

Research Paper

Analysis of Genetic Diversity and Parameters Related to Agricultural Traits in Oat Genetic Resources

Bafrin Molaei¹, Sohbat Bahraminejad²  and Leila Zarei³

- 1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran
2- Professore, Department of Plant Production and Genetics, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran, (Corresponding author: sohbah72@hotmail.com; bahraminejad@razi.ac.ir)
3- Assistant Professore, Department of Plant Production and Genetics, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran

Received: 14 June, 2023

Accepted: 3 December, 2023

Extended Abstract

Background: As a dual-purpose cereal, oat (*Avena* sp.) has an important role in providing human food and animal feed and fodder due to its high amounts of beta-glucan, protein, vitamins, minerals, fatty acids, and valuable antioxidants. Oat breeding programs have been steadily decreasing compared to other cereals due to the decrease in its cultivated area. Therefore, it is critical and valuable to identify and study the sources of diversity in oats to produce new cultivars with better quality and higher grain yield per unit area. Thus, this experiment aimed to evaluate different genetic parameters and principal component analysis (PCA) to determine the level of genetic diversity in oat genotypes.

Methods: This study was conducted on 361 oat genotypes of seven species belonging to 50 countries from five continents that were received from the Australian Grain Gene (AGG) bank and kept in the gene bank of the Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University. The genetic parameters related to plant height, panicle length, days to 50% flowering, days to 50% physiological maturity, biological yield, grain yield, straw yield, harvest index, thousand-seed weight (TSW), the number of seeds per panicle, and the number of panicles per square meter of the genotypes were estimated for the genotypes. This experiment was conducted in a simple square lattice design with two replications under normal irrigation conditions in the research farm of the Agriculture and Natural Resources Campus, Razi University, Kermanshah, in two cropping years 2017-2019.

Results: Based on the results of the one-year analysis of variance, highly significant differences were observed between genotypes regarding all the measured traits, indicating the presence of considerable genetic diversity between these genotypes. The results of mean comparisons based on the LSD test revealed that (NILE), (KENT), (LA PREVISION), (ZLATAK), (SDO-185), (OX87:080-2), (ACACIA), and (DUNNART) genotypes produced the highest grain yields for two years. Moreover, Genotypes (LIGOWA), (NILE), (VENTURA), (YULAF), (NMO-712), (SDO-185), (VDO-931.1), (SLAVUGE), and (no.9278) presented the highest mean biomass values in two cropping years. The results of the descriptive statistics showed a wide range of changes for most of the investigated traits, as varied for grain yield from 56.30 to 789.81 g/m² in the first year and from 39.59 to 627.28 g/m² in the second year. Based on the correlation analysis results, the most positive and significant phenotypic correlation was calculated between biological yield and straw yield in both years. The results of phenotypic and genotypic correlations showed significant relationships between grain yield and all studied traits, except for plant height, panicle length, days to heading, and days to maturity in the first year. A significant phenotypic correlation was also found between grain yield and all traits, except for plant height and straw yield in the second year. The traits of TSW, plant height, days to heading, and number of panicles per square meter showed the highest genetic variance in both years. The range of general heritability in the first year was variable from 70.06 to 95.87%, respectively, for the traits of days to physiological maturity and TSW, and from 77.85 to 94.91% for biological yield and TSW in the second year. Grain yield, biological yield, straw yield, the number of panicles per square meter, and the number of grains per panicle had a high percentage of heritability and genetic advance simultaneously. Based on the PCA results, the first two main components explained 63.3 and 67.8% of the total changes in each year, respectively.



Conclusion: The variance analysis results of the data obtained from this study indicated significant genetic diversity among the evaluated genotypes in terms of all measured traits, which could be attributed to the existence of different species with different geographical origins. Comparing the average data, genotypes 336, 349, 356, and 360 were introduced as those with the highest average grain yield in both years. Based on the results of PCA and correlation analysis, the traits of the number of panicles per square meter, the number of grains per panicle, TSW, and biological yield are very effective in breeding programs to achieve superior varieties. The NILE, LA PREVISION, OX87:080-2, and DUNNART were the superior genotypes in terms of the mentioned traits and grain yield. The estimation of genetic parameters reveals that the selection based on the number of panicles per plot, the number of grains per panicle, and plant height plays a significant role in improving grain yield because of having a high broad heritability and significant genetic advance at the same time. According to the results of this study, it is possible to separate the superior genotypes in terms of grain yield and biological yield, and subsequent tests can be performed separately for grain and fodder genotypes. Moreover, valuable traits for easier access to this important issue could be identified in subsequent oat improvement programs.

Keywords: Genetic Advance, Genetic Correlation, Genetic Indices, Oat Genetic Resources, Principal Component Analysis

How to Cite This Article: Molaei, B., Bahraminejad, S., & Zarei, L. (2024). Analysis of Genetic Diversity and Parameters Related to Agricultural Traits in Oat Genetic Resources. *J Crop Breed*, 16(1), 32-45. DOI: [10.61186/jcb.16.49.32](https://doi.org/10.61186/jcb.16.49.32)

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع و تخمین پارامترهای ژنتیکی مرتبط با صفات زراعی در ذخایر ژنتیکی یولاف

بفرین مولائی^۱، صحبت بهرامی نژاد^۲ و لیلا زارعی^۳

۱- دانشجوی دکتری گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۲- استاد گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران،
(نویسنده مسوول: bahraminejad@razi.ac.ir, sohbah72@hotmail.com)
۳- استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۹/۱۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۳/۲۴

صفحه: ۳۲ تا ۴۵

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: یولاف (*Avena sp.*) به عنوان یک غله دو منظوره و به دلیل دارا بودن مقادیر بالای بتا گلوکان، پروتئین، ویتامین ها، مواد معدنی، اسیدهای چرب و آنتی اکسیدان های بسیار ارزشمند، نقش بسیار مهمی را در تأمین غذای انسان و خوراک دام دارد. اما در سال های اخیر با کاهش سطح زیر کشت این غله، مطالعات اصلاحی بر روی آن کاهش یافته است. از این رو شناسایی و مطالعه منابع تنوع ژنتیکی یولاف، به منظور تولید ارقام با کیفیت بهینه تر و دارای عملکرد دانه بالاتر در واحد سطح ضروری و ارزشمند است. هدف مطالعه حاضر، بررسی میزان تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های یولاف، از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی و تجزیه به مؤلفه های اصلی بود.

مواد و روش ها: در این تحقیق ۳۶۱ ژنوتیپ یولاف از هفت گونه متفاوت، متعلق به ۵۰ کشور از پنج قاره، که از بانک بذر استرالیا (AGG) دریافت شده بود و در بانک بذر پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی نگهداری می شد، کشت شدند. پارامترهای ژنتیکی مرتبط به صفات ارتفاع بوته، طول خوشه، روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، عملکرد کاه، شاخص برداشت، وزن هزاردانه، تعداد دانه در خوشه و تعداد خوشه در متر مربع برآورد شد. آزمایش در قالب طرح لاتیس مربع ساده، در دو تکرار در شرایط نرمال آبی و در دو سال زراعی ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸، در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی واقع در کرمانشاه اجرا شد.

یافته ها: نتایج تجزیه واریانس، بیانگر وجود اختلاف معنی دار ژنوتیپ های مورد بررسی، از نظر تمام صفات اندازه گیری شده بود که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه بین این ژنوتیپ ها می باشد. بر اساس مقایسات میانگین داده ها به روش LSD، ژنوتیپ های (NILE)، (KENT)، (LA PREVISION)، (ZLATAK)، (SDO-185)، (OX87:080-2)، (ACACIA)، (DUNNART) در هر دو سال بیشترین عملکرد دانه را داشتند. بیشترین عملکرد علوفه ای در دو سال به ترتیب به ژنوتیپ های (LIGOWA)، (NILE)، (VENTURA)، (YULAF)، (NMO-712)، (SDO-185)، (VDO-931.1)، (SLAVUJ) و (NO.9278) اختصاص یافت. نتایج حاصل از آماره های توصیفی نشان دهنده گستردگی دامنه تغییرات برای اکثر صفات مورد بررسی بود به طوری که دامنه تغییرات صفت عملکرد در سال اول از ۵۶/۳۰ تا ۷۸۹/۸۱ و در سال دوم از ۳۹/۵۹ تا ۶۱۷/۲۸ گرم در مترمربع متغیر بود. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه همبستگی صفات، بیشترین همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی دار در هر دو سال، بین صفات عملکرد بیولوژیک با عملکرد کاه دیده شد. نتایج حاصل از تجزیه همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی همچنین نشان داد که، در سال اول، صفت عملکرد دانه با همه صفات به غیر از ارتفاع بوته، طول پانیکول، روز تا ۵۰ درصد گلدهی و روز تا ۵۰ درصد رسیدگی و در سال دوم نیز، با تمام صفات به غیر از ارتفاع بوته و عملکرد کاه همبستگی فنوتیپی معنی دار نشان داد. بالاترین واریانس ژنتیکی، در هر دو سال مربوط به صفات وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد پانیکول در متر مربع بود. دامنه وراثت پذیری عمومی در سال اول از ۷۰/۰۶ تا ۹۵/۸۷ درصد به ترتیب برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و وزن هزار دانه و در سال دوم از ۷۷/۸۵ تا ۹۴/۹۱ درصد برای صفات عملکرد بیولوژیک و وزن هزار دانه متغیر بود. صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، عملکرد کاه، تعداد پانیکول در متر مربع و تعداد دانه در پانیکول دارای وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی به طور هم زمان بودند. بر اساس تجزیه به مؤلفه های اصلی، مؤلفه اصلی اول و دوم در سال اول ۶۳/۳ و در سال دوم ۶۷/۸ درصد تغییرات کل را توجیه کردند.

نتیجه گیری: نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده های حاصل از این مطالعه بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ های مورد ارزیابی از نظر کلیه صفات اندازه گیری شده بود که می توان آن را به وجود گونه های مختلف با منشأ جغرافیایی متفاوت نسبت داد. مقایسات میانگین داده ها، ژنوتیپ های ۳۴۶، ۳۴۹، ۳۵۶ و ۳۶۰ را در هر دو سال به عنوان ژنوتیپ های دارای بالاترین میانگین عملکرد دانه معرفی نمود. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه های اصلی و تجزیه همبستگی می توان گفت که صفات تعداد پانیکول در متر مربع، تعداد دانه در پانیکول، وزن هزار دانه و عملکرد بیولوژیک در برنامه های اصلاحی برای دستیابی به ارقام برتر حائز اهمیت هستند و ژنوتیپ های NILE، LA PREVISION، OX87:080-2 و DUNNART از نظر صفات مذکور و عملکرد دانه برتر بودند. ارزیابی پارامترهای ژنتیکی نشان داد که انتخاب بر اساس صفات تعداد پانیکول در متر مربع، تعداد دانه در خوشه و ارتفاع بوته به دلیل وراثت پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی بالا و هم زمان، نقش مهمی در بهبود عملکرد دانه دارند. می توان با اتکا به نتایج حاصل از این مطالعه اقدام به تفکیک ژنوتیپ های برتر از نظر عملکرد دانه و عملکرد علوفه نمود و آزمایشات بعدی را به تفکیک برای ژنوتیپ های دانه ای و علوفه ای انجام داد و همچنین صفات ارزشمند در راستای دستیابی هر چه آسان تر به این مهم در برنامه های اصلاحی آبی یولاف را شناسایی کرد.

واژه های کلیدی: پیشرفت ژنتیکی، تجزیه به مؤلفه های اصلی، ذخایر ژنتیکی یولاف، شاخص های ژنتیکی، همبستگی ژنتیکی

مقدمه

Avena (1977; Ladizinsky, 1998). در این میان گونه های (*Avena byzantine L.*)، (*Avena strigosa L.*) و (*Avena abyssinica L.*) علوفه ای می باشند (Zhu, 2017). اطلاعات دقیقی از منشأ اولیه جو دوسر در دسترس نیست، اما بیشترین تنوع ژنتیکی مربوط به مدیترانه، خاورمیانه و هیمالیا است. سابقه کشت یولاف به ۴۰۰۰ تا ۴۵۰۰ سال قبل از میلاد برمی گردد (Zwer, 2017). این غله به شرایط محیطی نامناسب مقاوم می باشد و عملکرد مناسبی در خاک های اسیدی و شرایط آب و هوای سرد و مرطوب دارد (Givens et al., 2004). یولاف با

یولاف (جو دوسر) از خانواده گرامینه می باشد و انواع پوست کنده (*Avena sativa L.*) و برهنه (*Avena nuda L.*) دو گونه مهم در حال کشت هستند. گونه پوست کنده آن مخصوص کشورهای غربی بوده و در صنایع غذایی کاربرد دارد، اما جو دوسر برهنه گونه رایج در شمال چین می باشد (Afzalifar et al., 2011; Xu et al., 2017). جنس *Avena* بیش از ۳۰ گونه با سطوح دیپلوئیدی، تتراپلوئیدی و هگزاپلوئیدی دارد و تعداد کروموزوم پایه آن ۷ است (Baum, 2000).

شکل های ۱ و ۲ آمده است. ژنوتیپ های مورد بررسی از ۱ تا ۳۶۱ کدگذاری شدند.

مشخصات طرح آزمایشی و عملیات زراعی

این آزمایش در قالب طرح لاتیس مربع متعادل 19×19 ، با دو تکرار اجرا شد. هر واحد آزمایشی (کرت) دارای دو خط با طول یک متر و با فاصله بین خطوط ۵۰ سانتی متر بود و در هر خط ۵۰ بذر کشت شد. در طی دوره رشد مبارزه با علف های هرز باریک برگ، دستی انجام شد و علف های هرز پهن برگ با استفاده از علف کش تو فور دی کنترل شد. کشت به صورت آبی بود و آبیاری در هر سال در مراحل مختلف با توجه به نیاز آبی گیاه صورت گرفت.

صفات مورد ارزیابی

صفات ارتفاع بوته (برحسب سانتی متر)، طول خوشه (برحسب سانتی متر)، روز تا ۵۰ درصد گلدهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی در طی مراحل داشت گیاه در مزرعه و با انتخاب پنج بوته به طور تصادفی، اندازه گیری شدند. اندازه گیری سایر صفات بعد از برداشت گیاه انجام شد. عملکرد بیولوژیک با کف بر کردن همه بوته ها در دو خط آزمایشی و توزین آن ها (بر حسب گرم)، عملکرد دانه بعد برداشت کامل بوته های دو ردیف و خرمن کوبی و توزین بذور (بر حسب گرم)، تعداد خوشه در متر مربع با شمارش کامل بوته های دو ردیف، تعداد دانه در پانیکول با انتخاب تصادفی پنج بوته و شمارش بذور آن ها، وزن هزار دانه از طریق شمارش ۵۰۰ بذر و توزین آن (بر حسب گرم)، عملکرد کاه از طریق تفاضل عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه (بر حسب گرم) و شاخص برداشت از طریق تقسیم عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک (بر حسب درصد) به دست آمد.

تجزیه و تحلیل های آماری

بعد از بررسی نرمال بودن اشتباه آزمایشی، تجزیه واریانس با استفاده از برنامه SAS 9.0 و برآورد همبستگی های ژنوتیپی و فنوتیپی با نرم افزار Meta-R و با استفاده از بهترین برآورد کننده نااریب خطی (BLUPs) ها انجام شد. پارامترهای ژنتیکی نیز در محیط Excel با کمک فرمول های زیر برآورد شد:

فرمول وراثت پذیری عمومی (Alvarado et al., 2020):

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2 / nrep} \quad (1)$$

که در آن H^2 وراثت پذیری عمومی، σ_g^2 واریانس ژنوتیپی است. σ_e^2 جزء واریانس خطا و nrep تعداد تکرار است.

فرمول واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی (Astaraki et al., 2020; Comstock and Robinson, 1952):

$$\sigma_g^2 = \frac{MSG - MSE}{r} \quad (2)$$

که MSG میانگین مربعات ژنوتیپ ها است، MSE میانگین مربعات محیط و r تعداد تکرارها است.

فرمول ضریب تغییرات ژنتیکی (GCV) و فنوتیپی (PCV) (Astaraki et al., 2020; Singh and Chaudhary, 1985)

مساحت زیر کشت ۹ میلیون هکتار و میزان تولید ۲۳ میلیون تن در سال، پس از ذرت، برنج، گندم، سورگوم، ارزن و جو رتبه هفتم را در بین غلات دارد. مهم ترین تولیدکنندگان یولاف، روسیه، کانادا، هلند، استرالیا، اسپانیا، انگلیس، فنلاند، برزیل، ایالات متحده آمریکا و آلمان هستند (USDAFAS, 2021).

سازمان بهداشت جهانی^۱ در سال ۲۰۲۲ برای اولین بار، لقب غذای سالم را به جوی دوسر اعطا کرد (Mao et al., 2022). یولاف به عنوان یک غله دو منظوره که در تغذیه انسان و دام دارای اهمیت است، ارزش اقتصادی بالایی دارد. بیشترین اهمیت این گیاه به دلیل وجود مقادیر بالای بتا گلوکان، پروتئین، ویتامین ها، مواد معدنی و اسیدهای چرب آن است (Butt et al., 2019; Finnan et al., 2008). مقادیر آنتی اکسیدان های α -توکوترینول، α -توکوفرول، اوانترامیدها و فیبر غذایی β -گلوکان در یولاف بسیار بیشتر از غلاتی چون گندم و جو است (Oliver et al., 2011). افزایش کیفیت و بهبود عملکرد یولاف از مهم ترین اهداف برنامه های اصلاحی، در راستای تامین نیاز غذایی جمعیت روزافزون جهانی به شمار می رود (Musa Özcan et al., 2006; Singhal et al., 2008).

مطالعه تنوع ژنتیکی، روابط و مکانیسم های توارث صفات موجب درک بهتر روابط تکاملی بین ژنوتیپ ها می شود و امکان شناسایی واریته های برتر را برای استفاده در برنامه های اصلاحی فراهم می کند (Masood et al., 2019). ارزیابی صفات مورفولوژیکی و خصوصیات فنوتیپی از روش های اولیه مطالع تنوع ژنتیکی به شمار می رود که به ابزار پیچیده ای نیاز ندارد (Kaur et al., 2018). گزارشات ارائه شده پیرامون بررسی زراعی و فنولوژیک ژنوتیپ های یولاف در ایران محدود می باشد (Ranjbar et al., 2007).

وراثت پذیری یک ابزار مهم در مطالعه صفات کمی به شمار می رود که بسیار مورد استفاده قرار می گیرد (Crippa et al., 2009). بازده انتخاب فنوتیپی با افزایش تنوع ژنتیکی افزایش می یابد و وجود وراثت پذیری مناسب یک صفت همگام با بالا بودن مقادیر پیشرفت ژنتیکی اجزای عملکرد، زمینه مناسبی جهت شناسایی و انتخاب ژنوتیپ های برتر فراهم می کند (Gebregergs and Mekbib, 2020).

هدف از این مطالعه، بررسی تنوع ژنتیکی یک ژرم پلاسما یولاف، متشکل از ۳۶۱ ژنوتیپ، از نظر صفات زراعی مهم به منظور شناسایی ژنوتیپ های برتر و نیز برآورد پارامترهای ژنتیکی مرتبط با این صفات در دو سال زراعی بود.

مواد و روش ها

در این آزمایش، ۳۶۱ ژنوتیپ یولاف از هفت گونه، متعلق به ۵۰ کشور متفاوت از پنج قاره، از بانک بذر استرالیا (AGG)^۲ دریافت و مورد بررسی قرار گرفت (جدول ضمیمه ۱). ژنوتیپ ها در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه در دو سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۸ و ۱۳۹۹-۱۳۹۸ کشت شدند. مزرعه آزمایشی در عرض جغرافیایی ۳۴ درجه و ۲۰ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۴۷ درجه و ۹ دقیقه شرقی با ارتفاع ۱۳۱۹ متری از سطح دریا قرار گرفته است، بافت خاک لوم رسی و با متوسط بارندگی ۴۵۰-۴۸۰ میلی متر در سال می باشد. متوسط بارندگی و دمای دو سال متوالی به ترتیب در

$$(GCV\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad (3)$$

$$\sigma_{gij}^2 = \frac{1}{2} (\sigma_{gi+j}^2 - \sigma_{gi}^2 - \sigma_{gj}^2) \quad (8)$$

$$(PCV\%) = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad (4)$$

که σ_{gi+j}^2 کوواریانس ژنوتیپی مجموع صفات i و j است. و σ_{gi}^2 و σ_{gj}^2 به ترتیب واریانس ژنوتیپی صفات i th و j th و λ م هستند. همبستگی ژنتیکی بین صفات i و j از رابطه:

$$p_{gij} = \frac{\sigma_{gij}^2}{\sigma_{gi} \sigma_{gj}} \quad (9)$$

σ_{gi} و σ_{gj} به ترتیب ریشه‌های مربع واریانس ژنوتیپی صفات i ام و j ام هستند.

در ادامه تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌عنوان یک تکنیک کاربردی در مدیریت و کاهش حجم بالای داده‌ها، به تعدادی مؤلفه‌های اصلی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت که در این روش همواره مؤلفه اول درصد بالاتری از تغییرات کل را توجیه می‌کند (Kumari and Jindal, 2019) این تجزیه با استفاده از نرم‌افزار SPSS ver.16 انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها در هر سال (جدول ۱)، نشان داد بین ژنوتیپ‌ها از نظر تمام صفات تفاوت معنی‌دار وجود دارد که حاکی از وجود تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. در یک پژوهش به ارزیابی ۱۲۴ ژنوتیپ یولاف پرداخته شد و تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌ها گزارش شد (Zaheer et al., 2016).

که در آن σ_p^2 تنوع فنوتیپی و σ_g^2 تنوع ژنوتیپی، $\bar{X}$ میانگین کل هریک از صفات اندازه‌گیری شده می‌باشد. σ_p^2 واریانس فنوتیپی از جدول تجزیه واریانس حاصل شد:

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 \quad (5)$$

پیشرفت ژنتیکی (GA) با استفاده از فرمول (۶) به‌دست آمد (Allard, 1999; Astaraki et al., 2020):

$$GA = k \times \sigma_p \times h^2 \quad (6)$$

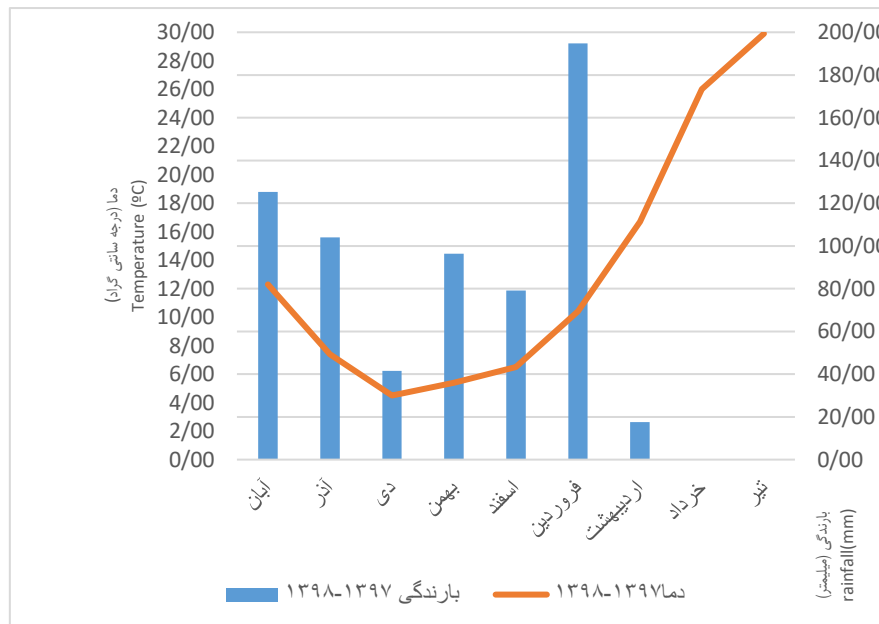
که در آن GA پیشرفت ژنتیکی σ_p^2 جذر واریانس فنوتیپی و ثابت k دیفرانسیل‌پذیری و برابر (۲/۰۶) در سطح پنج درصد می‌باشد.

فرمول میانگین پیشرفت ژنتیکی:

$$(GAM\%) = (GA/\bar{X}) \times 100 \quad (7)$$

همبستگی‌های فنوتیپی بین صفات به‌روش پیرسون نیز با استفاده از نرم‌افزار META-R محاسبه می‌شود (Alvarado et al., 2020).

همبستگی ژنتیکی بین صفات از اجزای واریانس به‌دست می‌آید. مدل به‌طور جداگانه برای صفت i ، برای صفت j ، و برای مجموع هر دو صفت i و j برازش داده می‌شود. سپس تخمینی از کوواریانس ژنوتیپی بین صفات i و j به‌دست می‌آید:



شکل ۱- نمودار آمبروترمیک سال ۱۳۹۷-۱۳۹۸
Figure 1. Ambrothermic diagram of 2017-2018

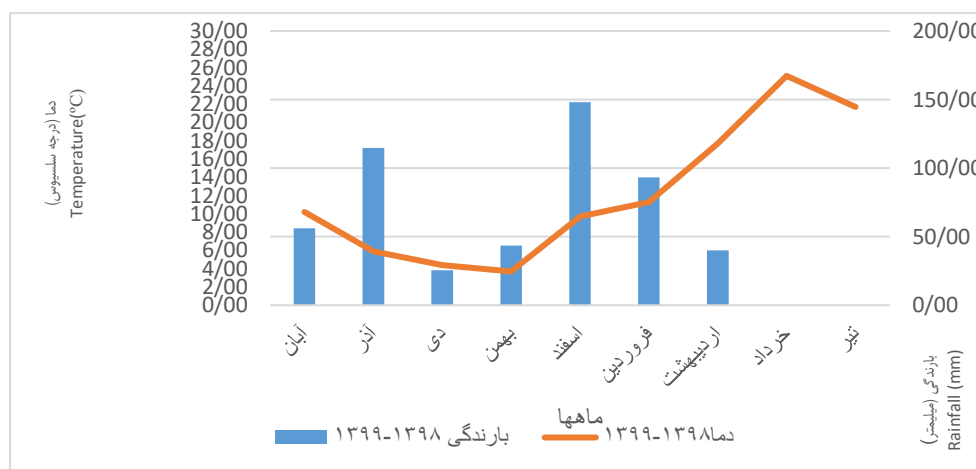
جدول ۱- تجزیه واریانس ژنوتیپ‌های یولاف در دو سال زراعی به تفکیک

Table 1. Variance analysis of oat genotypes in two cropping years, separately

SY (g/m ²)	BIO (g/m ²)	TKW (g)	NGPP	NPPP	GY (g/m ²)	سال زراعی Cropping year	درجه آزادی df	منابع تغییرات S.O.V
16232957.07	42290468.31	17.70	6302.69	1215240.50	6111000.58	2018-2019	1	تکرار
1165924.80	307402.71	32.74	276.74	1657.67	275983.04	2019-2020	1	تکرار
230987.94**	357090.10**	60.42**	1676.85**	13011.81**	32696.87**	2018-2019	360	تیمار تصحیح شده
117252.52**	151683.70**	55.98**	2640.71**	9244.87**	23716.28**	2019-2020	360	تیمار تصحیح شده
354803.80	622853.28	1.94	807.36	10546.58	54485.78	2018-2019	36	بلوک تصحیح شده در
106109.77	177995.02	7.81	872.86	3928.38	16740.53	2019-2020	36	تکرار
51598.68	73885.57	2.49	485.94	2572.06	7491.790	2018-2019	324	Blocks within Reps (adj.)
16734.87	25058.73	2.97	508.08	1818.41	3436.14	2019-2020	324	خطای موثر
25.89	21.53	5.61	30.38	21.53	22.47	2018-2019	-	Effective Error
16.72	14.21	6.93	22.33	20.50	17.20	2019-2020	-	ضریب تغییرات
								CV(%)
	DM (day)	DH (day)	HI (%)	PL (cm)	PH (cm)	سال زراعی Cropping year	درجه آزادی df	منابع تغییرات S.O.V
	10727.27	7642.38	0.12	192.80	9770.55	2018-2019	1	تکرار
	15.86	242.00	0.36	150.65	13.33	2019-2020	1	تکرار
	58.03**	110.12**	0.01**	29.87**	464.09**	2018-2019	360	تیمار تصحیح شده
	43.48**	183.35**	0.02**	32.04**	616.86**	2019-2020	360	تیمار تصحیح شده
	47.47	42.80	0.01	9.50	429.71	2018-2019	36	بلوک تصحیح شده در
	20.43	41.46	0.005	6.30	198.15	2019-2020	36	تکرار
	15.19	20.34	0.003	6.07	46.78	2018-2019	324	Blocks within Reps (adj.)
	4.95	14.74	0.002	5.57	35.55	2019-2020	324	خطای موثر
	1.94	2.64	16.27	11.57	7.85	2018-2019	-	Effective Error
	0.99	2.02	14.05	10.23	6.12	2019-2020	-	ضریب تغییرات
								CV(%)

ns غیر معنی داری، *، ** معنی داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، PH: ارتفاع بوته، PL: طول پانیکول، NPPP: تعداد پانیکول در متر مربع، NGPP: تعداد دانه در پانیکول، TKW: وزن هزار دانه، BY: عملکرد بیولوژیک، GY: عملکرد دانه، SY: عملکرد کاه، HI: شاخص برداشت، DH: روز تا رسیدگی، DM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک

ns: non-significant-*, ** significant at P<0.05, P<0.01, PH: Plant Height, PL: Panicle Length, NPPP: Number of Panicles per square meters, NGPP: Number of Grains per Panicle, TKW: Thousand-Kernel Weight, BY: Biological Yield, GY: Grain Yield, SY: Straw Yield, HI: Harvest Index, DH: Day to 50% Heading, DM: days to 50% maturity



شکل ۲- نمودار آمبروترمیک سال ۱۳۹۹-۱۳۹۸

Figure 2. Ambrothermic diagram of 2018-2019

تغییرات (CV) برای صفات مختلف در سال اول از ۲/۶۹ تا ۳۹/۹۱ و در سال دوم از ۴/۲۴ تا ۳۶/۰۶ هر دو به ترتیب برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و تعداد دانه در پانیکول متغیر بود (داده ها نشان داده نشده اند). در هر دو سال بیشترین درصد ضریب تغییرات مربوط به صفت تعداد دانه در پانیکول بود. پرم کومار و همکاران در مطالعه ژنوتیپ‌های یولاف اعلام کردند که مقادیر ضریب تغییرات اندازه گیری شده برای برخی صفات مانند وزن دانه در پانیکول، شاخص برداشت و عملکرد دانه در تک بوته قابل توجه بود که اهمیت این صفات را نشان می دهد (Premkumar et al., 2017). بر اساس جدول ۱،

ارزیابی ژنوتیپ‌های یولاف نشان داده که بین این ژنوتیپ‌های از نظر صفات مختلف به جز صفت وزن خشک تفاوت قابل ملاحظه ای وجود دارد (Wagh et al., 2018). تجزیه واریانس توده های بومی یولاف نیز تنوع ژنتیکی بالایی را بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه گیری شده بود (Rana et al., 2019).

آماره های توصیفی

بر اساس نتایج (جدول ۲)، دامنه تغییرات اکثر صفات در هر سال بالا می باشد که می توان آن را به پراکنش جغرافیایی منشا ژنوتیپ‌ها و نیز تفاوت در شجره آن‌ها نسبت داد. درصد ضریب

بیشتر نواحی استرالیا نیز آب و هوای خشک و نیمه خشک دارند. از طرفی ژنوتیپ‌های HURON (آمریکا)، MN 12434 (آمریکا)، NMO-694 (برزیل) و S.I. 8913 (اتیوپی) کمترین عملکرد دانه را داشتند. دامنه تغییرات روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی در سال اول ۳۶ روز و در سال دوم ۴۰ روز برآورد شد که تقریباً در دو سال یکسان بود (جدول ۲). در حالت کلی تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در سال دوم به ترتیب با میانگین ۱۷۱ تا ۲۰۰ روز نسبت به سال اول با میانگین ۱۹۰ تا ۲۲۵ روز، کمتر بود.

عملکرد بیولوژیک، وزن هزار دانه، تعداد پانیکول در مترمربع به عنوان اجزای اصلی عملکرد، در سال اول میانگین بالاتری داشتند از این رو عملکرد دانه در مترمربع نیز، در سال اول میانگین بالاتری ۳۸۵/۱۳ گرم در مترمربع نسبت به سال دوم ۳۴۰/۸۱ گرم در مترمربع داشت. بر اساس میانگین‌های به دست آمده، ژنوتیپ‌های NILE، OX87:080-2، SV 95057-35 و DUNNART با منشاء استرالیا و ژنوتیپ LA PREVISION (آرژانتین)، از ده درصد ژنوتیپ‌هایی بودند که دارای بالاترین عملکرد دانه در هر دو سال بودند و می‌توان گفت این ژنوتیپ‌ها با اقلیم معتدل و نیمه خشک کرمانشاه سازگار می‌باشند زیرا

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات اندازه‌گیری شده در دو سال زراعی ۱۳۹۶-۹۷ و ۱۳۹۷-۹۸

Table 2. Descriptive statistics of traits measured in two cropping years 2018-2019 and 2019-2020

صفات Traits	سال Year	دامنه Rang	میانگین $\pm$ انحراف معیار SD $\pm$ Mean
GY(g/m ²)	2018-2019	56.30-789.81	127.85 $\pm$ 385.13
	2019-2020	39.59-617.28	108.92 $\pm$ 340.81
NPPP	2018-2019	52.05-491.57	80.78 $\pm$ 235.51
	2019-2020	36.35-452.99	67.99 $\pm$ 208.10
NGPP	2018-2019	8.80-187.87	28.96 $\pm$ 72.56
	2019-2020	33.46-209.03	36.37 $\pm$ 100.84
TKW(g)	2018-2019	13.85-42.40	5.60 $\pm$ 28.13
	2019-2020	10.56-44.06	5.29 $\pm$ 24.84
BIO(g/m ²)	2018-2019	308.65-2698.44	422.54 $\pm$ 1262.62
	2019-2020	287.01-2008.76	275.72 $\pm$ 1114.41
SY(g/m ²)	2018-2019	57.76-2156.72	339.84 $\pm$ 877.41
	2019-2020	215.87-1569.82	242.13 $\pm$ 773.44
PH(cm)	2018-2019	43.11-122.09	15.23 $\pm$ 87.14
	2019-2020	32.49-141.38	17.56 $\pm$ 97.38
PL(cm)	2018-2019	11.27-33.86	3.81 $\pm$ 21.26
	2019-2020	13.13-38.39	4.00 $\pm$ 23.08
HI (%)	2018-2019	0.06-0.61	0.08 $\pm$ 0.31
	2019-2020	0.06-0.54	0.09 $\pm$ 0.31
DH (day)	2018-2019	152.32-188.38	7.42 $\pm$ 171.08
	2019-2020	169.00-209.00	9.56 $\pm$ 190.02
DM (day)	2018-2019	180.89-222.38	5.39 $\pm$ 200.32
	2019-2020	216.00-241.00	9.56 $\pm$ 225.18

PH: ارتفاع بوته، PL: طول پانیکول، NPPP: تعداد پانیکول در متر مربع، NGPP: تعداد دانه در پانیکول، TKW: وزن هزار دانه، BY: عملکرد بیولوژیک، GY: عملکرد دانه، SY: عملکرد کاه، HI: شاخص برداشت، DH: روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، DM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک

PH: Plant Height, PL: Panicle Length, NPPP: Number of Panicles Per Square Meters, NGPP: Number of Grains per Panicle, TKW: Thousand-Kernel Weight, BY: Biological Yield, GY: Grain Yield, SY: Straw Yield, HI: Harvest Index, DH: Day to 50% Heading, DM: days to 50% maturity

کاه، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه بود (جدول ۳). مطالعات قبلی روی یولاف نیز نتایج مشابهی را گزارش کردند (Bind *et al.*, 2016; Chauhan and Singh, 2019; Shinde *et al.*, 2015). بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی نیز در هر دو سال مربوط به تعداد دانه در پانیکول بود (جدول ۳). تعداد دانه در پانیکول بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی را در هر دو سال داشت و تعداد پانیکول در مترمربع، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک در سال اول، عملکرد دانه، تعداد پانیکول در مترمربع و عملکرد کاه در سال دوم بیشترین مقدار را داشتند (جدول ۳). عملکرد دانه به وسیله اثرات ژنتیکی کنترل می‌شود و در برنامه‌های اصلاحی حائز اهمیت است (Baltenberger and Frey, 1987). بیشترین ضریب تغییرات محیطی در هر دو سال به طور یکسان مربوط به صفت تعداد دانه در پانیکول بود (جدول ۳). از طرفی کمترین ضریب تغییرات فنوتیپی و محیطی در سال اول به روز تا ۵۰ درصد رسیدگی فیزیولوژیک و در سال دوم به شاخص برداشت اختصاص یافت. کمترین تفاوت بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی، مربوط به وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و روز تا ۵۰ درصد رسیدگی

تفاوت در تعداد روز تا خوشه‌دهی احتمالاً ناشی از تغییرات دمایی در طی دو سال باشد. در سال دوم با توجه به شرایط محیطی از جمله میانگین بارش‌های کمتر و دمای بیشینه در خرداد ماه، ژنوتیپ‌ها زودتر وارد مرحله زایشی شده و زودرس‌تر بودند. تعداد روز تا خوشه‌دهی ارقامی از یولاف زراعی که به دوره‌ی فتوپریود و نیز ورنالیزاسیون حساس هستند بیشتر است (Locatelli *et al.*, 2006). حساسیت دمایی یولاف در مطالعات قبلی نیز گزارش شده است به طوری که این گیاه به تفاوت‌های ناچیز نیز پاسخ می‌دهد (Kumar and Wigge, 2010). عدم تأثیرپذیری برخی از ژنوتیپ‌های یولاف از دما را می‌توان به ماهیت الی آن‌ها نسبت داد (Mazurkiewicz *et al.*, 2019). دامنه بالای تغییرات صفات اندازه‌گیری شده بیانگر تنوع زیاد ژنوتیپ‌ها است که از آن برای اهداف اصلاحی و به‌نژادی جهت تولید ارقام برتر استفاده می‌شود.

برآورد پارامترهای ژنتیکی

بر اساس نتایج، بیشترین مقدار واریانس ژنتیکی، واریانس فنوتیپی و واریانس محیطی در دو سال مربوط به صفات عملکرد

پانیکول، عملکرد کاه، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه در هر دو سال بود که به دلیل اثر محیط در کنترل این صفات و پیچیده بودن کنترل ژنتیکی عملکرد دانه است.

فیزیولوژیک در سال اول و شاخص برداشت، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در سال دوم بود. از طرفی بیشترین تفاوت بین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی مربوط به تعداد دانه در

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفات مختلف در دو سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ و ۹۸-۱۳۹۷

Table 3. Estimated genetic parameters for different traits in two crop years 2018-2019 and 2019-2020

صفات Traits	سال Year	میانگین Mean	واریانس ژنتیکی σ_g^2	واریانس محیطی σ_e^2	واریانس فونوتیپی σ_p^2	ضریب تغییرات ژنتیکی GCV(%)	ضریب تغییرات محیطی ECV(%)	ضریب تغییرات فونوتیپی PCV(%)	وراثت پذیری h_g^2 (%)	پیشرفت ژنتیکی GA	میانگین ژنتیکی GAM (%)
GY (g/m ²)	2018-2019	385.13	11187.43	3635.72	14823.15	27.46	15.66	31.61	75.47	189.29	49.15
	2019-2020	340.81	9839.98	1635.48	11475.46	29.11	11.87	31.43	85.75	189.22	55.52
NPPP	2018-2019	235.51	4993.64	1201.34	6194.98	30.00	14.71	33.41	80.61	130.70	55.48
	2019-2020	208.10	3588.61	896.40	4485.01	28.79	14.39	32.18	80.01	110.39	53.04
NGPP	2018-2019	72.56	579.04	237.63	816.67	33.16	21.25	39.38	70.90	41.74	57.52
	2019-2020	100.84	1029.25	253.44	1282.70	31.82	15.79	35.52	80.24	59.20	58.71
TKW (g)	2018-2019	28.13	28.96	1.25	30.21	19.13	3.97	19.54	95.87	10.86	38.59
	2019-2020	24.84	26.19	1.41	27.60	20.60	4.77	21.15	94.91	10.27	41.35
BIO (g/m ²)	2018-2019	1262.62	117079.38	36860.83	153940.21	27.10	15.21	31.07	76.06	614.71	48.69
	2019-2020	1114.41	48550.61	13812.69	62363.30	19.77	10.55	22.41	77.85	400.50	35.94
SY (g/m ²)	2018-2019	877.41	72965.76	25935.37	98901.13	30.79	18.35	35.84	73.78	477.95	54.47
	2019-2020	773.44	39672.56	9187.18	48859.74	25.75	12.39	28.58	81.20	369.73	47.80
PH (cm)	2018-2019	87.14	195.74	22.14	217.88	16.06	5.40	16.94	89.84	27.32	31.35
	2019-2020	97.38	272.18	17.62	289.81	16.94	4.31	17.48	93.92	32.94	33.82
PL (cm)	2018-2019	21.26	11.53	2.93	14.46	15.95	8.04	17.86	79.72	6.25	29.34
	2019-2020	23.08	12.94	2.73	15.67	15.59	7.16	17.15	82.59	6.73	29.18
HI (%)	2018-2019	0.31	0.004	0.001	0.01	20.63	11.72	23.73	75.62	0.11	36.96
	2019-2020	0.31	0.01	0.000	0.01	0.28	0.10	0.30	88.86	0.17	0.54
DH (day)	2018-2019	171.08	42.95	10.06	53.00	3.83	1.85	4.26	81.03	12.15	7.10
	2019-2020	190.02	83.31	6.94	90.25	4.80	1.39	5.00	92.31	18.07	9.51
DM (day)	2018-2019	200.32	18.50	7.91	26.41	2.15	1.40	2.57	70.06	7.42	3.70
	2019-2020	225.18	19.12	2.31	21.43	1.94	0.68	2.06	89.20	8.51	3.78

PH: ارتفاع بوته، PL: طول پانیکول، NPPP: تعداد پانیکول در متر مربع، NGPP: تعداد دانه در پانیکول، TKW: وزن هزار دانه، BY: عملکرد بیولوژیک، GY: عملکرد دانه، SY: عملکرد کاه، HI: شاخص برداشت، DH: روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی، DM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک

PH: Plant Height, PL: Panicle Length, NPPP: Number of Panicles per square meters, NGPP: Number of Grains per Panicle, TKW: Thousand-Kernel Weight, BY: Biological Yield, GY: Grain Yield, SY: Straw Yield, HI: Harvest Index, DH: Day to 50% Heading, DM: days to 50% maturity

(*et al.*, 2015). کارایی بالای انتخاب مستقیم معلول وراثت پذیری بالا و بهینه بودن پیشرفت ژنتیکی به طور همزمان می باشد که خود بیانگر وجود اثر افزایشی ژن ها در کنترل صفات مربوطه می باشد (*Shrimali et al.*, 2017). مقادیر پیشرفت ژنتیکی کمتر از ۱۰٪، ناچیز، محدوده ی ۱۰٪ تا ۲۰٪ متوسط و مقادیر بیشتر از ۲۰٪ > زیاد می باشد (*Robinson et al.*, 1949). در این مطالعه همه صفات، به غیر از روز تا ۵۰ درصد خوشه دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک همزمان وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی را در هر دو سال نشان دادند. هرگاه مقادیر وراثت پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی برای یک صفت کم باشد نشان دهنده نقش ژن های با اثرات غیرافزایشی در کنترل آن صفات می باشد، از این رو نمی توان بر اساس صفات مذکور دست به انتخاب زد (*Tessema et al.*, 2022).

همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی

بر اساس نتایج (جدول ۴)، بیشترین همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی دار در هر دو سال، بین صفات عملکرد بیولوژیک با عملکرد کاه دیده شد. هرگاه همبستگی بین دو صفت قوی باشد می توان بر اساس یکی از صفات مربوطه انتخاب را انجام داد و نیازی به بررسی همزمان هر دو صفت نیست (*Iannucci et al.*, 2021). در سال اول عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک همبستگی مثبت و معنی دار قابل توجهی داشت که این مقدار در سال دوم کاهش یافت. همچنین عملکرد دانه با صفات مهم دیگری از جمله عملکرد کاه، تعداد پانیکول در متر مربع، شاخص برداشت و وزن هزار دانه همبستگی معنی دار مثبت داشت. در سال دوم نیز عملکرد دانه با شاخص برداشت، تعداد پانیکول در متر مربع و وزن هزاردانه همبستگی مثبت چشم گیری داشت که برای همه این صفات نسبت به سال اول مقدار همبستگی افزایش پیدا کرده بود. همبستگی حاصل بین

صفت تعداد دانه در بوته در یولاف تحت اثر محیط و ژنتیک می باشد (*Dumlupinar et al.*, 2012). ضریب تغییرات ژنتیکی بیشتر بیانگر تاثیر کمتر محیط و نقش ژن های با اثر افزایشی در کنترل این صفات می باشد که در نتیجه گزینش بر اساس این صفات و انتخاب مستقیم موثر خواهد بود. معرفی و گسترش ارقامی که دارای صفات مطلوب همچون عملکرد دانه بالقوه، مقاومت به بیماری و چرخه رویشی مطلوب هستند از اهداف مهم برنامه های اصلاحی یولاف می باشد که یکی از پایه های اساسی دسترسی به این امر مهم، وجود تنوع مناسب قابل توارث در صفات هدف زراعی در جمعیت های اصلاحی است.

در ارزیابی توارث صفات مختلف باید توجه شود که مقادیر وراثت پذیری عمومی، کمتر از ۳۰٪ ناچیز، ۳۰٪-۶۰٪ متوسط و مقادیر بزرگتر از ۶۰٪ بالا در نظر گرفته می شود (*Johnson et al.*, 1955). دامنه وراثت پذیری عمومی در سال اول از ۷۰/۰۶ تا ۹۵/۸۷ درصد به ترتیب برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و وزن هزار دانه و در سال دوم از ۷۷/۸۵ تا ۹۴/۹۱ درصد برای صفات عملکرد بیولوژیک و وزن هزار دانه متغیر بود. مقادیر وراثت پذیری حاصل نشان داد که انتخاب بر اساس وزن هزاردانه می تواند موجب بهبود عملکرد دانه در یولاف شود. در یک آزمایش وراثت پذیری عملکرد دانه در بوته، روز تا رسیدگی، وزن صد دانه و ارتفاع بوته، به ترتیب ۸۷/۵۳، ۸۵/۵۳، ۷۸/۴۳ و ۷۳/۲۰ درصد گزارش شد (*Jaipal and S.S.*, 2016). اثرات ناچیز محیطی موجب وراثت پذیری بالای یک صفت و در نتیجه بهبود کارایی انتخاب بر اساس فنوتیپ می شود (*Crippa et al.*, 2009). میزان پیشرفت ژنتیکی برای گزینش افراد برتر را نمی توان بر اساس مقادیر وراثت پذیری بالای افراد مورد ارزیابی قرار داد (*Beikzadeh*

و معنی‌داری بین تعداد بوته در متر مربع و تعداد دانه دیده شده که مقدار آن در سال دوم روند افزایشی داشت. همبستگی تعداد پانیکول در متر مربع با روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در سال دوم قابل توجه بود ولی در سال اول این همبستگی غیر معنی‌دار شد. همبستگی صفات را می‌توان به سه دسته کلی تقسیم نمود: ۱) ضعیف در همه محیط‌ها، ۲) قوی و پایدار در محیط‌های مختلف، و ۳) قوی اما متغیر در محیط‌های مختلف. همبستگی نوع اول نشان دهنده استقلال جفت صفات از همدیگر و یا وجود تنوع ژنتیکی ناچیز می‌باشد اما همبستگی نوع دوم بیانگر وجود روابط علت و معلولی و یا وجود ارتباط ژنتیکی و یا فیزیولوژیکی می‌باشد که امکان انتخاب غیرمستقیم صفات مطلوب یا حذف صفات نامطلوب را در هنگام ارزیابی ترکیب‌های صفات ارائه می‌دهند. همبستگی نوع سوم نیاز به مطالعات گسترده‌تری را، طی برنامه‌های اصلاحی گوشزد می‌کند و بیانگر اثر محیط است (Xu et al., 2017). همبستگی بین روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک قوی بود که در سال دوم نسبت به سال اول کاهش نشان داد. تفاوت کم همبستگی‌های ژنوتیپی و همبستگی فنوتیپی نشان‌دهنده وراثت‌پذیری بالای صفات مورد ارزیابی می‌باشد. از طرفی هم‌سو بودن ضرایب همبستگی را می‌توان به تاثیرپذیری پایین صفات از محیط مختلف در دو سال آزمایش نسبت داد (Al-Tabbal and Al-Fraihat, 2012; Xu et al., 2017). پایداری همبستگی اکثر صفات در دو سال در این بررسی، بیانگر نقش بیشتر ژنتیک در کنترل صفات نسبت به محیط بود. با این وجود برخی صفات مهم همچون تعداد دانه در بوته بیشتر تحت تاثیر محیط هستند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (جدول ۵)، مقادیر KMO به‌ترتیب برای دو سال برابر ۰/۶۲ و ۰/۶۹ بود. در سال اول، دو مؤلفه اصلی اول در مجموع ۶۳/۳ درصد از تغییرات واریانس کل را توجیه کردند به این ترتیب که مؤلفه اول ۳۸/۹۳ و مؤلفه دوم ۲۴/۳۷ درصد از این تغییرات را به‌خود اختصاص داد. در سال دوم نیز دو مؤلفه اول با مقادیر ویژه بالای ۱، توانستند به‌ترتیب ۴۶/۷۵ و ۲۱/۰۵ درصد از این تغییرات کل واریانس را توجیه نمایند.

همچنین نتایج نشان داد که در سال اول طول پانیکول، روز تا خوشه‌دهی، تعداد دانه در بوته، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و ارتفاع بوته به‌ترتیب بیشترین همبستگی مثبت را با مؤلفه اول و صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و تعداد پانیکول در متر مربع، بیش‌ترین همبستگی را با مؤلفه دوم داشتند (جدول ۵). بر اساس بای‌پلات رسم شده برای سال اول (شکل ۳) ژنوتیپ‌های حاضر در چارک اول (سمت راست بالا) بیش‌ترین مقادیر را از نظر هر دو مؤلفه اول و دوم دارا بودند و تعدادی از ژنوتیپ‌های حاضر در این گروه ژنوتیپ‌های ۱۹۵ (HOJER) با منشأ رومانی، ۲۱۴ (PENNFIELD) آمریکا، ۲۲۲ (RYHTI) فنلاند، ۲۷۸ (HATVANI_187) مجارستان، ۲۷۹ (FORWARD) انگلیس، ۲۹۷ (SDO-185) مقدونیه، ۲۹۸ (VDO-931.1) مقدونیه، ۳۰۰ (SDO-186) یوگسلاوی

این صفات مطابق با نتایج به‌دست آمده از آزمایشات قبلی بر روی یولاف زراعی بود (Kaziu et al., 2019). کبیری و همکاران در بررسی لاین‌های گندم همبستگی عملکرد دانه را با تمام صفات ارزیابی شده به‌جز، تعداد پنجه بارور، طول پدانکل و تعداد دانه در سنبله مثبت و معنی‌دار گزارش کردند که تقریباً هم‌سو با نتایج این بررسی بود (Kabiri et al., 2023). در سال دوم عملکرد دانه با روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و طول پانیکول همبستگی معنی‌دار نشان داد ولی در سال اول این همبستگی‌ها غیر معنی‌دار شدند. تولید ارقام زودرس برای در کشورهای اروپایی با توجه به شرایط رشدی موجود ضروری به‌نظر می‌رسد به‌همین دلیل اصلاح‌گران مطالعاتی را در جهت نیل به این هدف انجام داده‌اند (Buerstmayr et al., 2007). اثرات محیطی بر روی برخی صفات در سال‌های مختلف، پایداری همبستگی بین این صفات را تحت تاثیر قرار می‌دهد (Yan et al., 2007). تعداد پانیکول در متر مربع در هر دو سال با وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌دار و با تعداد دانه در بوته، طول پانیکول، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. برای همه این صفات به‌جز عملکرد بیولوژیک مقدار همبستگی در سال دوم بیشتر از سال اول بود. بر اساس گزارش‌ها، ارتفاع زیاد بوته در یولاف منجر به ورس و در نتیجه کاهش عملکرد دانه می‌شود که در تائید نتایج این تحقیق بود (Buerstmayr et al., 2007; Dumlupınar et al., 2012). در یک مطالعه مروری بر روی یولاف به‌عنوان یک گیاه دو منظوره، همبستگی ارتفاع بوته با وزن هزاردانه مثبت گزارش شد (Ahmad et al., 2014) که در تضاد با نتایج این بررسی بود. در این تحقیق همبستگی فنوتیپی بین وزن هزاردانه و ارتفاع بوته در هر دو سال منفی و معنی‌دار بود. بررسی جوهای وحشی همبستگی مثبت و معنی‌داری را بین عملکرد دانه و ارتفاع بوته نشان داد که در تضاد با نتایج این مطالعه بود (Afzalifar et al., 2011). عدم همبستگی معنی‌دار بین برخی از صفات ضرورت بررسی هم‌زمان صفات مذکور را طی برنامه‌های اصلاحی نشان می‌دهد. معنی‌داری مقادیر ناچیز همبستگی بین صفات مورد ارزیابی را می‌توان به تعداد زیاد نمونه‌ها و نیز تصادفی نبودن معنی‌داری این همبستگی‌های ناچیز نسبت داد. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین عملکرد دانه و ارتفاع بوته، طول پانیکول و وزن هزار دانه در یولاف گزارش شده است که در تضاد با این نتایج بود (Poonia et al., 2017). همبستگی ژنوتیپی ناشی از اثرات پلیوتروپی و عدم تعادل لینکاژی ژن‌ها است (Chebib and Guillaume, 2021). تفاوت در نوع همبستگی بین جفت صفات در سال‌های مختلف، بیانگر ضرورت مطالعه آن‌ها در چندین محیط می‌باشد (Xu et al., 2017). بیشترین مقدار همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار در دو سال بین عملکرد بیولوژیک و عملکرد کاه بود. عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد پانیکول در مترمربع و وزن هزاردانه همبستگی معنی‌دار داشت و مقادیر همبستگی عملکرد دانه با شاخص برداشت، تعداد پانیکول در متر مربع و وزن هزاردانه در سال دوم نیز معنی‌دار بود. در سال اول همبستگی ژنوتیپی منفی

همبستگی منفی این صفات با مؤلفه دوم، این ژنوتیپ‌ها دیررس و دارای وزن هزاردانه پایین بودند.

و ۳۲۰ (NO.124) یوگسلاوی بودند. با توجه به همبستگی مثبت و بالای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی با مؤلفه اول (مؤلفه اجزای فنولوژیک) و نیز

جدول ۴- ضرایب همبستگی ژنوتیپی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) در دو سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ و ۹۸-۱۳۹۷ (n=361)
Table 4. Genotypic (upper diameter) and phenotypic (lower diameter) correlation coefficients in two crop years 2018-2019 and 2019-2020 (N=361)

DM (day)	DH (day)	HI (%)	PL (cm)	PH (cm)	SY (g/m ²)	BIO (g/m ²)	TKW (g)	NGPP	NPPP	GY (g/m ²)	سال	صفات
-0.05 ^{ns}	-0.05 ^{ns}	0.39 ^{**}	0.22 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.57 ^{**}	0.76 ^{**}	0.36 ^{**}	0.22 ^{**}	0.37 ^{**}		2018-2019	GY (g/m ²)
0.68 ^{**}	-0.58 ^{**}	0.76 ^{**}	-0.49 ^{**}	-0.15 ^{**}	-0.00 ^{ns}	0.47 ^{**}	0.63 ^{**}	-0.28 ^{**}	0.64 ^{**}		2019-2020	GY (g/m ²)
-0.48 ^{**}	-0.44 ^{**}	0.14 ^{**}	-0.34 ^{**}	-0.12 ^{**}	0.25 ^{**}	0.31 ^{**}	0.28 ^{**}	-0.59 ^{**}		0.39 ^{**}	2018-2019	NPPP
-0.68 ^{**}	-0.65 ^{**}	0.52 ^{**}	-0.55 ^{**}	-0.22 ^{**}	-0.04 ^{ns}	0.29 ^{**}	0.45 ^{**}	-0.72 ^{**}		0.60 ^{**}	2019-2020	NPPP
0.54 ^{**}	0.61 ^{**}	-0.10 ^{**}	0.54 ^{**}	0.31 ^{**}	0.24 ^{**}	0.25 ^{**}	-0.50 ^{**}		-0.44 ^{**}	0.24 ^{**}	2018-2019	NGPP
0.53 ^{**}	0.69 ^{**}	-0.32 ^{**}	0.57 ^{**}	0.18 ^{**}	0.12 ^{**}	-0.03 ^{ns}	-0.60 ^{**}		-0.59 ^{**}	-0.19 ^{**}	2019-2020	NGPP
-0.36 ^{**}	-0.53 ^{**}	0.49 ^{**}	-0.43 ^{**}	-0.35 ^{**}	-0.03 ^{ns}	0.09 ^{ns}		-0.42 ^{**}	0.24 ^{**}	0.28 ^{**}	2018-2019	TKW (g)
-0.46 ^{**}	-0.59 ^{**}	0.67 ^{**}	-0.59 ^{**}	-0.34 ^{**}	-0.18 ^{**}	0.13 ^{**}		-0.52 ^{**}	0.40 ^{**}	0.56 ^{**}	2019-2020	TKW (g)
0.31 ^{**}	0.32 ^{**}	-0.30 ^{**}	0.46 ^{**}	0.52 ^{**}	0.97 ^{**}		0.06 ^{ns}	0.26 ^{**}	0.34 ^{**}	0.73 ^{**}	2018-2019	BIO (g/m ²)
-0.06 ^{ns}	0.13 ^{ns}	-0.20 ^{**}	0.19 ^{**}	0.57 ^{**}	0.88 ^{**}		0.06 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.31 ^{**}	0.47 ^{**}	2019-2020	BIO (g/m ²)
0.44 ^{**}	0.42 ^{**}	-0.53 ^{**}	0.58 ^{**}	0.65 ^{**}		0.96 ^{**}	-0.03 ^{ns}	0.23 ^{**}	0.28 ^{**}	0.53 ^{**}	2018-2019	SY (g/m ²)
0.27 ^{**}	0.44 ^{**}	-0.60 ^{**}	0.46 ^{**}	0.72 ^{**}		0.92 ^{**}	-0.18 ^{**}	0.14 ^{**}	0.08 ^{ns}	0.08 ^{ns}	2019-2020	SY (g/m ²)
0.72 ^{**}	0.47 ^{**}	-0.65 ^{**}	0.76 ^{**}		0.54 ^{**}	0.47 ^{**}	-0.31 ^{**}	0.30 ^{**}	-0.05 ^{ns}	0.10 ^{ns}	2018-2019	PH (cm)
-0.01 ^{ns}	0.21 ^{**}	-0.56 ^{**}	0.54 ^{**}		0.59 ^{**}	0.50 ^{**}	-0.32 ^{**}	0.22 ^{**}	-0.13 [*]	-0.06 ^{ns}	2019-2020	PH (cm)
0.61 ^{**}	0.59 ^{**}	-0.62 ^{**}		0.63 ^{**}	0.47 ^{**}	0.40 ^{**}	-0.37 ^{**}	0.54 ^{**}	-0.23 ^{**}	0.06 ^{ns}	2018-2019	PL (cm)
0.52 ^{**}	0.69 ^{**}	-0.69 ^{**}		0.53 ^{**}	0.38 ^{**}	0.19 ^{**}	-0.52 ^{**}	0.54 ^{**}	-0.45 ^{**}	-0.37 ^{**}	2019-2020	PL (cm)
-0.49 ^{**}	-0.48 ^{**}		-0.47 ^{**}	-0.52 ^{**}	-0.52 ^{**}	-0.30 ^{**}	0.39 ^{**}	-0.03 ^{ns}	0.11 [*]	0.37 ^{**}	2018-2019	HI (%)
-0.70 ^{**}	-0.70 ^{**}		0.58 ^{**}	-0.51 ^{**}	-0.62 ^{**}	-0.27 ^{**}	0.60 ^{**}	0.27 ^{**}	0.42 ^{**}	0.69 ^{**}	2019-2020	HI (%)
0.85 ^{**}		-0.38 ^{**}	0.49 ^{**}	0.37 ^{**}	-0.04 ^{**}	0.21 ^{**}	-0.45 ^{**}	0.47 ^{**}	-0.36 ^{**}	-0.04 ^{ns}	2018-2019	DH (day)
0.81 ^{**}		-0.60 ^{**}	0.58 ^{**}	0.19 ^{**}	-0.52 ^{**}	0.06 ^{ns}	-0.56 ^{**}	0.57 ^{**}	-0.58 ^{**}	-0.52 ^{**}	2019-2020	DH (day)
	0.68 ^{**}	-0.36 ^{**}	0.46 ^{**}	0.17 ^{**}	0.24 ^{**}	0.18 ^{**}	-0.28 ^{**}	0.36 ^{**}	-0.34 ^{**}	-0.05 ^{ns}	2018-2019	DM (day)
	0.75 ^{**}	-0.56 ^{**}	0.45 ^{**}	-0.04 ^{ns}	0.16 ^{**}	-0.10 ^{**}	-0.41 ^{**}	0.43 ^{**}	-0.60 ^{**}	-0.59 ^{**}	2019-2020	DM (day)

PH: ارتفاع بوته، PL: طول پانیکول، NPPP: تعداد پانیکول در متر مربع، NGPP: تعداد دانه در پانیکول، TKW: وزن هزاردانه، BY: عملکرد بیولوژیک، GY: عملکرد دانه، SY: عملکرد کاه، HI: شاخص برداشت، DH: روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، DM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک

PH: Plant Height, PL: Panicle Length, NPPP: Number of Panicles per plot, NGPP: Number of Grains per Panicle, TKW: Thousand-Kernel Weight, BY: Biological Yield, GY: Grain Yield, SY: Straw Yield, HI: Harvest Index, DH: Day to 50% Heading, DM: days to 50% maturity

مؤلفه اول و دوم می‌توان گفت که در چارک اول (سمت راست بالا) بای‌پلات، ژنوتیپ‌های ۸۸ (CABOT) کانادا، ۹۷ (DOLPHIN) استرالیا، ۱۳۰ (NEVESADSKI II) هلند، ۱۶۵ (ALASKA) آمریکا، ۱۶۶ (ALBER) اروگوئه، ۱۹۷ (HONAMI) ژاپن، ۲۰۹ (OHOTSUKU) ژاپن، ۲۲۸ (SUAL) استرالیا، ۳۰۶ (VIR 9285) اکراین، ۳۳۹ (VIRMA) فنلاند عملکرد دانه کمی داشتند. ژنوتیپ‌های چارک دوم (سمت چپ، بالا) دارای مقادیر مثبت برای مؤلفه دوم و مقادیر منفی برای مؤلفه اول بودند ژنوتیپ‌های توزیع شده در این گروه دارای عملکرد دانه بالاتری بودند ژنوتیپ‌های ۱۶۱ (NILE) استرالیا، ۱۶۷ (ALGERIAN RED) رومانی، ۱۸۸ (CONDOR) هلند، ۲۰۳ (LA PREVISION) آرژانتین، ۲۶۸ (BETTONG) آرژانتین، ۲۸۴ (NMO-476) آمریکا، ۲۸۵ (NMO-758) استرالیا، ۳۱۶ (E/S 6409-3) اتیوپی، ۳۱۹ (NO.10522) هند، ۳۳۶ (OX87:080-2) استرالیا در این گروه قرار گرفتند و همچنین صفات عملکرد بیولوژیک و تعداد بوته در مترمربع در این گروه بالاترین مقدار را داشتند. ژنوتیپ‌های گروه سوم (سمت راست، پایین) دارای مقادیر بالای مؤلفه اول و مقادیر پایین از مؤلفه دوم بود که ژنوتیپ‌های ۹۳ (COLT) انگلیس، ۱۰۴ (GERKULES) اتحاد جماهیر شوروی، ۱۲۴ (MANU) آلمان، ۱۲۶ (MINOR) دانمارک، ۱۳۵ (OMIHI) نیوزیلند، ۱۵۳ (STAR) بلژیک، ۱۹۷ (HONAMI) ژاپن، ۲۱۰ (ORION) سوئد، ۲۲۷ (STRIND) دانمارک، ۲۶۷ (KARHU) فنلاند، ۳۵۱ (FREJA) سوئد و ۳۵۸ (MN 12434) آمریکا از نظر صفات همبسته با مؤلفه اول بیشترین مقدار را داشتند و دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند در این بخش قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های با مقادیر پایین از نظر دو مؤلفه و کمترین مقدار از نظر اکثر صفات مورد بررسی در چارک چهارم قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های ۱۶۱ (Nile)،

ژنوتیپ‌های حاضر در چارک دوم (سمت چپ بالا) دارای مقادیر مثبت مؤلفه دوم و مقادیر منفی از مؤلفه اول بود و ژنوتیپ‌های با بیشترین تعداد پانیکول در مترمربع از جمله ۵ (WINTAROO)، ۹۸ (DOLPHIN)، ۱۸۸ (CONDOR)، ۲۸۳ (ETHIOPIAN)، ۳۰۵ (VIR 5226/5) و ۳۱۷ (VDO-140.1) در این بخش قرار گرفتند. همچنین از آنجایی که وزن هزاردانه دارای همبستگی بالا با عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در بوته است، ژنوتیپ‌های بالاترین وزن هزاردانه از جمله ژنوتیپ‌های ۲۵۰ (YARRAN)، ۲۹۴ (NMO-705)، ۱۸۷ (COMMON YELLOW)، ۲۱۲ (PARAMO)، ۴ (WANDERING)، ۶ (BANNISTER) و ۱۱ (YALLARA) در این گروه قرار داشتند. چارک سوم (سمت راست پایین) دارای مقادیر بالای مؤلفه اول و مقادیر ناچیز از مؤلفه دوم بوده و ژنوتیپ‌های ۲۱ (KINGFISCHER)، ۱۰۰ (DYFED)، ۱۰۹ (GORDON)، ۱۱۱ (GREAT MOGUL)، ۱۳۵ (OMIHI)، ۱۳۷ (PAJBJERG_REX)، ۱۴۳ (ROXTON)، ۲۳۸ (VOLL)، ۲۶۷ (KARHU)، ۲۷۰ (ANITA) و ۲۷۸ (SVEA) با بیش‌ترین تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و تعداد دانه در بوته در این گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های حاضر در چارک چهارم (دست چپ، پایین)، دارای کم‌ترین مقادیر از نظر هر دو مؤلفه بودند. بر اساس بای‌پلات حاصل برای سال دوم (شکل ۴)، مؤلفه اول دارای همبستگی مثبت قوی با صفات روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، طول پانیکول و تعداد دانه در پانیکول و همبستگی منفی با صفات عملکرد دانه، تعداد پانیکول در مترمربع و وزن هزاردانه بود و مؤلفه دوم با صفات عملکرد بیولوژیک و ارتفاع بوته همبستگی قابل‌توجهی داشت. با توجه به همبستگی صفات مختلف با

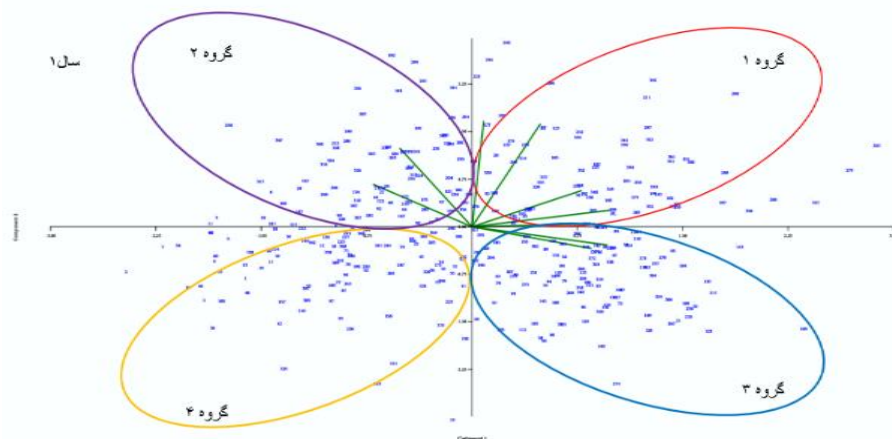
ژنوتیپ‌های با عملکرد بیولوژیک بالاتر در سال اول از گروه اول و در سال دوم از گروه دوم به‌عنوان والدین مناسب در برنامه اصلاحی با هدف تولید ارقام علوفه‌ای برتر، امکان‌پذیر است. همبستگی منفی بین عملکرد دانه و روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی در دو سال در این مطالعه نشان دهنده عملکرد بهتر ارقام زودرس بود. از این‌رو می‌توان گفت ژنوتیپ‌های حاضر در گروه اول و دوم در سال اول و ژنوتیپ‌های گروه دوم در سال دوم زودرس بوده و می‌توانند در تلاقی با ژنوتیپ‌های بهینه مورد استفاده قرار گیرند. در ارزیابی ۲۵ ژنوتیپ یولاف زراعی، دو مؤلفه‌ی اول حدود ۹۸/۷۴ درصد تغییرات کل را توجیه کردند که بر اساس این دو مؤلفه ژنوتیپ‌های حساس و مقاوم به تنش خشکی شناسایی شدند (Bahraminejad et al., 2016). می‌توان از بای‌پلات برای شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌هایی با صفات مطلوب استفاده کرد (Peterson et al., 2005).

۲۰۳ (LA Prevision) و ۳۰۶ (VIR 9285) در هر دو سال در گروه دوم بای‌پلات قرار گرفتند و جزء ژنوتیپ‌های دارای عملکرد دانه بالا بودند. بیشترین تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی و طول پانیکول در سال اول مربوط به ژنوتیپ‌های گروه سوم و در سال دوم در ژنوتیپ‌های گروه اول دیده شد. در مطالعات قبلی بر روی یک جمعیت متشکل از ۱۳۶ لاین یولاف به‌همراه والدین آن‌ها افراد در چهار گروه پراکنده شدند که در گروه اول ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات ارتفاع بوته، طول پانیکول، تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه مقادیر بالایی نشان داده و از این‌رو ژنوتیپ‌ها بر اساس نیاز اصلاحی برای صفات مشخص در هر یک از این گروه‌ها انتخاب شدند (Dumlupinar et al., 2019). با توجه به بیشتر بودن صفات مرتبط با عملکرد دانه در گروه‌های اول و دوم انتخاب ژنوتیپ‌ها از این قسمت به‌عنوان یکی از والدین در برنامه‌های آتی اصلاحی برای تولید ارقام جدید با عملکرد بهینه، امیدوارکننده خواهد بود. انتخاب

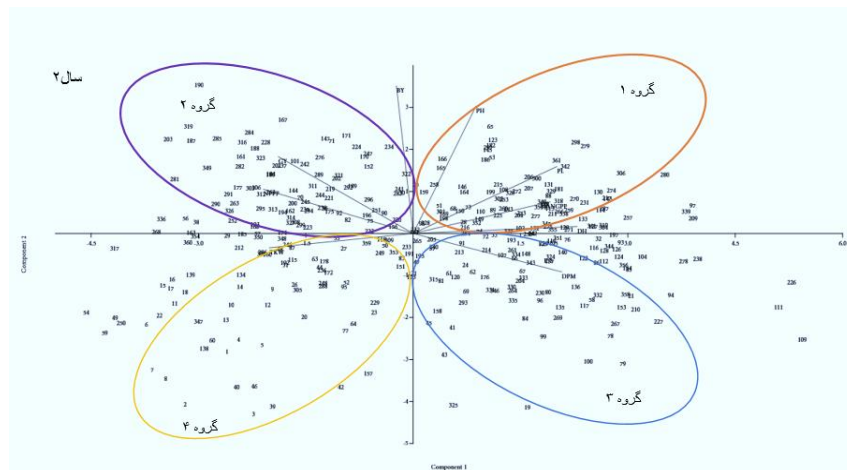
جدول ۵- نتایج تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در سال‌های زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹ و ۱۳۹۷-۱۳۹۸
Table 5. The results of the analysis of the main components based on the traits measured in the cropping years of 2018-2019 and 2019-2020

2018-2019 and 2019-2020				
۱۳۹۹-۱۳۹۸ 2019-2020		۱۳۹۷-۱۳۹۸ 2018-2019		سال Year
PC2	PC1	PC2	PC1	صفات Traits
0.46	-0.70	0.87	0.07	GY(g/m ²)
0.26	-0.78	0.65	-0.43	NPPP
0.19	0.72	0.03	0.73	NGPP
-0.19	-0.75	0.35	-0.58	TKW(g)
0.88	-0.10	0.85	0.41	Bio(g/m ²)
0.76	0.33	0.30	0.65	PH (cm)
0.40	0.75	-0.14	0.83	PL (cm)
0.04	0.86	-0.15	0.81	DH (day)
-0.23	0.77	-0.18	0.71	DM (day)
1.89	4.20	2.19	3.50	مقادیر ویژه Eigen value
21.05	46.75	24.37	38.93	واریانس % Variance (%)

DH: ارتفاع بوته، PL: طول پانیکول، NPPP: تعداد پانیکول در متر مربع، NGPP: تعداد دانه در پانیکول، TKW: وزن هزار دانه، BY: عملکرد بیولوژیک، GY: عملکرد دانه، SY: عملکرد کاه، HI: شاخص برداشت، PH: Plant Height, PL: Panicle Length, NPPP: Number of Panicles per plot, NGPP: Number of Grains per Panicle, TKW: Thousand-Kernel Weight, BY: Biological Yield, GY: Grain Yield, SY: Straw Yield, HI: Harvest Index, DH: Day to 50% Heading, DM: days to 50% maturity.



شکل ۳- بای‌پلات حاصل از تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷
Figure 3. Biplot resulting from the analysis of the main components based on the traits measured in the cropping year 2017-2018



شکل ۴- بای پلات حاصل از تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹
Figure 4. Biplot resulting from the analysis of the main components based on the traits measured in the cropping year 2019-2028

نتیجه‌گیری

بهینه‌ترین تعداد پانیکول در مترمربع بود تلاقی داد و ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه مناسب تولید کرد. برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان داد که انتخاب بر اساس صفات ارزشمندی همچون تعداد پانیکول در پلات، ارتفاع بوته و نیز تعداد دانه در پانیکول به دلیل وجود وراثت‌پذیری عمومی بالا همگام با پیشرفت ژنتیکی چشمگیر در نیل به رسیدن به ارقام دانه‌ای برتر در برنامه‌های اصلاحی مؤثر است. می‌توان با اتکا به نتایج حاصل از این مطالعه اقدام به تفکیک ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و عملکرد علوفه نمود و آزمایشات بعدی را به تفکیک انجام داد و همچنین صفات ارزشمند در راستای دستیابی هر چه آسان‌تر به این مهم در برنامه‌های اصلاحی آبی را شناسایی کرد. در واقع صفات عملکرد کاه و ارتفاع بوته به دلیل وجود همبستگی بالا و مثبت با عملکرد بیولوژیک و نیز وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی قابل توجه و همزمان، برترین صفات برای انتخاب ژنوتیپ‌های با پتانسیل بهینه علوفه‌ای هستند.

تشکر و قدردانی

این مطالعه با کمک مالی ستاد زیست‌فناوری به شماره ۰۰/۱۴۲۵۱ و نیز دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران انجام شد.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها در این آزمایش، بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از نظر کلیه صفات اندازه‌گیری شده بود که می‌توان آن را به وجود گونه‌های مختلف با منشا جغرافیایی متفاوت نسبت داد. بر اساس نتایج حاصل از مقایسه میانگین، ژنوتیپ‌های ۳۳۶، ۳۴۹، ۳۵۶ و ۳۶۰ در سال اول و دوم از جمله ژنوتیپ‌های با بیشترین میانگین عملکرد دانه بودند. نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و آماره‌های توصیفی نیز تنوع ژنتیکی قابل توجه را تأیید کردند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که در سال اول چارک بالا سمت راست برترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه و نیز عملکرد بیولوژیک را دارا است. همچنین در سال اول ژنوتیپ‌های حاضر در گروه دوم نیز، عملکرد دانه بهینه‌ای داشتند. اما در سال دوم ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک در چارک سمت چپ بالا قرار گرفتند. عملکرد دانه با روز تا ۵۰ درصد گلدهی همبستگی منفی داشت که می‌توان آن را به تعداد زیاد ژنوتیپ‌های علوفه‌ای و دیررس با عملکرد پایین نسبت داد. همچنین می‌توان ژنوتیپ‌های زودرس حاضر در گروه چهارم را در تلاقی با ژنوتیپ‌های گروه دوم که در هر دو سال دارای

References

- Afzalifar, A., Zahravi, M., & Bihamta, M. (2011). Evaluation of tolerant genotypes to drought stress in Karaj region. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 7(1), 25-44.
- Ahmad, M., Dar, Z., & Habib, M. (2014). A review on oat (*Avena sativa* L.) as a dual-purpose crop. *Scientific Research and Essays*, 9(4), 52-59. DOI: 10.5897/SRE2014.5820
- Al-Tabbal, J. A., & Al-Fraihat, A. H. (2012). Heritability studies of yield and yield associated traits in wheat genotypes. *Journal of Agricultural Science*, 4(4), 11. DOI:10.5539/jas.v4n4p11
- Allard, R. (1999). *Principal of Plant Breeding* John Wiley and Sons. Inc., USA Wiley International Edition, 85.
- Alvarado, G., Rodríguez, F. M., Pacheco, A., Burgueño, J., Crossa, J., Vargas, M., Lopez-Cruz, M. A. (2020). META-R: A software to analyze data from multi-environment plant breeding trials. *The Crop Journal*, 8(5), 745-756. <https://hdl.handle.net/10883/20997>
- Astaraki, H., Sharifi, P., & Sheikh, F. (2020). Estimation of genotypic correlation and heritability of some of traits in faba bean genotypes using restricted maximum likelihood (REML). *Plant Genetic Researches*, 6(2), 111-128. DOI: 10.29252/pgr.6.2.111
- Bahraminejad, S., Keshvari, R., & Amiri, R. (2016). Evaluation of oat (*Avena sativa* L.) genotypes using drought tolerance indices. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 8(2), 259-272. <https://doi.org/10.22077/escs.2016.237>
- Baltenberger, D. C., & Frey, K. (1987). Genotypic variability in response of oat to delayed sowing 1. *Agronomy Journal*, 79(5), 813-816. DOI: 10.2134/agronj1987.00021962007900050011x

- Baum, B. R. (1977). Oats: wild and cultivated. A monograph of the genus *Avena* L. (Poaceae). Minister of Supply and Services.
- Beikzadeh, H., Alavi Siney, S., Baya, M., & Ezady, A. (2015). Estimation of genetic parameters of effective agronomical traits on yield in some of Iranian rice cultivar. *Applied Field Crops Research*, 28(106), 73-78. DOI: 10.22092/AJ.2015.105678
- Bind, H., Bharti, B., Pandey, M., Kumar, S., & Kerkhi, S. (2016). Genetic variability, heritability and genetic advance studies for different characters on green fodder yield in oat (*Avena sativa* L.). *Agricultural Science Digest-A Research Journal*, 36(2), 88-91. DOI:10.18805/asd.v36i2.10624
- Buerstmayr, H., Krenn, N., Stephan, U., Grausgruber, H. & Zechner, E. (2007). Agronomic performance and quality of oat (*Avena sativa* L.) genotypes of worldwide origin produced under Central European growing conditions. *Field Crops Research*, 101(3), 343-351. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.12.011>
- Butt, M. S., Tahir-Nadeem, M., Khan, M. K. I., Shabir, R., & Butt, M. S. (2008). Oat: unique among the cereals. *European journal of nutrition*, 47, 68-79. DOI: 10.1007/s00394-008-0698-7
- Chauhan, C., & Singh, S. (2019). Genetic variability, heritability and genetic advance studies in oat (*Avena sativa* L.). *International Journal of Chemical Studies*, 7(1), 992-994.
- Chebib, J., & Guillaume, F. (2021). Pleiotropy or linkage? Their relative contributions to the genetic correlation of quantitative traits and detection by multitrait GWA studies. *Genetics*, 219(4), iyab159. <https://doi.org/10.1093/genetics/iyab159>
- Comstock, R., & Robinson, H. (1952). Genetic parameters, their estimation and significance. Proceedings of the 6th international Grassland congress.
- Crippa, I., Bermejo, C., Espósito, M. A., Martin, E. A., Cravero, V., Liberatti, D., Cointy, E. L. (2009). Genetic variability, correlation and path analyses for agronomic traits in Lentil genotypes. *International Journal of Plant Breeding*, 3(2), 76-80. DOI:10.5455/faa.21740
- Dumlupinar, Z., Dokuyucu, T., Maral, H., Kara, R., & Akkaya, A. (2012). Evaluation of Turkish oat landraces based on morphological and phenological traits. *Agriculture*, 99(2), 149-158.
- Dumlupinar, Z., Güngör, H., Dokuyucu, T., Herek, S., Tekin, A., & Akkaya, A. (2019). Agronomical screening of OGLE1040/TAM O-301 oat genetic mapping population. *Sains Malaysiana*, 48(5), 975-981.
- Finnan, J., Burke, B., & Spink, J. (2019). The effect of nitrogen timing and rate on radiation interception, grain yield and grain quality in autumn sown oats. *Field Crops Research*, 231, 130-140. DOI:10.1016/j.fcr.2018.12.001
- Gebregergs, G., & Mekbib, F. (2020). Estimation of genetic variability, heritability, and genetic advance in advanced lines for grain yield and yield components of sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] at Humera, Western Tigray, Ethiopia. *Cogent Food & Agriculture*, 6(1), 1764181. DOI:10.1080/23311932.2020.1764181
- Givens, D., Davies, T., & Laverick, R. (2004). Effect of variety, nitrogen fertiliser and various agronomic factors on the nutritive value of husked and naked oats grain. *Animal feed science and technology*, 113(1-4), 169-181. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2003.11.009
- Iannucci, A., Suriano, S., & Codianni, P. (2021). Genetic diversity for agronomic traits and phytochemical compounds in coloured naked barley lines. *Plants*, 10(8), 1575. <https://doi.org/10.3390/plants10081575>
- Jaipal, & S.S, S. (2016). Genetic variability and divergence studies in oats (*Avena sativa* L.) for green fodder and grain yield. *Forage Research*, 42(1), 51-55.
- Johnson, H. W., Robinson, H., & Comstock, R. (1955). Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. *Agronomy Journal*, 47(7), 314-318. <https://doi.org/10.2134/agronj1955.00021962004700070009x>
- Kabiri, A., Zaefaian, F., Omrani, A., & Abassian, A. (2023). Evaluation of yield and yield components in promising wheat lines using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 15(45), 135-148 (In Persian). DIO: 10.52547/jcb.15.45.135
- Kaur, R., Kapoor, R., Vikal, Y., & Kaur, K. (2018). Assessing genetic diversity in dual purpose oat (*Avena sativa* L.) cultivars based on morphological and quality traits. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(5), 1574-1586. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.705.187>
- Kaur, V., Aravind, J., Jacob, S. R., Kumari, J., Panwar, B. S., Pal, N., Kumar, A. (2022). Phenotypic characterization, genetic diversity assessment in 6,778 accessions of barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) germplasm conserved in National Genebank of India and development of a core set. *Frontiers in plant science*, 13, 771920. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.771920>
- Kaziu, I., Kashta, F., & Celami, A. (2019). Estimation of grain yield, grain components and correlations between them in some oat cultivars. *Albanian Journal of Agricultural Sciences*, 18(1), 13-19.
- Kumar, S. V., & Wigge, P. A. (2010). H2A. Z-containing nucleosomes mediate the thermosensory response in Arabidopsis. *Cell*, 140 (1), 136-147. DOI: 10.1016/j.cell.2009.11.006
- Kumari, T., & Jindal, Y. (2019). Genetic diversity and variability analysis in oats (*Avena sp*) genotypes. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 10(1), 1-8. DOI:10.5958/0975-928X.2019.00001.2
- Ladizinsky, G. (1998). A new species of *Avena* from Sicily, possibly the tetraploid progenitor of hexaploid oats. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 45, 263-269.
- Locatelli, A. B., Federizzi, L. C., Milach, S. C., Wight, C. P., Molnar, S. J., Chapados, J. T., & Tinker, N. A. (2006). Loci affecting flowering time in oat under short-day conditions. *Genome*, 49(12), 1528-1538. DOI: 10.1139/g06-108
- Mao, H., Xu, M., Ji, J., Zhou, M., Li, H., Wen, Y. & Sun, B. (2022). The utilization of oat for the production of wholegrain foods: Processing technology and products. *Food Frontiers*, 3(1), 28-45. DOI: 10.1002/fft2.120
- Masood, J., Mohammad, N., Mohammad, I., Gul, J., & Fatih, H. (2019). Genetic diversity in Pakistani soybean genotypes and North American ancestral lines using agromorphological and RAPD markers. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(4), 2927-2936.
- Mazurkiewicz, G., Ubert, I. d. P., Krause, F. A., & Nava, I. C. (2019). Phenotypic variation and heritability of heading date in hexaploid oat. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19, 436-443. DOI: 10.1590/1984-70332019v19n4a61
- Musa Özcan, M., Özkan, G., & Topal, A. (2006). Characteristics of grains and oils of four different oats (*Avena sativa*

- L.) cultivars growing in Turkey. *International journal of food sciences and nutrition*, 57(5-6), 345-352. DOI: 10.1080/09637480600802363
- Oliver, R. E., Lazo, G. R., Lutz, J. D., Rubenfield, M. J., Tinker, N. A., Anderson, J. M., Maughan, P. J. (2011). Model SNP development for complex genomes based on hexaploid oat using high-throughput 454 sequencing technology. *BMC genomics*, 12(1), 1-15. DOI: 10.1186/1471-2164-12-77
- Peterson, D. M., Wesenberg, D. M., Burrup, D. E., & Erickson, C. A. (2005). Relationships among agronomic traits and grain composition in oat genotypes grown in different environments. *Crop Science*, 45(4), 1249-1255. DOI: 10.2135/cropsci2004.0063
- Poonia, A., Phogat, D., Pahuja, S., Bhuker, A., & Khatri, R. (2017). Variability, character association and path coefficient analysis in fodder oat for yield and quality traits. *Forage Res*, 43(3), 239-243.
- Premkumar, R., Nirmalakumari, A., & Anandakumar, C. R. (2017). Studies on Genetic Variability and Character Association among Yield and Yield Attributing Traits in Oats (*Avena sativa* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6, 4075-4083. DOI: 10.20546/ijemas.2017.611.477
- Rana, M., Gupta, S., Kumar, N., Ranjan, R., Sah, R., Gajghate, R., Ahmed, S. (2019). Genetic architecture and population structure of Oat Landraces (*Avena sativa* L.) using molecular and morphological descriptors. *Indian Journal of Traditional Knowledge (IJTK)*, 18(3), 439-450. DOI: 10.56042/ijtk.v18i3.26803
- Ranjbar, M., Naghavi, M., Zali, A., & Aghaei, M. (2007). Multivariate analysis of morphological variation in accessions of *Aegilops crassa* from Iran. *Pakistan Journal of Biological Sciences: PJBS*, 10(7), 1126-1129. DOI: 10.3923/pjbs.2007.1126.1129
- Robinson, H., Comstock, R., & Harvey, P. (1949). Genotypic and phenotypic correlation in corn, their importance in selection. *Agronomy Journal*, (43), 282-287.
- Shinde, M., Awari, V., Patil, V., Chavan, U., Dalvi, U., & Gadakh, S. (2015). CSV 30F: new high yielding single cut forage sorghum variety for kharif season. *Forage Res*, 41(3), 194-198.
- Shrimali, J., Shekhawat, A., & Kumari, S. (2017). Genetic variation and heritability studies for yield and yield components in barley genotypes under normal and limited moisture conditions. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 6(4), 233-235.
- Singh, R. K., & Chaudhary, B. D. (1985). *Biometrical Methods in Quantitative Genetics Analysis*. Kalyani Publishers. <https://books.google.com/books?id=QQV3twAACAAJ>
- Singhal, K., Tripathi, H., Singh, B., & Harika, A. (2008). Evaluation of dual purpose wheat varieties for grain and fodder production. *Indian Journal of Animal Nutrition*, 25(4), 295-301.
- Tessema, G. L., Mohammed, A. W., & Abebe, D. T. (2022). Genetic variability studies for tuber yield and yield attributes in Ethiopian released potato (*Solanum tuberosum* L.) varieties. *PeerJ*, 10, e12860.
- USDAFAS. (2021). Circular Series, World Agricultural Production.
- Wagh, V., Sonone, A., & Damame, S. (2018). Assesement of genetic variability, Correlation and path coefficient analysis in forage oat (*Avena sativa* L.). *Forage Research*, 44(3), 172-175.
- Xu, J., Kuang, Q., Wang, K., Zhou, S., Wang, S., Liu, X., & Wang, S. (2017). Insights into molecular structure and digestion rate of oat starch. *Food chemistry*, 220, 25-30. DOI: 10.1016/j.foodchem.2016.09.191
- Yan, W., Molnar, S. J., Fregeau-Reid, J., McElroy, A., & Tinker, N. A. (2007). Associations among oat traits and their responses to the environment. *Journal of Crop Improvement*, 20(1-2), 1-29. DOI:10.1300/J411v20n01_01
- Zaheer, T., M.T., Ali, S., Khan, N., Rabbani, M. A., Khan, S. A., Khan, S. M., Arif, M. (2016). Estimation of Genetic Diversity Among oat Genotypes through Agro-morphological Traits. *International Journal of Bio Sciences*, 9(5), 35-44.
- Zhu, F. (2017). Structures, properties, modifications, and uses of oat starch. *Food chemistry*, 229, 329-340. DOI: 10.1016/j.foodchem.2017.02.064
- Zwer, P. (2017). Oats: grain-quality characteristics and management of quality requirements. In *Cereal grains*. 235-256. Woodhead Publishing. DOI: 10.1016/B978-0-08-100719-8.00010-3