دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

ارزیابی برخی ژنوتیپ‌های پاییزه کلزا براساس صفات زراعی و شاخص SIIG

اکبر عبدالهی حصار[۱]، امید سفالیان[۲]، بهرام علیزاده[۳]، علی اصغری[۴] و حسن زالی[۵]

۱- دانشجوی دکترای اصلاح نباتات گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۲- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران (نویسنده مسوول: sofalian@gmail.com)
۳- دانشیار، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۴- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۵- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال وبذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۹/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۳/۲۴
صفحه: ۱۵۱ تا ۱۵۹

چکیده

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی، روابط بین صفات و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از شاخص SIIG، آزمایشی در اراضی کشاورزی شهر تیکمه‌داش از توابع استان آذربایجان‌شرقی در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ انجام شد. در این آزمایش ۲۲ ژنوتیپ کلزای پاییزه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای مطالعه تعدادی از صفات زراعی مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های L963، Okapi و Licord دارای میانگین عملکرد دانه بیشتر بودند. همچنین ژنوتیپ‌های یاد شده از نظر صفات تعداد غلاف در بوته، عملکرد تک‌بوته و عملکرد دارای ضریب تنوع فنوتیپی بالا بودند که نشان‌دهنده تأثیر محیط بر صفات مذکور است. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفاتی مانند تعداد غلاف در بوته، عملکرد تک‌بوته و عملکرد دارای تنوع ژنتیکی بالایی هستند. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات روز تا گل‌دهی، تعداد غلاف در ساقه اصلی و عملکرد بالا و برای صفات تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته پایین بود. در تجزیه به عامل‌ها به روش مولفه‌های اصلی، پنج عامل در مجموع ۶۵/۶۹٪ از کل تغییرات را توجیه نمودند. بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های SW101، L83، HW101 و L963 با مقدار SIIG بیشتر (به‌ترتیب ۰/۷۱۰، ۰/۶۷۲، ۰/۶۵۳ و ۰/۶۵۳) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های Zarfam، Talayeh، L957 و SLM046 با مقدار SIIG کمتر (به‌ترتیب ۰/۱۸۵، ۰/۲۴۳، ۰/۲۷۱ و ۰/۲۷۲) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد مطالعه بودند. ژنوتیپ‌های SW101، L14، Nafis، Okapi و L963 با داشتن مقدار SIIG بالا و هم‌چنین عملکرد بالاتر از متوسط کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایرصفات مورد مطالعه بودند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به عامل‌ها، تنوع ژنتیکی، کلزا، گزینش، وراثت‌پذیری

مقدمه

دانه‌های روغنی پس از غلات دومین منبع انرژی مردم جهان را تشکیل می‌دهند (۱۴). در این میان گیاه کلزا (*Brassica napus* L.) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین گیاهان روغنی در سطح جهان مطرح می‌باشد و کشت و کار آن نیز به‌طور روزافزون استمرار دارد (۷). کلزا که دارای روغن و پروتئین زیادی است در ایران به‌خصوص استان‌های شمالی آن طرفداران زیادی دارد. افزایش عملکرد روغن در کلزا جزء اهداف اصلی اصلاح‌گران در سال‌های متمادی بوده است. برای افزایش عملکرد، مطالعه اثرات مستقیم و غیرمستقیم اجزاء عملکرد در موفقیت یک برنامه اصلاحی حائز اهمیت زیادی است. بنابراین افزایش عملکرد به‌مقدار زیادی به کارآیی انتخاب صفات مرتبط با آن بستگی دارد (۹). آگاهی از تنوع ژنتیکی و سازمان‌دهی منابع ژنتیکی به‌عنوان گام مهم برنامه‌های به‌نژادی تلقی می‌شود. تنوع و گزینش دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی بوده و گزینش در صورتی ممکن است که برای هر صفت مورد مطالعه، تنوع مطلوبی در مواد آزمایشی موجود باشد. به‌طوری‌که تنوع ژنتیکی گیاهی را یکی از اجزاء کلیدی سامانه‌های واقعی تولید کشاورزی در هر اکوسیستم می‌دانند (۲۳). در برنامه‌های به‌نژادی، انتخاب براساس تعداد صفات مورفولوژیکی انجام می‌شود که ممکن است بین آنها همبستگی مثبت و منفی وجود داشته باشد. لذا محققان از تحلیل‌های آماری بدین منظور استفاده می‌کنند و در این خصوص استفاده از همبستگی میان صفات متداول است (۱). استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره این امکان را فراهم می‌سازد تا مهم‌ترین صفات موثر بر عملکرد دانه و نیز عوامل پنهانی که موجب ایجاد همبستگی میان صفات شده‌اند شناسایی شوند. هدف کلی روش‌های آماری چندمتغیره، در نظر گرفتن همزمان تعداد زیادی صفت است که همه آنها در ابتدا برای محقق دارای ارزش یکسان بوده‌اند (۸).

از ضرایب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی برای تعیین وجود یا عدم وجود تنوع استفاده می‌شود. هر چه نسبت تنوع ژنوتیپی به فنوتیپی زیادتر باشد، بازدهی انتخاب بیشتر بوده و راحت‌تر می‌توان ژنوتیپ‌های مطلوب را از نامطلوب تشخیص داد (۲۱). میزان بازدهی انتخاب به‌وسیله قابلیت توارث بیان می‌شود که عامل مهمی در تعیین روش مناسب برای بهبود صفات در برنامه‌های به‌نژادی است که به تأثیر نسبی عوامل ژنتیکی و غیرژنتیکی در بروز تفاوت‌های فنوتیپی آن صفات، بستگی دارد (۴). از طرف دیگر، در تجزیه 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 بر حسب تعداد کمتری شاخص که روی این صفات تأثیر گذارند، استفاده می‌شود (۶). مرادی و همکاران (۱۲،۱۳) در بررسی رابطه عملکرد دانه و صفات وابسته در ژنوتیپ‌های کلزای بهاره با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره مشخص کردند که افزایش عملکرد دانه

عمدتا" در اثر افزایش وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف و کاهش مدت زمان پایان گل‌دهی و ارتفاع بوته می‌باشد. با توجه به نتایج به‌دست آمده می‌توان اظهار داشت که، برای گزینش غیرمستقیم عملکرد دانه کلزا و گزینش ژنوتیپ‌های برتر می‌توان از صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف اقدام نمود. مرادی و همکاران (۱۱) در بررسی ژنوتیپ‌ها مختلف کلزای بهاره ضریب تنوع ژنتیکی بیشتر را برای صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در غلاف و تعداد روز تا رسیدگی و ضریب تنوع فنوتیپی بیشتر را نیز برای همان صفات بدست آوردند و هم‌چنین محققین مذکور در همان آزمایش تجزیه به عامل‌ها را نیز انجام دادند که به دو عامل مهم به‌نام‌های عامل مقصد فیزیولوژیک و عامل رشد رویشی دست یافتند. محمدی و همکاران (۱۰) برای ارزیابی تنوع ژنتیکی لاین‌های دو جمعیت جو تحت شرایط نرمال و تنش خشکی در مرحله گیاهچه‌ای از روش تجزیه‌های چندمتغیره در شرایط گلخانه استفاده کردند. نتایج تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره مانند تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص نشان داد که تنوع زیاد و قابل توجهی در هر دو جمعیت جو وجود داشت، به‌طوری که می‌توان از این جمعیت‌ها به‌کمک نشانگرهای ملکولی در نقشه‌یابی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی مرتبط با تحمل به خشکی در جو بهره برد. سفالیان و همکاران (۲۰) برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف جو بهاره تحت شرایط تنش خشکی از صفات مورفولوژیک و نشانگرهای ISSR استفاده کردند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای این ژنوتیپ ها در چهار خوشه قرار گرفتند که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در این تحقیق بود. روستا باغی و همکاران (۱۸،۱۷) با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره به بررسی تنوع و ارزیابی روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد کلزا پرداختند. نتایج حاصل از تجزیه علیت نشان داد که افزایش عملکرد دانه عمدتاً در اثر افزایش وزن هزار دانه و کاهش مدت زمان پایان گل‌دهی می‌باشد. براساس نتایج به‌دست آمده می‌توان اظهار داشت که در شرایط عادی، برای گزینش غیرمستقیم عملکرد دانه کلزا و گزینش ژنوتیپ‌های برتر می‌توان از وزن هزار دانه نیز اقدام نمود (۳،۲). با توجه به وراثت‌پذیری نسبتاً بالای صفت وزن هزار دانه توصیه می‌شود در برنامه‌های اصلاحی آتی برای تعریف شاخص گزینش به‌منظور افزایش عملکرد دانه کلزا، از این صفت استفاده گردد.

برای انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها، استفاده از یک صفت به تنهایی ممکن است منجر به نتایج مطلوبی نشود، ولی از طریق ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات مختلف، احتمال پیدا کردن ژنوتیپ‌های ایده‌آل افزایش می‌یابد. بنابراین از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)[1] جهت ادغام صفات مختلف استفاده و ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌ها انجام می‌گیرد (۲۵). این شاخص برای اولین بار برای ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی (۲۶) و روش‌های مختلف تجزیه پایداری (۲۵)، برای افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل استفاده شده است. از روش SIIG می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ و تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده نمود. از ویژگی‌های روش SIIG این است که برای محاسبه آن، می‌توان از تمام صفات اعم از مورفولوژیک و فیزیولوژیک استفاده نمود و هیچ محدودیتی وجود ندارد. از آن‌جایی‌که ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک شاخص یا صفتی ژنوتیپ برتر باشد و در نهایت با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، انتخاب ژنوتیپ مناسب برای محقق دشوار شود، ولی به‌کمک روش SIIG تمام شاخص‌ها و صفات به‌صورت یک شاخص درآمده، رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر بسیار راحت‌تر می‌شود. از جمله مزیت‌های این روش آن است که معیارها یا صفات به‌کار رفته برای مقایسه می‌توانند دارای واحدهای سنجش متفاوتی بوده و طبیعت منفی و مثبت داشته باشند (۲۶،۲۵).

با توجه به ضرورت توجه به پتانسیل بالای موجود در ژرم‌پلاسم گیاهی و ضرورت ارزیابی ذخایر ژنتیک گیاهی به‌منظور به‌کارگیری پتانسیل این مواد در برنامه‌های اصلاحی و افزایش تولید گیاهان زراعی از جمله کلزا، این تحقیق به‌منظور بررسی ارتباط بین صفات زراعی و اثر آن بر عملکرد و اهمیت صفات مورفولوژیک در شناسایی ژنوتیپ‌ها و بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و انتخاب برترین ژنوتیپ‌ها براساس شاخص SIIG انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش تعداد ۲۲ ژنوتیپ کلزای پاییزه از بخش دانه‌های روغنی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه گردید که اسامی و مشخصات آن‌ها در جدول ۱ نشان داده شده است (ژنوتیپ‌های انتخابی شامل تعدادی از لاین‌های امیدبخش و ارقام آزاد گرده‌افشان کلزا بود). آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۹۷- ۱۳۹۶ در اراضی کشاورزی شهر تیکمه داش از توابع استان آذربایجان شرقی با ارتفاع ۱۸۵۳ متر از سطح دریا و طول و عرض جغرافیایی به‌ترتیب ۳۷ درجه و ۴۳ دقیقه شمالی و ۴۶ درجه و ۵۸ دقیقه شرقی، میانگین بارش سالانه ۲۷۰ میلی‌متر، حداکثر دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد بالای صفر و حداقل دمای ۳۵ درجه سانتی‌گراد زیر صفر اجرا شد (براساس آمار و اطلاعات مرکز هواشناسی شهرستان بستان‌آباد). عملیات تهیه زمین شامل شخم و دیسک، در پاییز اجرا گردید. هنگام تهیه زمین براساس آزمون خاک ۲۰ کیلوگرم کود سوپر فسفات و مقدار ۳۰ کیلوگرم کود اوره در دو نوبت به خاک اضافه گردید. فاصله بلوک‌ها از یکدیگر ۳ متر و فاصله کرت‌ها ۹۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. هر کرت شامل چهار خط چهارمتری با فاصله ۳۰ سانتی‌متر بود. پس از حذف اثرات حاشیه‌ای از ابتدا، انتها و کنار هر کرت از دو ردیف میانی هر کرت تعداد پنج بوته به‌طور تصادفی انتخاب و صفات مورد نظر اندازه‌گیری شد. صفات مورد بررسی شامل درصد زنده‌مانی، تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در ساقه

1- Selection index of ideal genotype

اصلی، تعداد غلاف در بوته، طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، عملکرد تک‌بوته و وزن هزاردانه بود. عملکرد دانه در هکتار پس از برداشت محصول کرت‌ها محاسبه گردید.

تجزیه و تحلیل‌های آماری شامل تجزیه واریانس، مقایسه میانگین‌ها به‌روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن، تعیین همبستگی بین صفات، تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش تابع تشخیص و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش SIIG و با بهره‌گیری از نرم‌افزار SPSS و Excel انجام شد.

به‌منظور ادغام صفات مختلف مورد مطالعه از روش SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل است:

تشکیل ماتریس داده‌ها

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و تعداد صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت زیر تشکیل شد.

(۱)
$$D=\begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & & x_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار شاخص (صفت) iام ($i = 1, 2, \ldots n$) در رابطه با ژنوتیپ jام ($j = 1, 2, \ldots m$) می‌باشد.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال

از رابطه ذیل برای نرمال‌کردن داده‌ها استفاده شد:

(۲)
$$r_{ij}=\frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n} x_{ij}^2}}$$

ماتریس R به‌صورت زیر تشکیل شد:

(۳)
$$R=\begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \cdots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & & r_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \cdots & r_{nm} \end{bmatrix}$$

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف)

در این مرحله برای هر شاخص یا صفت به‌طور جداگانه، بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب شد.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر شاخص، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (di^-) به‌ترتیب از روابط زیر محاسبه شد:

(۴)
$$d_i^+=\sqrt{\sum_{j=1}^{m}\left(r_{ij}-r_j^+\right)^2} \qquad i=1, \ldots, n$$

در روابط فوق i از ۱ تا n) در رابطه با ژ

r_i^-به‌ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر صفت iام ($i = 1, 2, \ldots n$) است. هم‌چنین d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ ضعیف می‌باشد.

محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

در آخرین مرحله شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه شد:

(۶)
$$SIIG=\frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \qquad i=1, 2\ldots, m, \ 0\le SIIG\le 1$$

مقدار SIIG بین صفر و یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در بهترین حالت باشد. درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در شرایط مطلوب نباشد (۲۶،۲۵). به‌طور خلاصه، ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از صفات به‌دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از صفات حاصل می‌گردد. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، به‌عنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس، بیشترین و کمترین مقدار صفات، واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی صفات، ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی در جدول ۲ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که واریانس بیشتر صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار بود. ضریب تغییرات فنوتیپی بالا مربوط به تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در بوته، عملکرد تک‌بوته و عملکرد دانه در هکتار بود که نشان‌دهنده تأثیر محیط بر صفات مذکور است و ضریب تغییرات ژنتیکی بالا نیز مربوط به تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در بوته، عملکرد تک‌بوته و عملکرد دانه در هکتار بود. لذا می‌توان نتیجه گرفت که از طریق اصلاح دو صفت اخیر می‌توان نسبت به افزایش عملکرد اقدام نمود. اندازه ضریب تغییرات فنوتیپی برای همه صفات بیشتر از ضرایب تغییرات ژنتیکی بود که می‌توان علت آنرا به تأثیر محیط بر بیان صفات نسبت داد (جدول ۲).

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌ها و لاین‌های امیدبخش کلزا

Table1.Charaectristics of cultivars and promising lines in canola

ردیف	ژنوتیپ	نوع ژنوتیپ	منشاء	ردیف	ژنوتیپ	نوع ژنوتیپ	منشاء
۱	SLM046	آزاد گرده افشان	آلمان	۱۲	L1009	لاین	ایران
۲	Opera	آزاد گرده افشان	سوئد	۱۳	Zarfam	آزاد گرده افشان	ایران
۳	L963	لاین	ایران	۱۴	Nafis	آزاد گرده افشان	ایران
۴	Okapi	آزاد گرده افشان	فرانسه	۱۵	HW101	لاین	ایران
۵	L62	لاین	ایران	۱۶	Licord	آزاد گرده افشان	ایران
۶	Nima	آزاد گرده افشان	ایران	۱۷	KS7	لاین	ایران
۷	KH4	لاین	ایران	۱۸	L14	لاین	ایران
۸	Talayeh	آزاد گرده افشان	ایران	۱۹	SW101	لاین	ایران
۹	L957	لاین	ایران	۲۰	L1008	لاین	ایران
۱۰	Ahmadi	آزاد گرده افشان	ایران	۲۱	L83	لاین	ایران
۱۱	KR18	لاین	ایران	۲۲	L120	لاین	ایران

در صفاتی مانند تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا غلاف‌دهی، عملکرد تک‌بوته، عملکرد دانه تفاوت جزئی بین ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی وجود داشت که نشان‌دهنده نقش بیشتر ژنوتیپ‌ها و تأثیر کمتر محیط بر این صفات بود. صفت تعداد غلاف در ساقه اصلی دارای بیشترین وراثت‌پذیری بود. وراثت‌پذیری پایین برای برخی صفات مانند تعداد روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته را می‌توان به بزرگ بودن واریانس فنوتیپی آنها نسبت داد که بخش اعظم آن واریانس محیطی بوده است (جدول ۲).

نتایج مقایسه میانگین صفات به‌روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال ۰/۰۵ در جدول ۳ نشان داده شده است. دامنه اختلاف زیاد بین بیشترین و کمترین میزان صفات در ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان دهنده تنوع زیاد بین ژنوتیپ‌ها است. به‌عنوان مثال در مورد صفت میزان عملکرد کمترین مقدار مربوط به لاین ژنوتیپ L120 با میانگین عملکرد ۷۰۰ کیلوگرم در هکتار و بیشترین مقدار مربوط به لاین L963 با میانگین عملکرد ۶۵۳۰ کیلوگرم در هکتار بود.

ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج نشان داد که عملکرد بیشترین همبستگی مثبت را با تعداد شاخه‌های فرعی و عملکرد تک بوته داشت بنابراین هر یک از ژنوتیپ‌ها که دارای شاخه‌های فرعی و عملکرد تک‌بوته بیشتری باشد عملکرد بیشتری نیز خواهند داشت. همبستگی منفی بین عملکرد و صفات تعداد روز تا ساقه‌دهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی حکایت از این دارد که هر چه مراحل نموی زودتر و به‌موقع آغاز یا تکمیل گردد به‌عبارتی مقدار دو صفت مذکور از نظر عددی کاهش یابد عملکرد افزایش خواهد یافت.

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس کمترین و بیشترین، انحراف استاندارد، اجزای واریانس، ضرایب تنوع و وراثت‌پذیری صفات مختلف

Table 2. Results of variance analysis, minimum, maximum, standard deviation, variance component, coefficients of variation and heritability of different traits

صفات	حداکثر (max)	حداقل (min)	دامنه (D)	میانگین (M)	انحراف استاندارد (Sd)	واریانس (Var)	واریانس ژنتیکی (GV)	واریانس محیطی (EV)	واریانس فنوتیپی (PV)	وراثت پذیری (h^2)	ضریب تنوع فنوتیپی (CVP)	ضریب تنوع ژنتیکی (CVG)
DF	۲۱۶	۲۰۷	۹	۲۱۱	۲/۵۲	۱۵/۷۰**	۴/۶۴	۱/۷۸	۶/۴۲	۰/۷۲	۱/۲۰	۱/۰۲
DST	۲۲۲	۲۰۹	۱۳	۲۱۳	۲/۶۴	۱۳/۷۹**	۳۰۳۴	۳/۷۶	۷/۱۱	۰/۴۷	۱/۲۵	۰/۸۶
DPO	۲۳۴	۲۲۵	۹	۲۲۹	۲/۲۷	۶/۳^{ns}	۰/۶۹	۴/۲۱	۴/۹۱	۰/۱۴	۰/۹۷	۰/۳۶
DRI	۳۰۵	۲۹۸	۷	۳۰۲	۱/۹۷	۳/۴^{ns}	۰/۰۶	۳/۶۰	۳/۵۴	۰/۰۲	۰/۶۲	۰/۴۳
H	۱/۸۵	۱/۱۹	۰/۶۶	۱/۵۳	۰/۱۳	۰/۰۱۷^{ns}	۰/۰۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۱۰	۷/۷۸	۲/۴۷
DIMS	۲/۰۷	۱/۰۶	۱/۰۱	۱/۴۲	۰/۱۸	۰/۰۴۹*	۰/۰۰۹	۰/۰۲	۰/۰۳	۰/۲۷	۱۲/۴۵	۶/۵۲
NB	۱۰	۳/۲	۶/۸	۵/۵۷	۱/۴۸	۵/۱۹**	۱/۴۷	۰/۷۷	۲/۲۵	۰/۶۶	۲۶/۸۹	۲۱/۷۹
NPMS	۵۶/۲	۱۹/۲	۳۷	۴۰/۲	۷/۷۱	۱۵۰/۲**	۴۵/۱۴	۱۴/۷۷	۵۹/۹۲	۰/۷۵	۱۹/۲۸	۱۶/۷۳
NPP	۴۴۲	۴۵/۲	۳۹۶/۸	۱۶۱	۶۵/۵۳	۷۸۰۹**	۱۷۵۱	۲۵۵۵	۴۳۰۶	۰/۴۱	۴۰/۷۴	۲۵/۹۸
LP	۶/۹۱	۴/۹۹	۱/۹۲	۵/۷۶	۰/۴۳	۰/۳۹**	۰/۱۰۲	۰/۰۸	۰/۱۹	۰/۵۵	۷/۵۰	۵/۵۶
NSP	۳۰	۱۵/۶۰	۱۴/۴۰	۲۳/۸۶	۳/۱۳	۲۱**	۵/۶۳	۴/۱۰	۹/۷۴	۰/۵۸	۱۳/۰۸	۹/۹۵
TSW	۵/۱۵	۳/۲۲	۱/۹۳	۳/۹۵	۰/۴۱	۰/۲۷۳*	۰/۰۴۸	۰/۱۲۸	۰/۱۸	۰/۲۷	۱۰/۶۳	۵/۵۶
YSP	۳۰/۴۲	۳/۲۹	۲۷/۱۳	۱۴/۰۹	۵/۹۹	۸۲/۲۹**	۲۲/۷۸	۱۳/۹۲	۳۶/۷۱	۰/۶۲	۴۲/۹۹	۳۷/۸۷
Yield	۶۹۶۶	۵۶۳	۶۴۰۳	۲۵۴۷	۱۴۴۰	۵۱۹۷۱۳۵**	۱۵۳۱۹۳۳	۶۰۱۳۳۷	۲۱۳۳۲۷۰	۰/۷۲	۷۵/۳۵	۴۸/۵۹

DF: تعداد روز تا گل‌دهی؛DST: تعداد روز تا ساقه‌دهی؛ DPO: تعداد روز تا غلاف‌دهی؛ DRI: تعداد روز تا رسیدگی؛ H: ارتفاع بوته؛ DIMS: قطر ساقه اصلی؛ NB: تعداد شاخه‌های فرعی؛NPMS: تعداد غلاف در ساقه اصلی؛ NPP: تعداد غلاف در بوته؛ LP: طول غلاف؛ NSP: تعداد دانه در غلاف؛ TSW: وزن هزار دانه؛ YSP: عملکرد تک‌بوته؛ Yield: عملکرد در هکتار

*، ** و ns: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیر معنی‌دار

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات با استفاده از روش دانکن در ۲۲ ژنوتیپ کلزا

Table 3. Mean comparison of traits by Duncan method in 22 rapeseed genotypes

ژنوتیپ‌ها	صفات													
	Yield	YSP	TSW	NSP	LP	NPP	NPMS	NB	DIMS	H	DRI	DPO	DST	DF
SLM046	۲۵۷۰^{c}	۱۱^{e}	۳/۹۷^{a}	۲۴/۴۸^{c}	۵/۸۱^{b}	۹۴^{e}	۴۰/۹^{cd}	۴/۶۰^{f}	۱/۲۶^{c}	۱/۴۶^{ab}	۳۰۱^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۳^{bc}	۲۱۰^{ef}
Opera	۲۱۷۳^{c}	۱۴/۲^{c}	۴/۶۲^{a}	۲۴/۰۸^{c}	۶/۵۰^{a}	۱۴۰^{c}	۳۸/۳^{e}	۷/۴۰^{b}	۱/۴۱^{b}	۱/۴۹^{a}	۳۰۱^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۶^{a}	۲۱۳^{ab}
L963	۶۵۳۰^{a}	۲۱/۱^{a}	۴/۱۳^{a}	۲۴/۳۳^{c}	۵/۶۶^{cd}	۲۲۲^{a}	۴۰/۳^{e}	۷/۰۷^{b}	۱/۴۹^{a}	۱/۴۹^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۷^{b}	۲۱۱^{c}	۲۰۹^{gh}
Okapi	۴۱۰۵^{b}	۱۶/۹^{b}	۴/۰۰^{a}	۲۵/۰۰^{b}	۵/۷۶^{c}	۱۵۸^{b}	۴۱/۸^{c}	۵/۱۰^{e}	۱/۵۷^{a}	۱/۴۶^{ab}	۳۰۱^{a}	۲۲۸^{ab}	۲۱۵^{a}	۲۱۴^{a}
L62	۱۱۵۷^{h}	۱۵/۹^{c}	۴/۳۶^{a}	۱۸/۷۹^{h}	۵/۱۷^{h}	۲۲۵^{a}	۳۵/۸^{f}	۴/۶۰^{f}	۱/۴۸^{a}	۱/۵۰^{a}	۳۰۲^{a}	۲۳۰^{a}	۲۱۷^{a}	۲۱۵^{a}
Nima	۲۱۹۱^{de}	۷/۷^{f}	۳/۶۵^{bc}	۲۰/۹۸^{f}	۵/۱۱^{h}	۱۶۹^{b}	۳۸/۶^{e}	۵/۲۰^{e}	۱/۲۶^{c}	۱/۴۹^{a}	۳۰۲^{a}	۲۳۲^{a}	۲۱۷^{a}	۲۱۳^{ab}
KH4	۱۳۳۱^{h}	۱۰/۸^{e}	۴/۲۶^{a}	۲۱/۱۷^{e}	۵/۲۷^{gh}	۱۴۲^{c}	۳۵/۷^{g}	۴/۴۰^{f}	۱/۴۴^{ab}	۱/۴۷^{a}	۳۰۱^{a}	۲۲۸^{ab}	۲۱۱^{c}	۲۰۸^{h}
Talayeh	۳۵۵۳^{b}	۱۰/۸^{e}	۳/۹۸^{a}	۱۹/۸۸^{g}	۵/۴۲^{f}	۱۱۹^{d}	۳۴/۰^{g}	۵/۰۷^{e}	۱/۲۵^{c}	۱/۵۴^{a}	۳۰۲^{a}	۲۳۱^{a}	۲۱۵^{a}	۲۱۰^{ef}
L957	۲۲۶۰^{cd}	۹/۸^{e}	۳/۸۹^{b}	۲۶/۰۰^{b}	۵/۸۷^{b}	۱۲۶^{cd}	۳۶/۳^{f}	۴/۶۰^{f}	۱/۵۳^{a}	۱/۵۱^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۸^{ab}	۲۱۱^{c}	۲۰۹^{gh}
Ahmadi	۳۷۴۰^{b}	۱۱/۲^{e}	۳/۹۴^{a}	۲۸/۵۰^{a}	۵/۵۱^{f}	۱۰۶^{e}	۳۸/۵^{e}	۵/۴۰^{de}	۱/۲۶^{c}	۱/۵۹^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۵^{a}	۲۱۲^{b}
KR18	۱۵۳۱^{fg}	۱۳/۴^{de}	۳/۸۸^{b}	۲۵/۳۰^{b}	۵/۶۲^{d}	۱۱۶^{e}	۲۲/۲^{i}	۹/۴۰^{a}	۱/۴۴^{ab}	۱/۴۱^{b}	۳۰۰^{ab}	۲۲۶^{d}	۲۱۲^{bc}	۲۰۹^{gh}
L1009	۱۰۸۲^{hi}	۵/۹^{g}	۳/۳۵^{e}	۲۰/۸۰^{f}	۵/۴۴^{f}	۱۶۶^{b}	۴۷/۸^{b}	۴/۳۰^{fg}	۱/۳۱^{bc}	۱/۴۹^{a}	۳۰۰^{ab}	۲۲۹^{a}	۲۱۳^{bc}	۲۱۳^{b}
Zarfam	۱۵۳۷^{f}	۹/۶^{e}	۳/۹۲^{b}	۲۱/۳۵^{f}	۵/۵۷^{e}	۷۷^{e}	۳۳/۶^{gh}	۳/۸۰^{g}	۱/۵۳^{a}	۱/۴۹^{a}	۳۰۰^{ab}	۲۲۶^{d}	۲۱۱^{c}	۲۰۸^{h}
Nafis	۲۵۴۱^{c}	۲۶/۳^{a}	۳/۵۲^{de}	۲۵/۱۸^{b}	۵/۸۴^{b}	۱۵۷^{b}	۴۰/۹^{cd}	۴/۷۰^{ef}	۱/۴۴^{ab}	۱/۵۷^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۵^{a}	۲۱۴^{a}
HW101	۱۹۴۶^{ef}	۱۶/۸^{b}	۳/۶۹^{b}	۲۹/۵۷^{a}	۶/۳۳^{a}	۲۸۴^{a}	۴۵/۳^{c}	۶/۴۰^{bc}	۱/۵۰^{a}	۱/۶۵^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۸^{ab}	۲۱۶^{a}	۲۱۴^{a}
Licord	۴۰۳۸^{b}	۹/۷^{e}	۳/۶۱^{c}	۲۴/۷۴^{b}	۵/۹۱^{b}	۱۵۵^{b}	۵۳/۳^{a}	۵/۰۷^{c}	۱/۴۴^{ab}	۱/۶۶^{a}	۳۰۴^{a}	۲۳۰^{a}	۲۱۴^{a}	۲۱۵^{a}
KS7	۲۹۶۶^{e}	۱۰/۸^{e}	۳/۷۷^{b}	۲۲/۹۵^{f}	۵/۸۷^{b}	۱۶۶^{b}	۳۲/۶^{h}	۵/۵۳^{cd}	۱/۳۸^{b}	۱/۵۴^{a}	۳۰۱^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۱^{c}	۲۰۹^{gh}
L14	۳۳۱۷^{b}	۱۸/۶^{b}	۳/۷۹^{b}	۲۳/۹۱^{c}	۶/۱۹^{a}	۱۵۴^{b}	۴۰/۹^{cd}	۷/۱۰^{b}	۱/۳۷^{b}	۱/۴۹^{a}	۳۰۲^{a}	۲۳۰^{a}	۲۱۲^{bc}	۲۱۳^{ab}
SW101	۲۸۱۹^{b}	۲۰^{a}	۴/۱۹^{a}	۲۵/۶۱^{b}	۶/۰۹^{ab}	۲۴۹^{a}	۴۷/۳^{bc}	۷/۰۰^{b}	۱/۵۹^{a}	۱/۶۴^{a}	۳۰۲^{a}	۲۲۸^{ab}	۲۱۴^{a}	۲۱۲^{b}
L1008	۱۷۰۹^{f}	۱۱^{e}	۳/۸۲^{b}	۲۲/۳۸^{c}	۵/۷۷^{c}	۱۴۰^{c}	۴۲/۷^{c}	۵/۱۰^{e}	۱/۲۵^{c}	۱/۶۳^{a}	۳۰۱^{a}	۲۲۷^{b}	۲۱۱^{c}	۲۱۰^{ef}
L83	۲۰۳۹^{e}	۲۳^{a}	۴/۱۴^{a}	۲۴/۴۸^{c}	۵/۸۰^{b}	۲۱۶^{a}	۵۴/۵^{a}	۵/۷۰^{c}	۱/۷۳^{a}	۱/۶۷^{a}	۳۰۳^{a}	۲۲۹^{a}	۲۱۳^{a}	۲۱۱^{d}
L120	۷۰۰^{i}	۱۵/۵^{c}	۴/۳۵^{a}	۲۵/۴۵^{b}	۶/۱۵^{a}	۱۶۲^{b}	۴۲/۱^{c}	۵/۱۰^{e}	۱/۵۱^{a}	۱/۴۹^{a}	۳۰۳^{a}	۲۳۰^{a}	۲۱۵^{a}	۲۱۲^{b}

جدول ۴- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در ۲۲ ژنوتیپ کلزا

Table 4. Correlation coefficients between studied traits of 22 rapeseed genotypes

	DF	DST	DPO	DRI	H	DIMS	NB	NPMS	NPP	LP	NSP	TSW	YSP	Yield
DF														
DST	۰/۶۲۲**													
DPO	۰/۳۳۹**	۰/۳۷۴**												
DRI	۰/۲۵۰*	۰/۲۵۷*	−۰/۰۱۵											
H	۰/۰۶۹	−۰/۰۵۴	−۰/۴۱	۰/۲۲۲										
DIMS	۰/۱۷۷	۰/۰۵۹	−۰/۱۷۸	۰/۲۴۶*	−۰/۳۵۰**									
NB	۰/۰۰۱	۰/۰۳۳	۰/۰۱۳	۰/۰۵۷	۰/۰۹۷	۰/۴۰۳**								
NPMS	۰/۳۶۰**	۰/۰۴۳	−۰/۲۳۹	۰/۳۰۰*	۰/۴۵۰**	۰/۲۱۳	−۰/۱۴۱							
NPP	۰/۳۰۷*	۰/۰۹۶	−۰/۲۱۵	۰/۳۰۸*	۰/۲۲۲	۰/۳۹۸**	۰/۲۵۱*	۰/۳۹۶**						
LP	۰/۱۳۶	−۰/۰۵۶	−۰/۲۶۷*	۰/۰۰۱	۰/۲۳۱	۰/۱۷۸	۰/۳۰۰*	۰/۲۲۷	۰/۲۰۸					
NSP	۰/۱۶۴	−۰/۰۴۷	−۰/۱۲۹	۰/۱۶۵	۰/۱۹۴	۰/۲۵۴*	۰/۲۳۶	۰/۲۲۲	۰/۱۷۶	۰/۵۹۸**				
TSW	−۰/۰۸۲	۰/۲۰۰	−۰/۰۶۹	۰/۲۱۹	−۰/۱۳۸	۰/۱۷۰	۰/۲۵۵*	−۰/۰۵۲	۰/۱۱۹	۰/۱۰۵	−۰/۰۹۸			
YSP	۰/۲۱۲	۰/۱۴۶	−۰/۱۹۰	۰/۲۵۰*	۰/۱۹۱	۰/۵۳۳**	۰/۳۲۱*	۰/۲۸۱*	۰/۴۱۴**	۰/۳۲۸**	۰/۲۸۶*	۰/۱۷۵		
Yield	۰/۰۰۳	−۰/۰۸۷	−۰/۲۸۱	۰/۱۵۵	۰/۱۶۶	۰/۱۳۵	۰/۲۵۳*	۰/۱۳۷	۰/۲۰۰	۰/۱۵۳	۰/۱۸۷	۰/۰۲۱	۰/۳۰۴*	

DF: تعداد روز تا گل‌دهی؛DST : تعداد روز تا ساقه‌دهی؛ DPO: تعداد روز تا غلاف‌دهی؛ DRI: تعداد روز تا رسیدگی؛ H: ارتفاع بوته؛ DIMS: قطر ساقه اصلی؛ NB: تعداد شاخه‌های فرعی؛NPMS : تعداد غلاف در ساقه اصلی؛ NPP: تعداد غلاف در بوته؛ LP : طول غلاف؛ NSP: تعداد دانه در غلاف؛ TSW : وزن هزار دانه؛ YSP: عملکرد تک‌بوته؛ Yield: عملکرد در هکتار

*، ** و ns: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و غیر معنی‌دار

از تجزیه به عامل‌ها به‌منظور شناسایی روابط موجود بین صفات و گروه‌بندی آنها بر اساس این روابط استفاده می‌شود (۱۹) در این تحقیق تجزیه به عامل‌ها به‌روش مولفه‌های اصلی انجام گرفت. به‌منظور توجیه بهتر، عامل‌ها به‌روش وریماکس (۵) دوران داده شدند که در نهایت با توجه به توجیه منطقی عامل‌ها تعداد ۵ عامل استخراج و مورد تفسیر قرار گرفت. در جدول ۵ نتایج تجزیه به عامل‌ها شامل بردار بار عامل‌های دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر عامل و نسبت تجمعی واریانس توجیه‌شده، نشان داده شده است. ۵ عامل انتخاب شده در مجموع ۶۵/۶۹ درصد از تغییرات کل را توجیه نمود. در عامل اول که ۱۵/۶۷ درصد از تغییرات را توجیه نمود صفاتی مانند تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد غلاف در ساقه اصلی و تعداد غلاف در بوته دارای بار عامل‌های بزرگ و مثبت بودند و به‌همین دلیل به‌نام عامل مورفولوژیکی نام‌گذاری گردید. عامل دوم ۱۴/۹۱ درصد از تغییرات را توجیه نمود صفات قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه‌های فرعی، وزن هزاردانه و عملکرد تک‌بوته دارای بار عامل‌های بزرگ و مثبت بودند لذا عامل دوم به‌نام عامل عملکرد بوته نام گرفت. عامل سوم ۱۴/۵۳ درصد از تغییرات را توجیه نمود و صفات تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا ساقه‌دهی، و تعداد روز تا غلاف‌دهی دارای بار عامل‌های بزرگ بود و به‌نام عامل فنولوژیکی نام گرفت. در عامل چهارم که ۱۲/۸۶ درصد تغییرات را توجیه می‌کند صفات طول غلاف و تعداد دانه در غلاف دارای بار عامل‌های مثبت و بزرگ بودند و به‌نام خصوصیات غلاف نامیده شد. عامل پنجم ۷/۷۲ درصد از تغییرات را توجیه نمود که صفت عملکرد دانه در هکتار دارای بار عاملی مثبت و بزرگ بود و عامل عملکرد کلی نامیده شد.

جدول ۵- بردار ضرایب عاملی دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده با هر عامل، نسبت تجمعی واریانس توجیه شده در تجزیه عامل‌های ۲۲ ژنوتیپ کلزا

Table 5. Factor coefficients, the ratio of variance by each factor, the cumulative proportion of variance in 22 rapeseed genotypes

صفات	عامل				
	اول	دوم	سوم	چهارم	پنجم
تعداد روز تا گل‌دهی	۰/۳۱۴	۰/۰۱۷	۰/۸۱۱	۰/۲۰۴	-۰/۰۸۱
تعداد روز تا ساقه‌دهی	۰/۰۱۵	۰/۱۸۴	۰/۸۲۳	-۰/۱۰۱	۰/۰۱۰
تعداد روز تا غلاف‌دهی	-۰/۴۷۹	-۰/۱۷۴	۰/۶۹۱	-۰/۰۷۱	-۰/۰۲۸
تعداد روز تا رسیدگی	۰/۴۲۹	۰/۲۹۰	۰/۳۳۳	-۰/۰۹۰	۰/۳۴۳
ارتفاع بوته	۰/۶۹۱	-۰/۰۰۷	-۰/۱۷۲	۰/۱۶۷	۰/۱۶۳
قطر ساقه اصلی	۰/۳۳۳	۰/۶۱۸	۰/۰۳۳	۰/۲۲۶	۰/۰۰۶
تعداد شاخه‌های فرعی	-۰/۲۵۰	۰/۶۱۸	-۰/۰۲۷	۰/۴۲۵	۰/۲۲۵
تعداد غلاف در ساقه اصلی	۰/۸۳۶	-۰/۰۲۳	۰/۱۲۱	۰/۱۲۴	-۰/۰۸۷
تعداد غلاف در بوته	۰/۵۱۴	۰/۴۵۰	۰/۱۴۲	۰/۱۲۴	۰/۰۷۲
طول غلاف	۰/۱۴۷	۰/۱۶۳	-۰/۰۵۷	۰/۷۹۰	-۰/۰۲۶
تعداد دانه در غلاف	۰/۱۴۹	۰/۰۱۰	۰/۰۴۰	۰/۸۴۸	۰/۸۲
وزن هزار دانه	-۰/۱۴۳	۰/۷۱۳	۰/۰۳۲	-۰/۲۴۰	-۰/۰۳۴
عملکرد تک بوته	۰/۳۱۴	۰/۵۸۵	۰/۰۹۵	۰/۳۲۰	۰/۱۲۵
عملکرد	۰/۱۶۶	۰/۱۷۹	-۰/۱۹۲	۰/۱۷۷	۰/۷۷۵
نسبت واریانس توجیه شده	۱۵/۶۷	۱۴/۹۱	۱۴/۵۳	۱۲/۸۶	۷/۷۲
واریانس توجیه شده تجمعی	۱۵/۶۷	۳۰/۵۸	۴۵/۱۱	۵۷/۹۷	۶۵/۶۹

به‌منظور بررسی بهتر ژنوتیپ‌ها با استفاده از تمام صفات مورد بررسی به‌طور هم زمان از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) استفاده شد (جدول ۶). شاخص SIIG، بر مبنای ۱۳ صفت (به‌جزء عملکرد) شامل درصد زنده‌مانی، تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز ساقه‌دهی، تعداد روز غلاف‌دهی، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی، ارتفاع بوته، قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه‌های فرعی، طول غلاف، تعداد غلاف در ساقه اصلی، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن هزاردانه و عملکرد تک بوته محاسبه شد (جدول ۶). در واقع این روش، نتایج صفات مورفولوژیک را ادغام نموده و تبدیل به یک شاخص واحد می‌نماید و کارایی تصمیم‌گیری را افزایش می دهد (۲۶،۲۵). از آن‌جایی که میزان تغییرات این شاخص بین صفر و یک می‌باشد هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک نزدیک‌تر باشد آن ژنوتیپ از نظر بیشتر صفات مورد بررسی از وضعیت مطلوب‌تری برخوردار می‌باشد و هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیک‌تر باشد ژنوتیپ مورد بررسی از نظر بیشتر صفات از وضعیت مطلوبی برخوردار نیست. در واقع به‌کمک شاخص SIIG، محقق تصمیم نهایی را در انتخاب بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد نظر می‌گیرد.

نجفی میرک و همکاران (۱۵) با استفاده از روش SIIG، ۱۲ شاخص مختلف تحمل به خشکی را در گندم نان ادغام نمودند و براساس آن ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ضعیف را مشخص نمودند. در ضمن آنها شاخص SIIG را یک روش ترکیبی مناسب برای ادغام صفات یا شاخص‌های مختلف معرفی نمودند.

بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های SW101، L83، HW101 و 963 با مقدار SIIG بیشتر (به‌ترتیب ۰/۷۱۰، ۰/۶۷۲، ۰/۶۵۳ و ۰/۶۵۳) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های Zarfam، Talayeh، L957 و SLM046 با مقدار SIIG کمتر (به‌ترتیب ۰/۱۸۵، ۰/۲۴۳، ۰/۲۷۱ و ۰/۲۷۲) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورفولوژیک بودند (جدول ۶).

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌هایی که هم از نظر صفات مورفولوژیک و هم عملکرد دانه در وضعیت مطلوبی باشند، از نمودار دو بعدی (شکل ۱) استفاده شد. در این نمودار، محور افقی عملکرد دانه می‌باشد. نقطه چین افقی در این نمودار نشان‌دهنده میانگین SIIG است. بنابراین ژنوتیپ‌هایی که در بالای محور نقطه چین افقی قرار دارند جزء ژنوتیپ‌های خوب از نظر بیشتر صفات مورفولوژیک می‌باشند. بنابراین ژنوتیپ‌های SW101، L14، Nafis، Okapi و 963 هم با داشتن مقدار SIIG بالا و هم عملکرد بالاتر از متوسط کل، جزء بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات مورفولوژیک بودند. ژنوتیپ‌های L83، HW101، Opera، L62، L120 و KR18 هرچند مقدار SIIG بالاتر از متوسط کل را داشتند ولی از عملکرد خوبی برخوردار نبودند که این مطلب همبستگی ضعیف عملکرد با بسیاری از صفات مورد بررسی در این تحقیق را نشان داد.

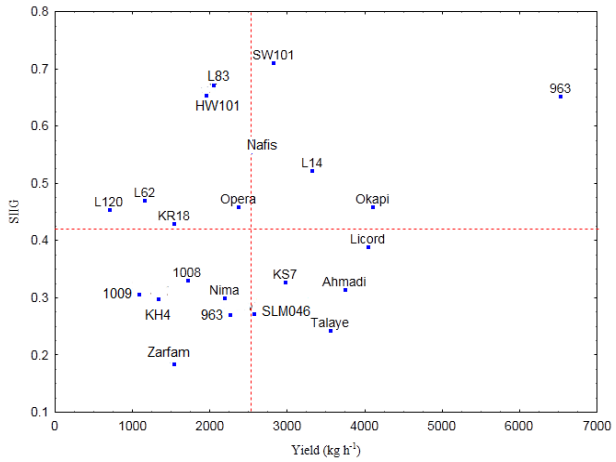
در تحقیقی دیگر یاقوتی‌پور و همکاران (۲۴) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی در گندم نان استفاده نمودند و بیان داشتند که شاخص SIIG یک روش ترکیبی جدید و کارا در انتخاب موثرتر ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشد. زالی و همکاران (۲۶) صفات مختلف تحمل به خشکی را با استفاده از شاخص SIIG ادغام نموده و بیان نمودند که شاخص SIIG با ادغام صفات یا شاخص‌های مختلف، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را مؤثرتر انجام می‌دهد. زالی و همکاران (۲۶) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری پارامتری و ناپارامتری در کلزا استفاده نمودند. آنها شاخص SIIG را روشی مناسب به منظور ادغام صفات مرفولوژیکی و فیزیولوژیکی و هم‌چنین سایر شاخص‌های تجزیه پایداری معرفی نمودند. نتایج مشابهی نیز در مورد کاربرد شاخص SIIG توسط طهماسبی و همکاران (۲۲) گزارش شده است.

رمزی و همکاران (۱۶) از شاخص SIIG به‌منظور برررسی تحمل لاین‌های پیشرفته گندم دوروم تحت شرایط تنش آلومینیوم استفاده نمودند و بیان نمودند که در استفاده از شاخص تحمل Ti (مقدار صفت در سطح تنش تقسیم بر مقدار صفت در سطح شاهد) به‌دلیل وجود Tiهای مختلف بر اساس صفات متفاوت تصمیم‌گیری روی لاین‌های حساس و متحمل کار راحتی نیست. در صورتی‌که، با جمع این شاخص‌ها در قالب یک شاخص تحت عنوان شاخص SIIG کار تصمیم‌گیری راحت‌تر می‌شود.

جدول ۶- شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) بر مبنای صفات مختلف مورد مطالعه و فواصل از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d^+) و غیر ایده‌آل (d^-)

Table 6. Selection index of ideal genotype (SIIG) based on morphological different traits and distance from ideal (d+) and non-ideal (d-) genotypes

ژنوتیپ‌ها	d^-	d^+	SIIG	رتبه	عملکرد دانه ($kg\ ha^{-1}$)	رتبه
SLM046	۰/۱۴۶	۰/۳۹۱	۰/۲۷۲	۱۹	۲۵۷۰	۹
Opera	۰/۲۴۱	۰/۲۸۴	۰/۴۵۹	۹	۲۳۷۱	۱۱
L963	۰/۳۳۲	۰/۱۷۷	۰/۶۵۳	۴	۶۵۳۰	۱
Okapi	۰/۲۳۸	۰/۲۸۰	۰/۴۵۹	۸	۴۱۰۵	۲
L62	۰/۲۵۷	۰/۲۸۹	۰/۴۷۱	۷	۱۱۵۷	۲۰
Nima	۰/۱۶۰	۰/۳۷۵	۰/۲۹۹	۱۷	۲۱۹۱	۱۳
KH4	۰/۱۵۶	۰/۳۶۸	۰/۲۹۸	۱۸	۱۳۳۱	۱۹
Talaye	۰/۱۲۴	۰/۳۸۵	۰/۲۴۳	۲۱	۳۵۵۳	۵
L957	۰/۱۴۱	۰/۳۷۹	۰/۲۷۱	۲۰	۲۲۶۰	۱۲
Ahmadi	۰/۱۶۷	۰/۳۶۵	۰/۳۱۴	۱۵	۳۷۴۰	۴
KR18	۰/۲۵۵	۰/۳۳۷	۰/۴۳۰	۱۱	۱۵۳۱	۱۸
L1009	۰/۱۷۸	۰/۴۰۳	۰/۳۰۶	۱۶	۱۰۸۲	۲۱
Zarfam	۰/۰۹۹	۰/۴۳۹	۰/۱۸۵	۲۲	۱۵۳۷	۱۷
Nafis	۰/۳۳۲	۰/۲۶۵	۰/۵۵۶	۵	۲۵۴۱	۱۰
HW101	۰/۳۶۳	۰/۱۹۳	۰/۶۵۳	۳	۱۹۴۶	۱۵
Licord	۰/۲۱۸	۰/۳۴۱	۰/۳۹۰	۱۲	۴۰۳۸	۳
KS7	۰/۱۶۷	۰/۳۴۲	۰/۳۲۸	۱۴	۲۹۶۶	۷
L14	۰/۲۶۹	۰/۲۴۶	۰/۵۲۲	۶	۳۳۱۷	۶
SW101	۰/۳۶۳	۰/۱۴۸	۰/۷۱۰	۱	۲۸۱۹	۸
L1008	۰/۱۷۳	۰/۳۴۹	۰/۳۳۱	۱۳	۱۷۰۹	۱۶
L83	۰/۳۶۹	۰/۱۸۰	۰/۶۷۲	۲	۲۰۳۹	۱۴
L120	۰/۲۳۶	۲۸۴/۰	۴۵۴/۰	۱۰	۷۰۰	۲۲



شکل ۱- نمودار دو بعدی پراکنش ۲۲ ژنوتیپ کلزا براساس عملکرد دانه و روش SIIG

Figure 1. Two-dimensional graph of distribution of 22 canola genotypes based on grain yield and SIIG method

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) یک مدل گزینش‌گر بوده و به‌منظور انتخاب ایده‌آل‌ترین ارقام و لاین‌ها از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌کار می‌رود. با استفاده از روش SIIG می‌توان صفات مختلف را به‌صورت یک شاخص واحد درآورد و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد. از دیگر ویژگی‌های شاخص SIIG، ادغام صفات با واحدهای مختلف است. همان‌طور که مشاهده گردید در این تحقیق از صفاتی با واحدهای متفاوت استفاده شد. در صورتی‌که در تحقیقی تعداد صفات مورد بررسی زیاد باشد برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب بهتر است شاخص SIIG بر مبنای همه صفات به‌جزء عملکرد محاسبه شود و در نهایت انتخاب ژنوتیپ‌ها در یک نمودار دو بعدی که یک محور آن شاخص SIIG و محور دیگر آن عملکرد است صورت گیرد. در ضمن ژنوتیپ‌های SW101، L14، Nafis، Okapi و L963 با داشتن مقدار SIIG بالا و هم‌چنین عملکرد بالاتر از متوسط کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد مطالعه بودند.

منابع

1. Acquach, G.M., W. Adams and J.D. Kelly. 1992. A factor analysis of plant variables Associated with architecture and seed size in dry bean. Euphytica, 60: 171-177.
2. Baradaran, R., E. Majidi, F. Darvish and M. Azizi. 2006. Study of correlation relationships and path coefficient analysis between yield and yield components in rapeseed (*Brassica napus* L.). Journal of Agricultural Sciences, 12: 811-819.
3. Bayat, M., B. Rabiei, M. Rabiee and A. Moumeni. 2008. Assessment of relationship between grain yield and important agronomic traits of rapeseed as second culture in paddy fields. Journal of Crop Production and Processing, 12: 475-486 (In Persian).
4. Burton, G.W. and E.H. Devan. 1953. Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. Agronomy Journal, 45: 478-481.
5. Guertin, W.H. and J.P. Bailey. 1982. Intrudoction to modern factor analysis. Edwards Brothers Inc., Michigan, 329 pp.
6. Guo, J.C., X.X. Guo and R.H. Lia. 1987. A study of correlations between yield components in mutants of *Brassica Napus* L. Oil Crops of China, 2: 23-25.
7. Hejazi, A. 2000. Rapeseed cultivation. Rozaneh Pub, 147 pp.
8. Johnson, R.A. and D.W. Wichern. 1982. Appliedmulyivariate statistical analysis. Prentice Hall Internet, New York.
9. Marjanovic-Jeromela, A., A.K. Spika, D.S. Pankovic, R. Marinkovic and N. Hristov. 2009. Phenotypic and mulecular evaluation of genetic diversity of rapeseed (*B.Napus* L.) genotypes. Afric J biotechnol, 8: 4835-4844.
10. Mohammadi, A., O. Sofalian, H. Jafari, A. Asghari and F. Shekari. 2017. Assessing the genetic diversity of two population of barley under normal and drought stress conditions in seedling stage using multivariate analyses. Cereal Research, 7(3): 399-420.
11. Moradi, M. and M.S. Howyzeh. 2018. Evalution of genetic Diversity and Heritability of the Grain Yield and Yield Components in Spring Rapeseed Cultivars.Crop Breeding, 26: 207-214.
12. Moradi, M., M. Soltani Hoveize and E. Shahbazi. 2017. Study the Relations between Grain Yield and Related Traits in Canola by Multivariate Analysis. Journal of Crop Breeding, 9(23): 187-194 (In Persian).
13. Murat, T. and C. Vahdettin. 2007. Relationships between yield and some yield components in rapeseed (*Brassica napus* L.) cultivars by using correlation and path analysis. Pakistan Journal of Botany, 39: 81-84.
14. Nabavi, A. 1995. Effect of density and planting date on yield and phenological stages of canola cultivars. Master's Thesis, Faculty of agriculture, Mashhad University.
15. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018. Assessment of non-parametric methids in selection of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) stable genotypes. Iranian Journal of Crop Sciences, 19(2): 126-138 (In Persian).
16. Ramzi, E., A. Asghari, S. Khomari and H.M. Chamanabad. 2018. Investigation of durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. Durum Desf) lines for tolerance to aluminum stress condition. Journal of Crop Breeding, 10(25): 63-72 (In Persian).
17. Rousta Baghi, B., H. Dehghani, B. Alizadeh and N. Sabaghnia. 2012. Investigation of diversity and evaluation of relationship between yield and yield components of rapseed by multivariate methods. Journal of crop production and processing, 2: 53-63 (In Persian).
18. 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.
19. Singh, K.B., B. Geletu and R.S. Malhotra. 1990. Association of some characters with seed yield in chickpea collections. Euphytica, 49: 83-88.
20. Sofalian, O., F. Ajri, A. Sabouri, A. Asghari and S. Hasanian. 2019. Consistency of upland and lowland rice genotypes grouping by microsatellite markers and drought tolerance indices. Crop Biotech, 8(4): 51-64.
21. Subhaashchandra, 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.
22. Tahmasebi, S., M. Dastfal, H. Zali and M. Rajaei. 2018. Drought tolerance evaluation of bread heat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. Cereal Research, 8(2): 209-225 (In Persian).
23. Vejdani, P. 1993. The role of the gene bank and plant genetic material in increasing crop production. Key articles of the first congress of agriculture and plant breeding, University of Tehran, Karaj, Iran.
24. Yagoutipour, A., E. Farshadfar and M. Saeedi. 2017. Assessment of durum wheat genotypes for drought tolerance by suitable compound method. Environmental Stress in Crop Sciences, 10(2): 247-256 (In Persian).
25. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and S.M. Hoseini. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method.
26. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and M. Zeinalabedini. 2016. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. Journal of Crop Breeding, 78(20): 77-90 (In Persian).

Evaluation of Some Autumn Canola Genotypes Based on Agronomy Traits and SIIG Index

Akbar Abdollahi Hesar[1], Omid Sofalian[2], Bahram Alizadeh[3], Ali Asghari[4] and Hassan Zali[5]

1- Ph.D. Student of Biometrical Genetics at the University of Mohaghegh Ardabil
2- Professor, Department of Plant Breeding, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
(Corresponding author: sofalian@gmail.com)
3- Associate Professor, Oil crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO). Karaj, Iran.
4- Associate Professor, Department of Plant Breeding, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
5- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research Center, AREEO, Darab, Iran
Received: December 16, 2019 Accepted: June 13, 2020

Abstract

To verify diversity, relationship between traits, and selection of superior genotypes using the selection index of ideal genotype (SIIG) technique, an experiment was carried out on agricultural land in Tikmeh Dash city, from the province of East Azarbaijan, Iran in 2017-18. In this experiment, 22 autumn canola genotypes were studied in a randomized complete block design (RCBD) for some of agronomy traits. The results showed L963, Okapi and Licord genotypes have the highest yield mean. Also, the traits of the number of pods per plant (NPP), yield and yield of single plant in these genotypes had a high coefficient of phenotypic diversity, which indicates the effect of environment on these traits. Phenotypic and genotypic diversity coefficients the traits of the number of pods per plant (NPP), yield, and single yield (YSP) in all genotypes had high genetic diversity. Heritability was low for the day to flowering (DF), number of pods per main stem (NPMS), and yield traits; however, it was high for the day to pod (DPO) day to ripping index (DRI) and plant height (H) traits. Altogether 65.69% of the total variation was justified through the 5 factors that had been determined by the factor analysis to the principle component. Based on the SIIG technique, the genotypes SW101, L83, HW101 and 963 with the highest SIIG values (0.710, 0.672, 0.6531 and 0.6530 respectively) were the best genotypes. On the other hand, Zarfam, Talayeh, 957 and SLMO16 genotypes with the least amount of SIIG value (0.185, 0.243, 0.271 and 0.272 respectively) were the weakest genotypes for most morphological traits. The genotypes of SW101, L14, L944, Okapi, and L963 both having high SIIG value and high yield, are the best genotype from the point of yield and other morphological traits.

Keywords: Canola, Factor analysis, Genetic diversity, Heritability, Selection