نشان دادند که نه عامل اول در مجموع ۸۹/۱ درصد تنوع کل داده‌ها را توجیه کردند (۱۰).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

جدول ۳- بردار بار عامل‌های دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده، نسبت تجمعی واریانس توجیه شده و ریشه‌های مشخصه
Table 3. Rotated factor loadings, Explaining proportion, Cumulative (%) and Eigen-values

صفات	بار عامل‌های	
	اول	دوم
وزن هزار دانه	۰/۶۷	-۰/۱۰
تعداد دانه در غلاف	۰/۷۲	۰/۰۹
تعداد روز تا رسیدگی	-۰/۰۱	۰/۵۱
شاخص برداشت	۰/۱۰	۰/۱۴
طول دوره گلدهی	-۰/۰۴	۰/۷۳
تعداد غلاف در بوته	۰/۱۸	۰/۰۹
تعداد روز تا شروع گلدهی	-۰/۱۱	۰/۶۵
عملکرد بیولوژیک	۰/۲۳	۰/۰۳
درصد روغن	۰/۱۸	۰/۰۱
ارتفاع بوته	۰/۰۶	۰/۷۱
عملکرد دانه	۰/۶۵	۰/۰۱
نسبت واریانس توجیه شده	۴۸	۲۷
واریانس توجیه شده تجمعی	۴۸	۷۵
ریشه مشخصه	۲/۶۳	۱/۷۸



شکل ۱- دندروگرام حاصل تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های کلزا به روش وارد
Figure 1. Dendrogram resulting from cluster analysis (Ward's method) of rapeseed cultivars

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره است که جهت بررسی رابطه خویشاوندی مواد گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش برای گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه یک گیاه از نظر ژنتیکی و جغرافیایی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید می‌باشد. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۷ ژنوتیپ بر اساس ۱۱ صفت زراعی استاندارد شده در شکل ۱ آمده است. این تجزیه به روش وارد و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه انجام گرفت. بر اساس این گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه در محلی که اختلاف بین گروه‌های تشکیل شده معنی‌دار بود، تشکیل ۵ گروه زیر را دادند. جدول ۴ خصوصیات هر گروه از ژنوتیپ‌ها و مقایسه میانگین‌های انجام شده ۵ گروه دندروگرام را نشان می‌دهد. گروه اول ۱۷/۶درصد از مجموع کل ارقام را در بر داشت و شامل ژنوتیپ‌های Hyola401، RG405/03 و Hyola308 بود. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در غلاف، شاخص برداشت، و عملکرد دانه در بالاترین موقعیّت نسبت به سایر گروه‌ها بودند. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره گلدهی و تعداد روز تا شروع گلدهی نسبتاً دیررس بودند. از دیگر خصوصیات این گروه اینکه از نظر صفات درصد روغن و ارتفاع بوته این گروه نسبت به دیگر گروه‌ها در حالت متوسط قرار داشت. گروه دوم مجموعاً با ۴ ژنوتیپ و ۲۳/۴ درصد از کل ارقام مورد مطالعه شامل ژنوتیپ‌های RG4403، RGS006، Hyola60 و Hyola420 بود. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در غلاف، شاخص برداشت و عملکرد دانه در موقعیّت متوسط ولی از نظر صفت تعداد غلاف در بوته نسبت به سایر گروه‌ها در موقعیت برتری بودند. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره گلدهی و تعداد روز تا شروع گلدهی جزء دیر رس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. از دیگر خصوصیات این گروه اینکه از نظر صفات درصد روغن و ارتفاع بوته این گروه نسبت به دیگر گروه‌ها در حالت برتری قرار داشت. ژنوتیپ‌های Kimberley، Sarigol، Amica و RGAS0324 در گروه

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]
[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

سوم قرار دارند که ۲۳/۴ درصد از کل ژنوتیپ‌ها را شامل بود. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات وزن هزار دانه، تعداد غلاف در بوته، عملکرد بیولوژیک و درصد روغن در موقعیّت برتری نسبت به سایر گروه‌ها بودند. ژنوتیپ‌های این گروه از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره گلدهی و تعداد روز تا شروع گلدهی جزء دیر رس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. تعداد غلاف در بوته، ارتفاع بوته و عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها در حد متوسط بود. گروه چهارم مشتمل بر ۲ ژنوتیپ Option500 و PF ۱۱/۸ درصد از کل ژنوتیپ‌ها را تشکیل داده بود. عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت نسبتاً بالای این گروه از طریق بالا بودن تعداد غلاف در بوته ایجاد شده است و از نظر صفات تعداد دانه در غلاف و عملکرد دانه در موقعیت پایینی نسبت به سایر گروه‌ها قرار داشتند. این ژنوتیپ‌ها جزء ژنوتیپ‌های نسبتاً زودرس می‌باشند. گروه پنجم ۲۳/۴ درصد از مجموع کل ارقام را در بر داشت و شامل ژنوتیپ‌های S-83، RGS003 و Hysun110 بود. ژنوتیپ‌های این گروه از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره گلدهی و تعداد روز تا شروع گلدهی زودرس بودند. ارتفاع در ژنوتیپ‌های این گروه برتر از سایر گروه‌ها بود. این ژنوتیپ‌ها از نظر تعداد دانه در غلاف، شاخص برداشت و عملکرد دانه در حد متوسط و از نظر صفت وزن هزار دانه، تعداد غلاف در بوته، عملکرد بیولوژیک و درصد روغن در مرتبه پایینی قرار داشتند. نتایج نشان می‌دهد که افراد موجود در گروه ۱ با افراد موجود در گروه ۵ بیشترین فاصلهٔ ژنتیکی و یا کمترین قرابت ژنتیکی را دارند.

جدول ۴- مقایسه میانگین‌های صفات بررسی شده برای گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های کلزا

Table 4. The means comparison of studied traits for resulting from cluster groups of rapeseed cultivars

صفت	میانگین				
	گروه اول	گروه دوم	گروه سوم	گروه چهارم	گروه پنجم
وزن هزار دانه	۴/۱^{a}	۳/۲^{b}	۳/۹^{ab}	۲/۸^{bc}	۲/۵^{c}
تعداد دانه در غلاف	۲۸^{a}	۲۲^{bc}	۲۱^{bc}	۱۸^{c}	۲۵^{b}
تعداد روز تا رسیدگی	۱۶۰^{bc}	۱۶۵^{a}	۱۶۶^{a}	۱۶۲^{b}	۱۵۸^{c}
شاخص برداشت	۰/۳۲۱^{a}	۰/۲۵۱^{bc}	۰/۲۴۲^{c}	۰/۲۶۸^{b}	۰/۲۵۴^{bc}
طول دوره گلدهی	۱۶۲^{b}	۱۶۶^{a}	۱۶۸^{a}	۱۶۳^{b}	۱۶۰^{c}
تعداد غلاف در بوته	۲۳^{b}	۲۵^{ab}	۲۷^{a}	۲۸^{a}	۲۰^{c}
تعداد روز تا شروع گلدهی	۱۰۸^{b}	۱۱۳^{a}	۱۱۴^{a}	۱۱۱^{ab}	۱۰۲^{d}
عملکرد بیولوژیک	۷۵۴۳/۴^{bc}	۷۴۵۷/۴^{bc}	۷۶۰۷/۴^{a}	۷۵۹۸/۴^{a}	۶۹۷۸/۵^{c}
درصد روغن	۳۸/۷^{b}	۴۰/۲^{ab}	۴۱/۳^{a}	۳۵/۱^{b}	۲۸/۴^{c}
ارتفاع بوته	۱۸۶^{b}	۲۶۰^{a}	۱۷۹^{b}	۱۶۴^{c}	۲۶۲^{a}
عملکرد دانه	۳۵۴۸/۳^{a}	۲۷۸۴/۶^{bc}	۲۶۸۹/۳^{bcd}	۲۵۴۱/۲^{d}	۲۸۵۱/۷^{bc}

*: در هر ردیف میانگین‌هایی که حداقل دارای یک حرف مشترک باشند، از نظر آماری با آزمون LSD معنی‌دار نیست.

بنابراین، با توجه به هدف، در برنامه‌های دورگ‌گیری می‌توان ژنوتیپ‌های گروه‌های ۱ و ۵ را به‌عنوان والدین برای حصول بیشترین تنوع ژنتیکی انتخاب کرد، که به نظر می‌رسد با توجه به فاصلهٔ ژنتیکی بین آنها با انجام تلاقی، هتروزیس بیشتری را می‌توان به دست آورد و بنابراین با توجه به هدف اصلاحی مورد نظر می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی با انجام تلاقی بین آنها امکان دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوب‌تر از نظر عملکرد دانه و اجزاء عملکرد را فراهم نمود. تجزیه خوشه‌ای به‌طور گسترده‌ای برای تشریح تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی جوامع بر اساس صفات مشابه مورد استفاده قرار گرفته است (۱۸،۱۷،۱۴،۹). در این راستا پژوهشگران با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و استفاده از تجزیه واریانس چند متغیره ژنوتیپ‌های کلزا را به ۵ خوشه متفاوت تقسیم کردند. به‌طوری‌که براساس عملکرد دانه و ورن هزار دانه، ژنوتیپ‌های موجود در خوشه پنجم و براساس بیشترین تعداد غلاف در بوته، ژنوتیپ‌های خوشه سوم مورد توجه قرار گرفتند (۱۹). پژوهشگران دیگری در بررسی تجزیه خوشه‌ای براساس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک در شرایط عدم تنش و تنش، ارقام را به سه گروه تقسیم کرد (۱۲). پژوهشگران دیگری نیز در بررسی تجزیه خوشه‌ای روی ۱۷ ژنوتیپ کلزا در کنیا دریافتند که روش تجزیه خوشه‌ای روش مناسبی برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بود. به طوری که توانایی تفکیک ارقامی با منشأ اروپایی و کانادایی را داشت (۱۴).

یکی از عوامل مهم در برنامه‌های اصلاحی انتخاب والدین مناسب به منظور دورگ‌گیری است. نتایج حاصل از تجزیه واریانس بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل استفاده در بین ارقام جهت داشتن یک انتخاب مؤثر برای بهبود عملکرد دانه و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بود. مقایسه میانگین ارقام مورد بررسی نشان داد که ارقام RGS003 و هایولا۴۰۱ به ترتیب ا متوسط عملکرد دانه ۳۳۵۸ و ۳۳۲۹ کیلوگرم در هکتار بیشترین عملکرد دانه را دارا بودند. عملکرد بیشتر این ارقام نسبت به دیگر ارقام مورد بررسی در این پژوهش ممکن است بدلیل دارا بودن وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف بیشتر باشد. در اکثر صفات مورد بررسی وراثت‌پذیری عمومی نسبتاً بالا بود، که بیانگر تأثیر بیشتر واریانس ژنتیکی نسبت به واریانس محیطی است. با وجود این به علت اجرای آزمایش در یک سال، احتمالاً بخشی از واریانس ژنتیکی مربوط به واریانس تأثیر متقابل ژنوتیپ و محیط است. همچنین پیوستگی ژن‌ها نیز بخشی از تفاوت در برآورد قابلیت توارث صفات را توجیه می‌کند در صورت نبودن تعادل در پیوستگی ژن‌ها، اثر غالبیت سبب اریبی در وراثت‌پذیری می‌شود. نتایج حاصل از تجزیه عامل‌ها نشان داد که افزایش عملکرد دانه

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

عمدتاً در اثر افزایش وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف و کاهش مدت زمان پایان گل‌دهی و ارتفاع بوته می‌باشد. تجزیهٔ خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را در ۵ گروه قرار داد و بیشترین فاصلهٔ ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گروه ۱ و ۵ مشاهده شد. بنابراین، تجزیهٔ خوشه‌ای به روش وارد، ژنوتیپ‌ها را در ۵ گروه قرار داد، بنابراین پیش‌بینی می‌شود بر اساس بیشترین عملکرد دانه در هکتار و فاصلهٔ ژنتیکی تلاقی بین ارقام هایولا۴۰۱ و RGS003 منجر به بهترین دورگ‌ها و تنوع مطلوبی را برای برنامه‌های به‌نژادی در نسل‌های در حال تفرق فراهم کند.

تشکر و قدردانی

هزینه‌های مربوط به اجرای این تحقیق از محل اعتبارات پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شوشتر مربوط به طرح پژوهشی تحت عنوان:" ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های کلزا (*Brassica napus* L.) با استفاده از تجزیه و تحلیل آماری چند متغیره" تأمین شده است که بدینوسیله تشکر می‌گردد.

منابع

1. Burton, G.W. and E.H. Devan. 1953. Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. Agronomy Journal, 45: 478-481.
2. Chaudhary, L.B. and B. Prasad. 1968. Genetic variation and heritablity of quantitative characters in Indian mustard (*Brassica Juncea*). Indian Journal of Agricultural Science, 38: 820-825.
3. Clark, J.M. and G.M. Simpson. 1978. Growth analysis of Brassica napus. Canadian Journal of Plant Science, 58: 587-597.
4. Guo, J.C., X.X. Guo and R.H. Liu. 1987. A study of correlations between yield components in mutants of *Brassica napus* L. Oil Crops of China, 2: 23-25.
5. Guertin, W.H. and J.P. Bailey. 1982. Introduction to Modern Factor Analysis. Edwards Brothers Inc., Michigan, 329 pp.
6. Hamza, S., W.B. Hamida, A. Rebai and M. Harrabi. 2004. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. Euphytica, 135: 107-118.
7. Janson, W.A. 1997. Growing media and plant densities for strawberry tray plant. Acta Horticulturae, 439: 457-460.
8. Johnson, R.A. and D.W. Wichern. 1992. Applied multivariate statistical analysis. 3rded. Englewood Cliffs, NJ: Prentice Hall, 767 pp.
9. Kakaei, M., A. Zebarjadi, A. Mostafaie and A. Rezaeizad. 2014. Genetic variation and traits interrelationship in some rapeseed genotypes using multivariate techniques under two moisture conditions. Journal of Applied Crop Breeding, 2: 31-45 (In Persian).
10. Khan, F.A., S. Ali., A. Shakeel, A. Saeed and G. Abbas. 2006. Correlation analysis of some quantitative characters in *Brassica napus* L. Journal of Agricultural Research, 44: 7-14.
11. Naseri, F. 1990. Oil seed crops. Astan-ghods razavi press. Mashhad. Iran, 823 pp (In Persian).
12. Majidi, M.M., M. Jafarzadeh-Ghahdarijani, F. Rashidi and A. Mirlohi. 2016. Relationship of different traits in rapeseed (*Brassica napus* L.) cultivars under normal and drought conditions. Journal of Crop Breeding, 8: 55-65 (In Persian).
13. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43: 1235-1248.
14. Mahasi, M.J. and J.W. Kamundia. 2007. Cluster analysis in rapeseed (*Brassica napus* L.). African Journal of Agriculture Research, 2: 409-411.
15. Pearson, D.C., A.A. Rosielle and W.J.R. Boyd. 2007. Heritabilities of five wheat quality traits for early generation selection. Australian Journal of Experimental Agriculture, 21: 512-515.
16. Rahimi, M., M. Ramezani and A. Ozoni Davaji. 2016. Investigation of path and correlation analysis of pattern and plant densities effect on two rapeseed cultivars. Journal of Crop Breeding, 8: 218-227.
17. Rameeh, V. 2013. Multivariate analysis of some important quantitative traits in rapeseed (*Brassica napus* L.) advanced lines. Journal of Oilseed Brassica, 4: 75-82.
18. Roostabaghi, B., H. Dehghan, B. Alizadeh and N. Sabaghnia. 2013. Study of diversity and evaluation of relationships between yield and yield components of rapeseed via multivariate methods. Journal of Crop production and processing, 2: 53-63 (In Persian).
19. Sabaghnia, N., H. Dehghani, B. Alizadeh and M. Moghaddam. 2010. Interrelationships between seed yield and 20 related traits of 49 canola (*Brassica napus* L.) genotypes in non-stressed and water-stressed environments. Spanish Journal of Agricultural Research, 8: 356-370.
20. Seiler, G.J. and R.E. Stafford. 1979. Factor analysis of components of yields in guar. Crop Science, 25: 905-908.
21. Samadi Gorji, M., A. ZamanMirabadi, V. Rammeah, M. Hasanpour and A. Esmailifar. 2015. Evaluation of agronomic traits of mutants induced by gamma irradiation in PF and RGS003 varieties of rapeseed (*Brassica napus* L.). Journal of Crop Breeding, 7: 135-144 (In Persian).
22. Sana, M., A. Ali, M.A. Malik, F.M. Saleem and M. Rafiq. 2003. Comparative yield potential and oil contents of canola cultivars (*Brassica napus* L.). Pakistan Journal of Agronomy, 2: 1-7.
23. Sharma, S. 1996. Applied multivariate techniques. 1nd ed. John Wiley and Sons, New York, 493 pp.
24. Subhashchandra, B., H.C. Lohithaswa, A.S. Desai and R.R. Hanchinal. 2010. Assessment of genetic variability and relationship between genetic diversity and transgressive segregation in tetraploid wheat. Karnataka Journal of Agricultural Sciences, 22: 36-38.
25. Vafaei, S.N., A. Tobeh, A. Taee and S. Jamaati-e-Somarin. 2010. Study of phenology, harvest index, yield, yield components and oil content of different cultivars of rain-fed safflower. World Applied Science Journal, 8: 820-827.
26. Singh, K.B., B. Geletu and R.S. Malhotra. 1990. Association of some characters with seed yield in chickpea collections. Euphytica, 49: 83-88.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]

Evaluation of Genetic Diversity and Heritability of the Grain Yield and Yield Components in Spring Rapeseed Cultivars

Mohammad Moradi[1] and Mehdi Soltani Howyzeh[2]

1- Assistant Prof., Department of Genetics and Plant Breeding, Shoushtar Branch, Islamic Azad University, Shoushtar, Iran (Corresponding Author: Email: moradim_17@yahoo.com)
2- Instructor, Department of Genetics and Plant Breeding, Ahvaz Branch, Islamic Azad University, Ahvaz, Iran
Received: January 4, 2017 Accepted: June 7, 2017

Abstract

Canola as an oil plant that is considered as an important plant among other oilseed plants due to its high seed performance as well as oil content. Genetic diversity is necessary for breeding program and increasing selection efficiency. This study was conducted to investigate the genetic diversity and heritability of yield and some morphological traits in spring rapeseed, at Dezful, Khozestan Province Iran, during 2015–2016. A randomized complete block design with four replications was used. Results of analysis of variance showed significant differences among genotypes for all the traits at 1 % probability level, indicating the existence of genetic diversity among the studied cultivars. The highest genotypic and phenotypic coefficient of variation was found for the 1000-grain weight, number of grain per pod and days to maturity, respectively. The highest broad sense heritability was estimated for the 1000-grain weight, days to maturity, number of grain per pod and HI and the lowest broad sense heritability was estimated for the plant height. The results of factor analysis exhibited two factors including sink factor (number of seeds per pod, 1000-seed weight and seed yield) and fixed capital factor (phonological traits). It seems that the possible to use their traits in breeding programs for improve seed yield of spring rapeseed cultivars. Using WARD method cluster analysis revealed five groups and there was, base on highest genetic distance and seed yield predict that hybridization of between Hayola401 and RGS003 genotyps could provide best hybrids and supply a desirable genetic diversity in segregated generations for breeding programs.

Keywords: Coefficient of variation, Cluster analysis, Factor analysis and rapeseed

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-31]

[DOI: 10.29252/jcb.10.26.207]