



## ارزیابی تنوع ژنتیکی و تفکیک متجاوز عملکرد و اجزای عملکرد لاین های F<sub>۶</sub> حاصل از تلاقی KO37×CAN1066 بزرگ (Linum usitatissimum L.)

زهرا حسین زاده<sup>۱</sup>، علی اکبر محمدی میریک<sup>۲</sup> و اصغر رحیمی<sup>۳</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان  
۲- استادیار گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان، (نویسنده مسؤل: aa.mohammadi@vru.ac.ir)  
۳- دانشیار گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان  
تاریخ دریافت: ۹۵/۱۱/۲۶ تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۲/۲۳  
صفحه: ۱۷۵ تا ۱۸۳

### چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و میزان تفکیک متجاوز در لاین های F<sub>۶</sub> بزرگ حاصل از تلاقی CAN1066 × KO37، تعداد ۸۲۴ لاین اصلاحی حاصل از انتخاب در ۱۰۶ لاین F<sub>۵</sub> در قالب طرح آگمنت به همراه پنج شاهد مورد ارزیابی قرار گرفتند. میانگین لاین ها در هر فامیل F<sub>۵</sub> محاسبه و تنوع بین آنها ارزیابی شد. بررسی ضرایب تغییرات ژنوتیپی نشان داد که بیشترین و کمترین مقدار این ضرایب به ترتیب مربوط به صفات وزن دانه در کپسول (۵۳/۳۹ درصد) و تعداد روز تا رسیدگی (۲/۷۱ درصد) بود. لاین های اصلاحی مورد مطالعه از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی تنوع بالایی نشان دادند به طوری که عملکرد دانه در بوته در آنها دارای میانگین ۰/۲۷۰ گرم در بوته و بین دامنه ۰/۱۲۶ تا ۰/۴۸۰ گرم در بوته در فامیل های F<sub>۵</sub> متغیر بود و والدین KO37 و CAN1066 برای این صفت به ترتیب دارای میانگین عملکرد دانه ۰/۴۹۰ و ۰/۱۵۸ گرم در بوته بودند. تعداد انشعاب در بوته بیشترین وراثت پذیری عمومی (۹۷/۰۳ درصد) و عملکرد دانه در واحد سطح کمترین مقدار وراثت پذیری عمومی (۳۴/۶۴ درصد) را دارا بود. وراثت پذیری عملکرد دانه در بوته ۸۳/۳۳ درصد بود. بیشترین میزان تفکیک متجاوز مثبت در تعداد کپسول در بوته (۲۸/۰۸ درصد) مشاهده شد. همچنین ۲۶/۴۳ و ۶/۶۱ درصد فامیل ها به ترتیب برای تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد انشعاب در بوته تفکیک متجاوز مثبت نشان دادند. عملکرد دانه در بوته و سایر اجزای عملکرد سود ژنتیکی بالایی داشتند، به طوری که سود ژنتیکی عملکرد دانه در بوته، تعداد کپسول در بوته و تعداد انشعاب در بوته نیز به ترتیب برابر با ۸۵/۱۸، ۷۷/۹۹ و ۶۸/۱۰ درصد بود. میزان هتروزیس نسبت به والد برتر (KO37) از ۲/۴۶ تا ۳/۶ درصد برای تعداد انشعاب در بوته، از ۱۴/۳۵ تا ۱۸/۵ برای تعداد کپسول در بوته و از ۰/۳۹ تا ۰/۴۱ برای وزن دانه در کپسول متغیر بود. با عنایت به وجود تنوع ژنتیکی زیاد مشاهده شده در نتاج حاصل از این تلاقی امکان انتخاب لاین های برتر جهت ارزیابی به منظور معرفی رقم اصلاحی فراهم گردیده است.

واژه های کلیدی: بزرگ، ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی، تفکیک متجاوز، وراثت پذیری

### مقدمه

آفریقای شمالی و مدیترانه (مربوط به بزرگ دانه بزرگ) در نظر گرفته شده است و شواهدی مبنی بر اینکه حدود ۵۰۰۰ تا ۵۵۰۰ سال قبل از میلاد، گونه زراعی بزرگ در دامنه های کوه های کردستان رشد می کرده است، وجود دارد. در حال حاضر نیز در برخی از نقاط ایران محصولات قابل توجهی از آن حاصل می شود، مهم ترین مناطق کاشت آن در کشور آذربایجان غربی، اصفهان، خوزستان، قزوین، فارس، کرمان، لرستان و مازندران می باشد (۹). کشورهای تولیدکننده بزرگ شامل کانادا، چین، هندوستان، ایالات متحده و روسیه می باشند و کانادا به عنوان بزرگترین تولیدکننده و صادرکننده بزرگ در سطح جهان است به طوری که در کانادا در سال ۲۰۰۹ تولید دانه بزرگ از ۶۳۱۰۰۰ هکتار سطح زیر کشت این گیاه ۷۰۶۰۰۰ تن گزارش شده است (۱۹) دانه های بزرگ محتوی چندین اسید چرب غیراشباع بوده که برای تغذیه انسان لازم است روغن این گیاه به منظور جلوگیری از پوسیدگی چوب و دیوارهای بتونی در اثر شرایط جوی مورد استفاده قرار می گیرد و الیاف بزرگ جایگزین خوبی برای الیاف ژوت بوده که جهت تولید کفپوش به کار می روند (۶). یکی از این ترکیبات، اسیدهای چرب غیراشباع چندانگانه

باتوجه به رشد بی رویه جمعیت، نیاز به مواد غذایی روزبه روز در حال افزایش است و کشاورزی تنها ابزاری است که با استفاده از سایر علوم قادر است نیازهای غذایی مورد نیاز این جمعیت عظیم را فراهم نماید. این امر دانشمندان و محققان کشاورزی را وادار نموده است که به دنبال روش های نوین و مؤثر برای افزایش تولید مواد غذایی باشند که در این رابطه افزایش منابع تولید و بهبود پتانسیل ژنتیکی ارقام گیاهی حائز اهمیت می باشند. در میان محصولات غذایی، روغن ها باتوجه به بازار وسیع مصرف و اهمیت فوق العاده غذایی از اولویت خاصی برخوردارند. دانه های روغنی دارای مقدار قابل توجهی پروتئین، هیدرات کربن، ویتامین و مواد معدنی می باشند و کنجاله آنها نیز نقش مهمی در رفع سوء تغذیه و تأمین کالری مورد نیاز توده های انسانی و دام ها دارد (۱۵). تعداد ۴۰ گیاه دانه روغنی دارای اهمیت می باشند که مهمترین آنها شامل سویا، آفتابگردان، بادام زمینی، کلزا، بزرگ و کرچک می باشند (۱). بزرگ<sup>۱</sup> گیاهی است چندمنظوره که در مناطق گرم و خشک تا معتدله رشد می کند (۶). برای بزرگ دو منشأ شامل آسیای جنوب شرقی، (مربوط به بزرگ دانه کوچک)

تولید دانه بالا ولی ارتفاع بوته کوتاه و لاین اصلاحی CAN106 که یک لاین خارجی با کیفیت روغن خوراکی است قبلاً با هم تلاقی داده شده بودند و در نسل  $F_4$  تعدادی تک بوته انتخاب شده و بذور هر بوته ( $F_5$ ) در سال بعد در یک ردیف جداگانه کشت گردیدند. پس از آن از هر ردیف در این سال تعدادی بوته انتخاب و بذورهای آنها جداگانه برداشت شد. در سال بعد لاین های اصلاحی مربوط به هر بوته  $F_5$  به عنوان فامیل های  $F_6$  در نظر گرفته شد و کلیه لاین های اصلاحی شامل ۸۲۴ لاین در ۱۰۶ فامیل  $F_5$  با استفاده از طرح آگمنت همراه با پنج ژنوتیپ شاهد در پنج بلوک آزمایشی مورد ارزیابی قرار گرفت. پس از تهیه بستر و عملیات آماده سازی زمین، ردیف ها به صورت جوی و پشته ایجاد و بذور با فاصله یک سانتی متر در روی ردیف و در عمق ۳-۲ سانتی متری خاک قرار داده شد و فاصله ردیف ها ۲۵ سانتی متر بود. پس از عملیات کشت بلافاصله آبیاری انجام شد، آبیاری بعدی باتوجه به شرایط آب و هوایی، خاک و نیاز گیاه در فواصل ۸-۷ روز انجام شد. به منظور تأمین عناصر مورد نیاز گیاه، کود اوره به میزان ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار در ۳ مرحله، قبل از کاشت، به ساقه رفتن و قبل از گلدهی اضافه شد. کنترل علف های هرز و سایر عملیات داشت به صورت دستی انجام شد. در طول فصل رشد و انتهای آن صفات مختلف اندازه گیری شد و برداشت نهایی در اوایل تیرماه صورت گرفت. در هنگام برداشت، ۱۰ بوته از ردیف های میانی در هر کرت آزمایشی به عنوان نمونه اصلی انتخاب و همچنین کلیه گیاهان در هر پلات آزمایشی پس از حذف حاشیه برداشت گردید. آنالیز داده های آماری حاصل از اندازه گیری صفات مختلف با استفاده از نرم افزار (SAS 9.1) و MINITAB (version 14) انجام شد.

فرمول های مورد نیاز برای محاسبه آمارها به شرح زیر می باشد:

$$\text{وارانس ژنتیکی} = \frac{\text{وارانس ژنتیکی}}{\text{وارانس فنوتیپی}} \times 100 = \text{وراثت پذیری عمومی}$$

$$\text{وارانس ژنتیکی} = \frac{\sqrt{\text{وارانس ژنتیکی}}}{\text{میانگین}} \times 100 = \text{ضریب تغییرات ژنتیکی}$$

$$\text{وارانس فنوتیپی} = \frac{\sqrt{\text{وارانس فنوتیپی}}}{\text{میانگین}} \times 100 = \text{ضریب تغییرات فنوتیپی}$$

$$\text{وراثت پذیری عمومی} = \text{جذر وارانس فنوتیپی} \times 2/06 = \text{سود ژنتیکی}$$

$$\text{سود ژنتیکی} = \frac{\text{سود ژنتیکی}}{\text{میانگین}} \times 100 = \text{پیشرفت ژنتیکی}$$

به ویژه اسید چرب امگا ۳ و اسید چرب امگا ۶ است. این اسیدهای چرب برای بدن ضروری بوده و باعث پیشگیری و بهبود بیماری های قلبی، ورم مفاصل، التهاب، بیماری های دستگاه ایمنی و سرطان می گردد (۶). کنجاله و کاه این گیاه نیز دارای ۳۵-۳۷ درصد پروتئین دارد که از آن می توان به عنوان مکمل پروتئین در غذای نشخوارکنندگان استفاده کرد و نیز به عنوان فیبر گیاهی در صنایع کاغذسازی، به ویژه کاغذهای محکم و بادوام مدنظر می باشد و قابلیت استفاده دارد (۱۶، ۶). پیشرفت در به نژادی که غالباً با خلص سازی و انتخاب توده های بومی انجام می گیرد سبب افزایش یکنواختی و کاهش تنوع ژنتیکی داخل ژنوتیپ توده های بومی نسبت به توده اولیه می شود (۲). هیبریداسیون یکی از ابزارهای متداول اصلاح نباتات و روش های اصلاحی است که برای ایجاد تنوع ژنتیکی حاصل از نوترکیبی ژنی با استفاده از تلاقی والدینی که از لحاظ ژنتیکی متفاوتند، عمل می کند. تشخیص ترکیب پذیری با هتروزیس عملکرد بالا مهمترین مرحله در پیشرفت محصولات هیبرید است. به طور کلی، والدین با یک توانایی ترکیب پذیری عمومی بالاتر و یک فاصله ژنتیکی دورتر می توانند یک هیبرید با تظاهر عملکرد بهتر را تولید کنند. مقدار هتروزیس در ارقام هیبرید بستگی کامل به انتخاب والدین آنها دارد. در پی تلاقی، نسل های درحال تفکیک کشت گردیده و پس از رسیدن به خلوص لاین های خلص انتخاب می گردد و در مرحله بعدی ژنوتیپ های با ویژگی های مطلوب شناسایی و مورد ارزیابی قرار می گیرد. ژنوتیپ هایی که برتری آنها به اثبات برسد، به عنوان یک رقم جدید تکثیر می شوند (۱۲). کومار و همکاران (۸) تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه ای در ژنوتیپ های بزرگ برای تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی گزارش کردند به طوری که این صفت در دامنه ۷۱ تا ۹۹/۲۳ روز مشاهده شد و متوسط تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی برای ژنوتیپ های مورد مطالعه برابر با ۸۴/۷۱ روز بود. در مطالعه ردی و همکاران (۱۳) نیز میزان تنوع از نظر انشعاب در بوته در ژنوتیپ های بزرگ در دامنه ۲/۳۳ تا ۵ گزارش شده است. در بزرگ نیز به منظور ایجاد تنوع ژنتیکی مصنوعی و تولید ژنوتیپ های حاصل از نوترکیبی در دو مجموعه ژنی تلاقی والدین و تولید لاین های نوترکیب می توان استفاده نمود. به همین منظور در این مطالعه به همین منظور دو ژنوتیپ داخلی و خارجی تلاقی و لاین های نوترکیب حاصل گردید و میزان تنوع به دست آمده برای صفات مختلف مورد بررسی قرار گرفت.

## مواد و روش ها

این پژوهش در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان انجام شد. در این پژوهش لاین اصلاحی KO37 که یک لاین داخلی حاصل از انتخاب در توده بومی کردستان و دارای پتانسیل

## نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی مربوط به صفات مورد بررسی در فامیل‌های  $F_5$  (هر فامیل شامل ۸ لاین) حاصل از تلاقی  $CO37$  و  $CAN1066$  شامل میانگین، حداقل، حداکثر (دامنه تغییرات) در جدول ۱ آورده شده است. در کلیه صفات مورد ارزیابی تفاوت بالایی در بین مواد آزمایشی وجود داشت. جهت تعیین میزان تنوع موجود برای صفات ضرایب تغییرات ژنوتیپی<sup>۱</sup> و فنوتیپی<sup>۲</sup> محاسبه گردید. بالاترین ضرایب تغییرات ژنتیکی را صفات وزن دانه در کپسول، عملکرد دانه در بوته به‌ترتیب با میزان  $53/39$  و  $45/36$  درصد به خود اختصاص دادند (جدول ۲). در یک جمعیت هر چه تنوع موجود برای هر صفت بیشتر باشد انتخاب در آنها از دقت بالاتری برخوردار خواهد بود (۴). در مطالعه‌ای دیگر به‌منظور بررسی مطالعه تنوع ژنتیکی صفات زراعی در برخی از فامیل‌های  $F_3$  بزرگ بیشترین و کمترین ضریب تغییرات در صفات عملکرد دانه در واحد سطح و روز تا گلدهی کامل گزارش شد (۵). همچنین در مطالعه انورحمیدی (۳) بیشترین و کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی به‌ترتیب در صفات تعداد دانه در کپسول ( $93/16$ ) و عملکرد دانه در بوته ( $34/66$ ) گزارش شده است. ضریب تغییرات ژنتیکی صفات نشان داد که میزان تنوع ژنتیکی حاصل از تلاقی برای صفات مختلف متفاوت بود و در بعضی صفات میزان تنوع زیاد و در بعضی صفات میزان تنوع متوسط یا کمی حاصل شد. کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی به صفت تعداد روز تا رسیدگی ( $2/71$ ) و تعداد روز تا  $50$  درصد گلدهی ( $5/83$ ) اختصاص داشت (جدول ۲). در مطالعه‌ای دیگر هم تنوع پایین برای تعداد روز تا رسیدگی در بزرگ گزارش شده است (۱۰). از طرفی تفاوت جزئی بین ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی برای صفاتی همچون وزن دانه در کپسول و تعداد انشعاب در بوته نشان‌دهنده نقش بیشتر ژنوتیپ و تأثیر کمتر محیط در بروز این صفات است (جدول ۲). براساس نتایج ارائه‌شده در جدول ۲ بیشترین وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفات تعداد انشعاب در بوته ( $h^2=97/03$ ) و

وزن دانه در کپسول ( $h^2=93/33$ ) بود و کمترین وراثت‌پذیری<sup>۳</sup> برای عملکرد دانه در واحد سطح ( $h^2=64/34$ )، تعداد روز تا  $50$  درصد گلدهی ( $h^2=70/94$ ) و تعداد روز تا رسیدگی ( $h^2=76/00$ ) مشاهده شد. وراثت‌پذیری عمومی عملکرد دانه در بوته در این آزمایش برابر با  $83/33$  درصد برآورد گردید. کمترین مقدار قابلیت توارث‌پذیری عملکرد دانه نسبت به تعدادی صفات در اغلب بررسی‌ها حاکی از این موضوع است که اثرات محیطی بخش زیادی از تغییرات فنوتیپی این صفت را به‌وجود می‌آورند، در نتیجه انتخاب لاین‌های برتر فقط براساس عملکرد دانه نمی‌تواند چندان موثر باشد. وراثت‌پذیری سایر صفات در جدول ۲ آمده است. ازطرف دیگر مقدار کم وراثت‌پذیری در برخی صفات بیانگر نقش کم اثرات ژنتیکی در بروز آن و یا انعطاف‌پذیری فنوتیپی آن صفت می‌باشد. باتوجه به اینکه وراثت‌پذیری وزن دانه در کپسول و انشعاب در بوته نسبت به عملکرد دانه در بوته بالاتر بود؛ لذا انتخاب لاین‌های اصلاحی بر مبنای تعداد انشعاب در بوته، وزن دانه در کپسول می‌تواند با افزایش تعداد دانه‌ها و همچنین افزایش تعداد کپسول در بوته با استفاده از افزایش تعداد انشعاب اصلی و فرعی در بوته، در نهایت افزایش عملکرد دانه را به‌دنبال داشته باشد. به‌نژادگران علاقمند به شناسایی ویژگی‌هایی غیر از عملکرد هستند که بتوانند از آنها به‌عنوان معیار انتخاب والدین و یا در انتخاب تک بوته در نسل‌های در حال تفکیک استفاده کنند. براساس پژوهش‌های گذشته انتخاب بر اساس اجزای عملکرد پیشرفت ژنتیکی<sup>۴</sup> بیشتری را نسبت به انتخاب بر اساس خود عملکرد در افزایش عملکرد دانه داشته است. بیشترین و کمترین سود و بازده ژنتیکی<sup>۵</sup> نیز مربوط به صفات وزن دانه در کپسول ( $107/04$ ) و تعداد روز تا رسیدگی ( $0/04$ ) بود. عملکرد دانه در بوته و سایر اجزای عملکرد نیز سود ژنتیکی بالایی نشان دادند که سود ژنتیکی عملکرد دانه در بوته، تعداد کپسول در بوته و تعداد انشعاب در بوته نیز به‌ترتیب برابر با  $85/18$ ،  $77/99$  و  $68/10$  بود.

جدول ۱- آماره‌های توصیفی برای صفات مورد مطالعه در فامیل های F5 حاصل از تلاقی KO37 و CAN1066

Table 1- Descriptive statistics for studied traits in F<sub>5</sub> families derived from KO37 × CAN1066 cross

صفات	حداقل	حداکثر	میانگین	دامنه تغییرات
تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی	۵۳/۷۶	۷۶/۰۰	۶۱/۴۸	۲۷
تعداد روز تا رسیدگی	۹۱/۸۱	۱۰۹/۷۱	۱۰۰/۱۵	۲۴
تعداد انشعاب در بوته	۱/۰۰	۳/۴۷	۱/۹۹	۴/۵۰
تعداد کپسول در بوته	۱/۵۹	۲۰/۶۰	۷/۸۹	۱۹/۰۱
وزن دانه در کپسول (gr)	۰/۰۱۷	۰/۰۴۰	۰/۰۳۱	۰/۰۳۱
عملکرد دانه در بوته (gr)	۰/۱۲۶	۰/۴۸۰	۰/۳۷۰	۰/۳۷۰
عملکرد دانه در واحد سطح (Kg/ ha <sup>-1</sup> )	۱۹۹/۸۰	۱۲۵۶/۰۰	۶۹۵/۲۸	۱۵۴۵/۱۶

جدول ۲- واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی، پیشرفت ژنتیکی، سود ژنتیکی، وراثت پذیری عمومی و تفکیک متجاوز در ۱۰۶ فامیل F<sub>5</sub> حاصل از تلاقی KO37 و CAN1066  
Table 2. Phenotypic and genotypic variance, coefficient of variation, genetic advance, genetic gain, heritability and transgressive segregation in 106 F<sub>5</sub> families derived from KO37 × CAN1066 cross

صفات	واریانس فنوتیپی	واریانس ژنتیکی	ضریب تغییرات فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنتیکی	پیشرفت ژنتیکی	سود ژنتیکی	قابلیت توارث عمومی (%)	تفکیک متجاوز نسبت به والد P1 (%)	تفکیک متجاوز نسبت به والد P2 (%)
تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی	۱۸/۱۷	۱۲/۸۹	۶/۹۳	۵/۸۳	۶/۲۲	۱۰/۱۲	۷۰/۹۴	۲۶/۴۳	۷/۵۴
تعداد روز تا رسیدگی	۹/۷۰	۷/۴۲	۳/۱۰	۲/۷۱	۴/۸۵	۰/۰۴	۷۶/۰۰	۱/۸۸	۱۴/۵۱
تعداد انشعاب در بوته	۰/۴۶	۰/۴۳	۳۴/۰۸	۳۲/۹۵	۱/۳۵	۶۸/۱۰	۹۷/۰۳	۶/۶۱	۴۱/۷۱
تعداد کپسول در بوته	۱۱/۸۸	۹/۶۶	۴۳/۶۸	۳۹/۳۹	۵/۶۸	۷۱/۹۹	۸۱/۳۱	۲۸/۰۸	۱/۴۰
وزن دانه در کپسول (gr)	۰/۰۰۰۳۰	۰/۰۰۰۲۸	۵۵/۸۷	۵۳/۳۹	۰/۰۳۳	۱۰۶/۰۴	۹۳/۳۳	.	۹/۴۰
عملکرد دانه در بوته (gr)	۰/۰۱۸	۰/۰۱۵	۴۹/۶۹	۴۵/۳۶	۰/۲۳۰	۸۵/۱۸	۸۳/۳۳	.	۵/۵۷
عملکرد دانه در واحد سطح (Kg/ ha <sup>-1</sup> )	۴۲۳۴۷/۶۷	۶۵۶۴۵/۵۶	۳۶/۸۵	۲۹/۵۶	۸۵/۹۹	۱۲/۳۲	۶۴/۳۴	۱/۸۸	۲/۸۴

KO37 :P<sub>1</sub>  
CAN1066 :P<sub>2</sub>

در شکل ۱ توزیع فنوتیپی صفات مورد بررسی نشان داده شده است. با تعیین موقعیت والدین در این توزیع نیز بروز تفکیک متجاوز و تعداد لاین‌هایی که نسبت به والدین تفکیک نشان داده‌اند، مشخص می‌گردد. میانگین صفت تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی در فامیل‌های حاصل از تلاقی از ۵۳/۷۶ تا ۷۶ روز متغیر بود و در دو ژنوتیپ والدی KO37 و CAN1066 نیز مقدار آن به ترتیب برابر با ۵۷/۲ و ۶۹ روز بود. به طور میانگین از نظر روز تا ۵۰ درصد گلدهی، ۶۶/۰۳ درصد فامیل‌ها حد واسط میانگین دو والد و حدود ۷/۵۴ درصد از آنها هم میانگین بیشتر از ژنوتیپ والد CAN1066 داشتند که نشان‌دهنده دوره رشد طولانی‌تر می‌باشد و ۲۶/۴۳ درصد فامیل‌ها میانگینی کمتر از ژنوتیپ KO37 داشتند (شکل ۱). وجود تنوع ژنتیکی از نظر تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی در ژنوتیپ‌های بزرگ در مطالعات پال و همکاران (۱۱) با میانگین ۹۳/۲۳ روز و دامنه تغییرات ۸۸ تا ۹۸ روز و ردی و همکاران (۱۲) با میانگین ۷۶/۸ روز و در دامنه ۶۳/۵ تا ۸۹ روز گزارش شده است.

از نظر تعداد روز تا رسیدگی میانگین این صفت در فامیل‌ها از ۹۱/۰۸ تا ۱۰۹/۷۱ روز متغیر بود. همچنین میانگین این صفت در ژنوتیپ والدی KO37 برابر با ۹۳/۷۵ روز و در والد CAN1066 برابر با ۱۰۴/۲۵ روز بود (شکل ۱). در بین فامیل‌ها ۸۳/۹۶ درصد دارای میانگین حد واسط دو والد بودند و ۱/۸۸ درصد زودرس‌تر و دارای میانگین کمتر از والد KO37 بودند و ۱۴/۱۵ درصد هم میانگین بیشتر از ژنوتیپ CAN1066 را نشان دادند (شکل ۱). وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های بزرگ برای این صفت در مطالعات پال و همکاران (۱۱) با میانگین تعداد روز تا رسیدگی ۱۳۸/۲ روز و دامنه تغییرات ۱۲۵/۶۷ تا ۱۵۶/۳۲ روز گزارش شده است.

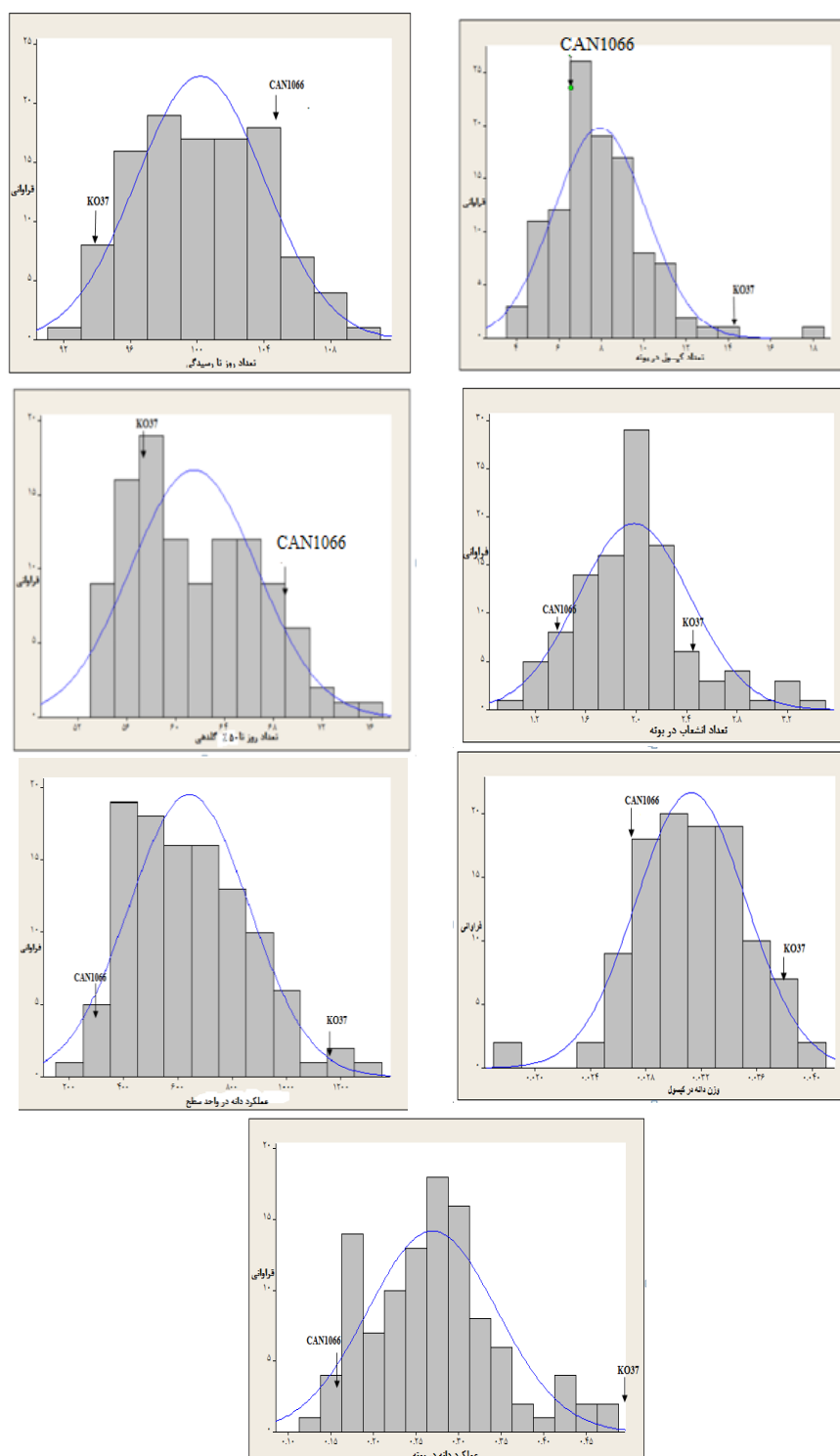
دو والد KO37 و CAN1066 به ترتیب دارای میانگین ۲/۴۶ و ۱/۳۲ انشعاب در بوته بودند و میانگین این صفت در لاین‌های حاصل از تلاقی آنها در دامنه ۱ تا ۳/۴۷ انشعاب در بوته متغیر بود و حدود ۸۸/۶۸ درصد از این لاین‌ها (فامیل  $F_5$ ) تعداد انشعاب در حد واسط میانگین دو والد و ۴/۷۱ درصد میانگین کمتر از CAN1066 و ۶/۶۱ درصد میانگین بیشتر از والد KO37 را دارا بودند (شکل ۱). وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفت تعداد انشعاب در بوته بیانگر پتانسیل ژنتیکی بالا از نظر این صفت جهت به کارگیری در برنامه‌های اصلاحی به منظور تولید ژنوتیپ‌هایی برتر از نظر این صفت می‌باشد.

دامنه تغییرات تعداد کپسول در بوته در میانگین لاین‌های  $F_6$  از ۴/۵۰ تا ۱۸/۶۰ کپسول در بوته متغیر بود. در این راستا میانگین تعداد کپسول در بوته در بین والدین نیز اختلاف معنی‌داری نشان داد به گونه‌ای که والد KO37 دارای میانگین ۱۴/۳۵ و والد CAN1066 دارای میانگین ۶/۵۰ کپسول در بوته بود. ۱/۴ درصد از لاین‌ها دارای تعداد کپسول در بوته بیشتر از

والد KO37 بودند و در این صفت ۷۱/۵۳ درصد از لاین‌ها هم میانگین حد واسط والدین را دارا بودند و ۲۸/۰۷ درصد از لاین‌های دارای میانگین تعداد کپسول در بوته کمتر از CAN1066 بودند (شکل ۱). پولادساز (۱۳) در بررسی تنوع ژنتیکی صفات مختلف در لاین‌های حاصل از توده‌های بومی برای صفت تعداد کپسول در بوته تنوع بالایی در بین توده‌ها گزارش کرد. به طوری که تعداد کپسول در بوته آنها بین ۸/۹ (مربوط به سمیرم) تا ۴۸/۵ (مربوط به اهواز) تغییرات داشت.

میانگین وزن دانه در کپسول در والد‌های KO37 و CAN1066 به ترتیب برابر با ۰/۰۳۹ و ۰/۰۲۷ گرم بود (شکل ۲). میزان این صفت در لاین‌های حاصل از تلاقی بین ۰/۰۱۷ و ۰/۰۳۸ گرم متغیر بود که حاکی از تنوع بالا بین لاین‌ها از نظر صفت وزن دانه در کپسول بود. میانگین حدود ۹۰/۵۰ درصد لاین‌های مورد مطالعه از نظر وزن دانه در کپسول بینابین مقادیر این صفت در والدین قرار داشتند و ۹/۴۶ درصد از آنها هم دارای میانگین کمتر از والدین CAN1066 بودند و هیچ کدام از لاین‌ها هم میانگینی بیشتر از والد KO37 را نشان ندادند (شکل ۱).

عملکرد دانه در بزرگ از مهم‌ترین صفات زراعی و اقتصادی گیاه است و یکی از اهداف اصلی آزمایش‌های به زراعی و به نژادی مربوط به این گیاه افزایش عملکرد دانه است. میانگین این صفت در لاین‌ها از ۰/۱۲۶ تا ۰/۴۸۰ گرم در بوته متغیر بود. دو والد KO37 و CAN106 برای این صفت به ترتیب دارای عملکرد برابر با ۰/۴۹۰ و ۰/۱۵۸ گرم در بوته بودند (جدول ۲). همچنین میانگین این صفت در فامیل‌های مورد بررسی نیز از ۰/۰۴۷ تا ۱/۴۴ گرم در بوته متغیر بود در این صفت هیچ کدام از فامیل‌ها دارای میانگینی بیشتر از والد KO37 نبودند ولی ۵/۵۷ درصد از میانگین لاین‌ها دارای میانگین کمتر از والد CAN1066 بودند و ۹۴/۴۳ درصد از این میانگین‌ها بینابین میانگین دو والد بود (شکل ۱). در پژوهش دیگری در گیاه بزرگ، متوسط عملکرد دانه در بوته برابر با ۶/۷ گرم و با دامنه تغییرات ۴/۶ تا ۷/۸ گرم در بوته گزارش گردیده است (۴). همچنین در یک مطالعه خندان و همکاران (۷) در گیاه بزرگ متوسط عملکرد دانه در بوته را برابر با ۱/۹ و میزان تغییرات آن را بین ۰/۱۳ تا ۹/۸۱ گرم گزارش کردند. وجود تنوع ژنتیکی در صفت عملکرد دانه در واحد سطح برای دو والد KO37 و CAN1066 به ترتیب برابر با ۱۱۵۱ و ۳۱۶/۲۴ کیلوگرم در هکتار بود (شکل ۱). میانگین لاین‌ها نیز در دامنه ۱۹۹/۸ تا ۱۲۵۶ کیلوگرم در هکتار قرار داشت و ۱/۸۸ درصد لاین‌ها میانگین بیشتر از والد KO37 و ۲/۸۴ درصد میانگین کمتر از والد CAN1066 بود. و ۹۵/۲۸ درصد از لاین‌ها هم برای این صفت، حدواسط والدین بودند.



شکل ۱- فراوانی لاین‌های اصلاحی حاصل از تلاقی  $KO37 \times CAN1066$  از نظر تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد انشعاب در بوته، تعداد کیسول در بوته، وزن دانه در کیسول، عملکرد دانه در بوته و عملکرد دانه در واحد سطح  
 Figure 1. The frequency distribution of breeding families derived from  $KO37 \times CAN1066$  cross for, days to 50% flowering, days to maturity, branches/plant and capsules/plant, seed weight/capsule, seed yield/ plant and seed yield / unit area

به‌طور کلی نتایج این مطالعه نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی از نظر صفات زراعی و اقتصادی در بین لاین‌های حاصل از تلاقی مورد بررسی در این تحقیق وجود دارد. لذا بسته به هدف برنامه‌های اصلاحی، جمعیت مورد مطالعه زمینه ژنتیکی مناسبی را جهت انتخاب لاین‌های اصلاحی برتر فراهم می‌کند. تفکیک متجاوز معنی‌دار در جهت مثبت، بیشتر در اجزای عملکرد مانند تعداد انشعاب در بوته و وزن دانه در کپسول دیده می‌شود و از آن می‌توان جهت انتخاب لاین‌های برتر استفاده نمود. وراثت‌پذیری عمومی عملکرد دانه در واحد سطح نسبت به بقیه صفات متوسط بود و انتخاب مستقیم لاین‌هایی با عملکرد دانه بالا نمی‌تواند موثر باشد، اما باتوجه به وراثت‌پذیری بالا و نقش تأثیرگذار برخی از اجزای عملکرد بر عملکرد دانه می‌توان از آنها به‌عنوان شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد دانه استفاده کرد. در کل براساس نتایج حاصل از این آزمایش می‌توان به این نکته اشاره کرد که افزایش عملکرد دانه از طریق انتخاب غیرمستقیم

صفات موثرتر بوده و از پیشرفت ژنتیکی بیشتری برخوردار بوده است که این موضوع را می‌توان به پلی‌ژنیک‌بودن عملکرد دانه نسبت داد. از بین صفات مختلف مورد بررسی، به‌نظر می‌رسد که مهم‌ترین اجزای افزایش‌دهنده عملکرد دانه این مطالعه، صفات تعداد انشعاب در بوته، وزن دانه در کپسول و تعداد کپسول در بوته می‌باشند. تفکیک متجاوز برای صفات زراعی مورد ارزیابی نشان داد که می‌توان از این جمعیت پایه و یا از نسل‌های پیشرفته حاصل از آن، در برنامه‌های اصلاحی آینده نظیر نقشه یابی، شناسایی QTL‌های کنترل‌کننده صفات زراعی و افزایش عملکرد در بزرگ بهره‌برداری نمود و همچنین امکان گزینش لاین‌های دارای بیشترین تعداد انشعاب در بوته، تعداد کپسول در بوته و عملکرد دانه به‌عنوان رقم اصلاح‌شده برای آزمایشات ناحیه‌ای امکان‌پذیر می‌باشد.

## منابع

1. Abbasi, Z., Gh. Saeedi and A. Mirlohi. 2003. Relationship between seed color and linolenic acid from flaxseed yield in Isfahan. Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 7(1): 141-153 (In Persian).
2. Abde Mishani, S. and N. Bushehri. 1998. Advanced plant breeding. Tehran University Press, Iran, 1: 321 pp.
3. Anoorhamidi, Y. 2014. Study the genetic diversity of agronomic traits and yield components in some population linseed (*Linum usitatissimum* L.), M.Sc Thesis, Isfahan university of Technology, Isfahan, Iran, (In Persian).
4. Falconer, D.S. 1980. Introduction to quantitative genetics. Ronald Press, New York, 438 pp.
5. Goyal, S.N., B.M. Asawa, B.S. Tikka and S.N. Jaimini. 1982. Note on factor analysis in linseed. Indian Journal of Agricultural Science, 52(12): 860-867
6. Irannejad, H. and H. Mazinani. 2006. Reviews on planting three varieties of flax in Varamin. Journal of Agricultural Science, 11(4): 112-119 (In Persian).
- 7-Khandan, A. and Gh. Saeedi. 2007. Study on agronomic characteristics, genetic diversity and relationships among traits in lines the local population of flax in Isfahan. Iranian Journal of Agriculture Science, 35: 155-166 (In Persian).
8. Kumar, S., S.A. Kerkhi, L.K. Gangwar, P. Chand and M. Kumar. 2012. Improvement in genetic architecture through study of variability, heritability and genetic advance in Linseed Crop (*Linum usitatissimum* L.). Agriculture Science and Engineering, 2: 58-65.
9. McHughen, A. 1993. Revitalization of ancient crop, exciting new developments in flax breeding. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 62: 1032-1036.
10. Nematallahe, Z. and Gh. Saeedi. 2010. Evaluation of some linseed (*Linum usitatissimum* L.) genotypes for drought tolerance. Journal of Water Research, 25(1): 58-68 (In Persian).
11. Pal, K., S. Kumar, V.K. Dwivedi and B. Kumar. 2012. A study of selection parameters variability, heritability and genetic advance Linseed (*Linum usitatissimum* L.). International Journal of Engineering and Science Research, 2: 707-717.
12. Poehlman, J.M. and D.A. Sleper. 1995. Breeding Field Crops. 4<sup>th</sup> ed. Iowa State University of Minnesota, 494.
13. Pooladsaz, N. 2007. Genetic variation of traits in lines from linseed landraces. M.Sc. Thesis Isfahan university of Technology, Isfahan, Iran, (In Persian).
14. Reddy, M.P., B. Rajasekhar, B.T. Arsul and J. Maheshwari. 2013. Character association and path coefficient studies in Linseed. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 9: 250-255.
15. Rnjzad, M., A. Asadi and M. Khayyami. 2009. Measurement and evaluation of omega-3 and omega-6 fatty acids in flax genus important species. Journal of Medicinal Plants, 32(4): 25-32 (In Persian).
16. Saeedi, Gh. and M. Khodambashi. 2006. Evaluation of agronomic traits of edible oil genotypes of flax in two planting date Shahrkord. Soil and Water Sciences, Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 5(13): 309-321 (In Persian).
17. Taheri, E. 2016. Study the genetic diversity of the components of yield and agronomic traits in some families F3 of linseed (*Linum usitatissimum* L.). M.Sc. Thesis, Isfahan university of Technology, Isfahan, Iran.
18. Walker, A.J. 2001. The effects of soil fertilizer, nitrogen and moisture on yield, oil and protein of flaxseed. Field Crop Research, 932: 101-114.
19. Worku, N., J.S. Heslop-Harrison and W. Adugna. 2015. Diversity in 198 Ethiopian linseed (*Linum usitatissimum* L.) accessions based on morphological characterization and seed oil characteristics. Genetic Resources and Crop Evolution, 62: 1037-1053.



## Evaluation the Genetic Diversity and Transgressive Segregation for Yield and Yield Components of F<sub>6</sub> Linseed (*Linum usitatissimum* L.) Lines Derived from KO37 × CAN1066 Cross

Zahra Hosseinzadeh<sup>1</sup>, Ali Akbar Mohammadi Mirik<sup>2</sup> and Asghar Rahim<sup>3</sup>

1- M.Sc. Student, Department of Genetics and Crop Production, Faculty of Agriculture Vali-e-Asr University, Rafsanjan

2- Assistant Professor, Department of Genetics and Crop Production, Faculty of Agriculture Vali-e-Asr University, Rafsanjan

3- Associate Professor, Department of Genetics and Crop Production, Faculty of Agriculture, Vali-e-Asr University, Rafsanjan

Received: February 14, 2017

Accepted: May 13, 2019

### Abstract

In order to investigate the genetic variation and transgressive segregation of some agronomic traits in F<sub>6</sub> linseed breeding lines derived from KO37 × CAN1066 cross, 824 breeding lines (selected from 106 F<sub>5</sub> lines) evaluated using an augmented design along with five-control genotypes. The highest genotypic coefficient of variation (GCV) were observed for seed weight / capsule (53.39%), whereas, number of days to maturity showed very low GCV (2.71%). Overall, considerable variation was observed for studied traits among breeding lines. The average seed yield per plant of breeding lines was 0.270g with a range of 0.126 to 0.480 g among F<sub>5</sub> families, whereas seed yield /plant in KO37 and CAN1066 parent were 0.490 and 0.158 gr/plant, respectively. The highest broad sense heritability was obtained for number of branches/plant (97.03%) but, seed yield ha<sup>-1</sup> had the lowest value (64.34%). Heritability of seed yield/plant was 83.33%. Number of capsule/plant showed the most positive transgressive segregation (28/08%). Also, considerable positive transgressive segregation was observed for days to 50% flowering (26/43%) and number of branches/plant (6.61%). The genetic gain for seed yield/plant, number of capsules/plant, number of branches/plant was 85.18, 77.99 and 68.10 %, respectively. The range of heterobeltiosis varied from 2.46 to 3.60, from 14.35 to 18.50 and from 0.039 to 0.041 for number of branches/plant, number of capsules /plant and seed yield /plant, respectively. Because of high genetic variation in this population there is the possibility of selecting superior lines for evaluation and production of new varieties.

**Keyword:** Heritability, Linseed, Phenotypic and Genotypic Variation, Transgressive Segregation