Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 1, 2025 p: 37-49

OPEN ACCESS

**Research Paper**

# Selection of Superior Rapeseed Genotypes based on Fatty Acids and Grain and Oil Yield Components with the Ideal Genotype Selection Index (SIIG) Method

**Hassan Amiri Oghan[1], Kamal Payghamzadeh[2], Farnaz Shariati[1] and Amir Gholizadeh[3]**

1- Department of Oil Crops Research, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2- Department of Crop and Horticultural Science Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, (Corresponding author: k.peyghamzade@areeo.ac.ir)

3- Department of Crop and Horticultural Science Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran

Received: 11 April, 2024 Revised: 28 June, 2024 Accepted: 10 September, 2024


## Extended Abstract

**Background:** The sustainable development of rapeseed cultivation areas, especially in Iran, requires the introduction of new cultivars with higher grain and oil yields and compatibility with different regions through breeding programs. The genetic diversity of rapeseed genotypes should be evaluated based on a set of quantitative and qualitative traits. Evaluation of genotypes using a set of traits increases the probability of finding ideal genotypes. The ideal genotype selection index is one of the multivariate statistical methods that identifies the desired genotypes based on a set of different traits or indices. Besides, factor analysis is another multivariate statistical method that is used to categorize traits, determine the importance and relevance of each of them in creating changes in the total data, and identify traits that affect yield. Identifying traits that affect yield enables the breeder to focus on specific traits that have caused variation. Accordingly, the ideal genotype selection index and factor analysis approaches were applied to study the agronomic characteristics and quantitative and qualitative traits of seeds in different canola lines and finally select the superior genotypes from the viewpoint of high seed and oil yield along with the highest amount of essential fatty acids.

**Methods:** In this study, 21 genotypes obtained via breeding programs were evaluated in a randomized complete block design with three replications in the Gorgan Agricultural Research Station. Various 23 quantitative and qualitative traits, including phenological traits [the number of days to the beginning of flowering, the number of days to physiological maturity], agronomical traits [plant height (cm), the number of lateral branches, branching height (cm), main stem length (cm), pod length (cm)], and yield and its components [the number of pods per main stem, the number of pods per lateral branches, the number of pods per plant, the number of grain per pod, thousand-grain weight (g), grain yield (kg $ha^{-1}$)], as well as qualitative traits [oil content (%), oil yield (kg $ha^{-1}$), the amount of glucosinolate in the grain (micromol/g of grain), and the percentage of fatty acid composition (orosic acid, linolenic acid, linoleic acid, oleic acid, stearic acid, palmitoleic acid, and palmitic acid) were determined during the growth season. The analysis of variance (ANOVA) was applied to examine differences between genotypes, the factor analysis was exploited for indirect selection for grain yield through other dependent traits as well as the ideal genotype selection index was used for the two important traits including grain yield and oil yield based on abovementioned 22 traits.

**Results:** The results of ANOVA showed that the genotypes were statistically different ($P < 0.01$) in all the studied traits, except for the number of lateral branches and the number of grains per pod, which indicates the existence of genetic diversity between the studied genotypes. The results of the ideal genotype selection index depicted that the genotypes G20, G12, G16, G1, G7, G10, and G11 with the ideal genotype selection indexes of 0.621, 0.584, 0.673, 0.633, 0.591, 0.728, and 0.673 and grain yields of 3258.67, 3140.67, 2941.33, 2763.33, 2712.67, 2575.33, and 2548 kg $ha^{-1}$, respectively, were identified as genotypes with high grain yield potential and other desirable agronomic traits. Furthermore, the genotypes G20, G12, G16, G2, G1, G10, and G11 with the ideal genotype selection indexes of 0.622, 0.584, 0.673, 0.589, 0.633, 0.727, and 0.672 and oil yields of 1218.28, 1201.42, 1109.54, 1102.27, 1056.45, 987.40, and 961.27 kg $ha^{-1}$, respectively, were identified as genotypes with high oil yield potential and other desirable agronomical traits. Hence, these genotypes can be used in compatibility test trials. In this study,




[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

the 23 measured traits were applied for factor analysis. The obtained Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) measure of sampling adequacy values and the significance of Bartlett's sphericity test indicated the adequacy of the correlation values of the primary variables for factor analysis and the adequacy of the factor analysis model. In this research, seven factors were identified based on factor analysis. These factors explained 82.13% of the total data variation. The values of the first to seventh factors were estimated at 20.86, 15.99, 13.99, 10.65, 8.80, 6.27, and 5.57%, respectively. The first to seventh factors are recognized as factors affecting oil quality, morphology and appearance, vegetative attributes, physiological sinks, economic grain yield, and oil quantity and quality as well as phenology and ripening characteristics. In addition, the results of factor analysis showed that the number of pods per main stem, the number of pods per lateral branch, and the number of pods per plant were the traits with a positive relationship with grain yield and grain yield with oil yield.

**Conclusion:** In general, the results of this experiment showed that the ideal genotype selection index and factor analysis approaches were identified as an extremely powerful tool for selecting superior rapeseed genotypes based on the aforementioned quantitative and qualitative traits. Based on the ideal genotype selection index, G20 and G12 genotypes were among the excellent genotypes in terms of grain and oil yields with higher ideal genotype selection indexes. In addition, the number of pods per main stem, the number of pods per lateral branch, and the number of pods per plant are the traits that can be used as an ideal selection index for the selection of grain yield and grain yield for the selection of oil yield to select high-potential genotypes in breeding programs.

**Keywords:** Agronomic traits, *Brassica napus* L., Factor analysis, Grain and oil yield components, Protein percent

**How to Cite This Article:** Amiri Oghan, H., Payghamzadeh, K., Shariati, F., & Gholizadeh, A. (2025). Selection of Superior Rapeseed Genotypes based on Fatty Acids and Grain and Oil Yield Components with the Ideal Genotype Selection Index (SIIG) Method. *J Crop Breed,* 17(1), 37-49. DOI: 10.61186/jcb.17.1.37

**مقاله پژوهشی**

# گزینش ژنوتیپ‌های برتر کلزا بر اساس اسیدهای چرب، عملکرد دانه و روغن با روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

**حسن امیری اوغان[۱]، کمال پیغام‌زاده[۲]، فرناز شریعتی[۱] و امیر قلی‌زاده[۳]**

۱- بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۲- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: k.peyghamzade@areeo.ac.ir)
۳- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۲۳ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۴/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۶/۲۰
صفحه: ۳۷ تا ۴۹

## چکیده مبسوط

**مقدمه و هدف:** توسعه پایدار سطح زیر کشت کلزا بویژه در ایران مستلزم معرفی ارقام با عملکرد دانه و روغن با کیفیت بالا و سازگار برای مناطق مختلف از طریق برنامه‌های به‌نژادی است. ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های کلزا می‌بایستی برمبنای مجموعه‌ای از صفات کمی و کیفی صورت گیرد. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل یکی از روش‌های آماری چند متغیره است که بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌های مختلف، ژنوتیپ‌های مطلوب را شناسایی می‌کند. همچنین، تجزیه به عامل‌ها یکی دیگر از روش‌های آماری چند متغیره است که به‌منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هریک از آنها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و شناسایی صفات موثر بر عملکرد مورد استفاده قرار می‌گیرد. تشخیص صفات موثر بر عملکرد این توانایی را به به‌نژادگر می‌دهد که بر صفات مشخصی که موجب تنوع شده است، تمرکز نماید. بر این اساس، به‌منظور مطالعه خصوصیات زراعی و صفات کمی و کیفی دانه در لاین‌های مختلف کلزا و نهایتاً انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از منظر عملکرد دانه و روغن بالا همراه با بیشترین مقدار اسیدهای چرب مفید، از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل و تجزیه به عامل‌ها استفاده شد.

**مواد و روش‌ها:** تعداد ۲۱ ژنوتیپ برتر حاصل از برنامه‌های به‌نژادی در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. در طول دوره رشد و نمو تعداد ۲۳ صفت کمی و کیفی مختلف از جمله صفات فنولوژیکی [تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک]؛ صفات زراعی [ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد شاخه‌های جانبی، ارتفاع شاخه‌بندی (سانتی‌متر)، طول ساقه اصلی (سانتی‌متر)، طول خورجین (سانتی‌متر)]؛ عملکرد و اجزای آن [تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های جانبی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه (گرم)، عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)] و صفات کیفی [محتوی روغن (درصد)، عملکرد روغن (کیلوگرم در هکتار)، مقدار گلوکوزینولات در دانه (میکرومول بر گرم دانه)، درصد ترکیب اسیدهای چرب (اروسیک اسید، لینولنیک اسید، لینولئیک اسید، اولوئیک اسید، استئاریک اسید، پالمیتولئیک اسید، پالمیتیک اسید] ژنوتیپ‌ها تعیین شد. تجزیه واریانس برای بررسی اختلاف بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه به عامل برای انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد دانه از طریق سایر صفات وابسته و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای دو صفت مهم عملکرد دانه و عملکرد روغن برمبنای ۲۲ صفت اشاره شده در بالا مورد استفاده قرار گرفت.

**یافته‌ها:** نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها در تمامی صفات مورد بررسی به‌غیر از تعداد شاخه‌های جانبی و تعداد دانه در خورجین اختلاف آماری معنی‌دار ($P<0/01$) با یکدیگر داشتند که این موضوع بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. نتایج شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل نشان داد که ژنوتیپ‌های G20، G12، G16، G1، G7، G10 و G11 به‌ترتیب با داشتن شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل ۰/۶۲۱، ۰/۵۸۴، ۰/۶۷۳، ۰/۶۳۳، ۰/۵۹۱، ۰/۷۲۸ و ۰/۶۷۳ و عملکرد دانه ۳۲۵۸/۶۷، ۳۱۴۰/۶۷، ۲۹۴۱/۳۳، ۲۷۶۳/۳۳، ۲۷۱۲/۶۷، ۲۵۷۵/۳۳ و ۲۵۴۸ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل عملکرد دانه بالا و سایر صفات زراعی مطلوب شناسایی شدند. به‌علاوه، ژنوتیپ‌های G20، G12، G16، G2، G1، G10 و G11 با داشتن مقادیر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل ۰/۶۲۲، ۰/۵۸۴، ۰/۶۷۳، ۰/۵۸۹، ۰/۶۳۳، ۰/۷۲۷ و ۰/۶۷۲ به‌ترتیب با دارا بودن ۱۲۱۸/۲۸، ۱۲۰۱/۴۲، ۱۱۰۹/۵۴، ۱۱۰۲/۲۷، ۱۰۵۶/۴۵، ۹۸۷/۴۰ و ۹۶۱/۲۷ کیلوگرم در هکتار عملکرد روغن از جمله ژنوتیپ‌های برتر از منظر پتانسیل عملکرد روغن بالا و سایر صفات زراعی مطلوب شناسایی شدند به‌طوری‌که از این ژنوتیپ‌ها می‌توان در اجرای آزمایشات سازگاری بهره‌برداری کرد. در این مطالعه ۲۳ صفت اندازه‌گیری شده، برای تجزیه به عامل‌ها مورد استفاده قرار گرفتند. مقادیر KMO به‌دست آمده و نیز معنی‌دار بودن آزمون اسفریسیتی بارتلت، بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای انجام تجزیه به عامل‌ها و کفایت مدل تجزیه به عامل‌ها بود. در این تحقیق، پس از انجام تجزیه به عامل‌ها، هفت عامل مشخص شد. این عامل‌ها مجموعاً توانستند ۸۲/۱۳ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمایند. سهم عامل‌های اول تا هفتم به‌ترتیب برابر ۲۰/۸۶، ۱۵/۹۹، ۱۳/۹۹، ۱۰/۶۵، ۸/۸۰، ۶/۲۷ و ۵/۵۷ درصد برآورد گردید. عامل اول تا هفتم به‌ترتیب تحت عناوین فاکتورهای مؤثر بر کیفیت روغن، مورفولوژی و خصوصیات ظاهری، خصوصیات رویشی و مقاصد فیزیولوژیک، عملکرد اقتصادی دانه، کیفیت روغن، عملکرد کمی و کیفی روغن و فنولوژی و خصوصیات رسیدگی نامگذاری شدند. به‌علاوه، نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که صفات تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته ارتباط مثبتی با عملکرد دانه و عملکرد دانه نیز با عملکرد روغن داشتند.

**نتیجه‌گیری:** به‌طورکلی، نتایج نشان داد که رهیافت شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل و تجزیه به عامل‌ها ابزار فوق‌العاده قدرتمندی برای انتخاب بهترین ژنوتیپ‌های کلزا از لحاظ همه صفات کمی و کیفی فوق الاشاره بود. بر اساس شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپ‌های G20 و G12 از جمله بهترین ژنوتیپ‌ها از منظر عملکرد دانه و روغن همراه با شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بالا بودند. به‌علاوه، صفات تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های ایده‌آل برای گزینش عملکرد دانه و از عملکرد دانه برای گزینش همزمان عملکرد روغن برای انتخاب ژنوتیپ‌های پر پتانسیل در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد.

**واژه‌های کلیدی:** اجزای عملکرد دانه و روغن، تجزیه به عامل‌ها، درصد پروتئین، صفات زراعی، *Brassica napus* L.

## مقدمه

کلزا (*Brassica napus* L.) یکی از مهمترین گیاهان دانه روغنی با ۴۰ درصد روغن و ۲۰ درصد پروتئین است که دارای مزایای اقتصادی، صنعتی، تغذیه‌ای و اکولوژیکی بسیاری می‌باشد. کلزا بعد از نخل روغنی و سویا به‌عنوان سومین گیاه روغنی جهان جهت تأمین روغن خوراکی به‌شمار می‌رود

(Masood *et al.*, 2019; Payghamzadeha & Amiri Oghan, 2023; Tahir *et al.*, 2018). با توجه به وجود تیپ‌های بهاره، زمستانه و حد واسط و نیز سازگاری بالا به طیف گسترده‌ای از شرایط آب و هوایی، این گیاه در سرتاسر دنیا کشت و کار می‌شود (Hegewald *et al.*, 2018; Norouzi *et al.*, 2021). با کمک روش‌های اصلاح کلاسیک و پیشرفته سطح زیر کشت کلزا با شیب ملایم رو به افزایش است به‌طوری‌که سطح زیر کشت آن در جهان در سال ۲۰۲۰ تقریباً برابر با ۳۵/۵ میلیون هکتار با ۷۲/۴ میلیون تن دانه کلزا می‌باشد که سهم ایران از آن ۱۶۰ هزار هکتار با ۳۴۰ هزار تن دانه کلزا است (FAOSTAT, 2023). توسعه پایدار سطح زیر کشت کلزا به‌ویژه در ایران مستلزم معرفی ارقام با عملکرد دانه و روغن با کیفیت با تنوع ژنتیکی بالا و سازگار برای مناطق مختلف از طریق برنامه‌های به‌نژادی است (Alizadeh *et al.*, 2019). به‌دلیل وجود محصولات رقیب و محدودیت اراضی زراعی تولید کلزا از طریق توسعه سطح زیر کشت با چالش مواجه می‌باشد به‌گونه‌ای‌که یکی از راه‌حل‌های مؤثر در افزایش تولید کلزا، افزایش عملکرد در واحد سطح با کشت ژنوتیپ‌های پرمحصول خواهد بود (Alizadeh *et al.*, 2021). با توجه به موارد فوق، اصلاح‌گران به افزایش تولید در واحد سطح از طریق بهبود ژنتیکی ارقام برای دستیابی به بیشترین عملکرد دانه و روغن متمرکز شدند. از طرف دیگر عملکرد یک صفت کمی است که به‌دلیل وراثت پیچیده و برهمکنش ژنوتیپ و محیط، ممکن است که انتخاب صرفاً براساس عملکرد از کارایی بالایی برخوردار نباشد (Gholizadeh & Dehghani, 2016). عملکرد دانه در کلزا ناشی از اثرات تجمعی اجزای متشکله و برهمکنش آن‌ها می‌باشد. برخی گزارشات حاکی از آن است که تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، وزن هزار دانه همبستگی مستقیم و معنی‌داری با عملکرد دانه کلزا دارند (Ahmadzadeh *et al.*, 2009; Ali *et al.*, 2003). صفات مورفولوژیک و اجزای عملکرد توارث‌پذیری نسبتاً بالایی دارند، بنابراین گزینش بر اساس این صفات نیز ممکن است راه مطمئن و سریعی برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد باشد (Gholizadeh *et al.*, 2021). بنابراین، ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های کلزا باید برمبنای مجموعه‌ای از صفات و اجزای عملکرد صورت گیرد. ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از مجموعه‌ای از صفات، احتمال پیدا کردن ژنوتیپ‌های ایده‌آل را افزایش می‌دهد. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (Selection index of ideal genotype; SIIG) یکی از روش‌های آماری چندمتغیره است که بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌های مختلف، ژنوتیپ‌های مطلوب را شناسایی می‌کند (Zali *et al.*, 2015, 2016). از آنجایی‌که ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک صفت یا شاخصی ژنوتیپ برتر باشد و در نهایت با افزایش تعداد صفات یـا شاخص‌ها، ممکن است انتخاب ژنوتیپ مناسب برای محقق دشوار شود، ولی بـه‌کمـک روش SIIG تمام شاخص‌ها و صفات به‌صورت یـک شاخص درآمده، رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر بسیار راحت‌تر می‌شود. از جمله مزیت‌های این روش آن است کـه صفات یـا شاخص‌های به‌کار رفته برای مقایسه می‌توانند دارای واحدهای سنجش متفاوتی بوده و طبیعت منفی و مثبت داشته باشند (Najafi Mirak *et al.*, 2018a). از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) در کلزا (Abdollahi Hesar *et al.*, 2020; Zali *et al.*, 2016, 2019)، گندم دوروم (Najafi Mirak *et al.*, 2018b)، گندم نان (Tahmasebi *et al.*, 2018)، جو (Zali & Barati, 2020) و آفتابگردان (Gholizadeh *et al.*, 2022) برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌ها استفاده شده است. تجزیه به عامل‌ها یکی دیگر از روش‌های آماری چند متغیره است که به‌منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هریک از آنها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد مورد استفاده قرار می‌گیرد. تشخیص صفات مؤثر بر عملکرد این اجازه را به به‌نژادگر می‌دهد که بر صفات مشخصی که موجب تنوع شده است، تمرکز نماید. از روش تجزیه به عامل‌ها در گندم (Leilah & Al-Khateeb, 2005)، کنجد (Ramazani, 2016)، سویا (Ghanbari *et al.*, 2019)، آفتابگردان (Kanwal *et al.*, 2019) و کلزا (Abdollahi Hesar *et al.*, 2020) برای بررسی روابط بین صفات استفاده شده است. ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین صفات بر مبنای صفات مورفولوژیک و زراعی می‌تواند برای سازمان‌دهی ژرم‌پلاسم و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب سودمند باشد. بنابراین تحقیق کنونی به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر کلزا براساس عملکرد و صفات زراعی و همچنین تعیین روابط بین صفات با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره (شاخص SIIG و تجزیه به عامل‌ها) انجام شد.

## مواد و روش‌ها

به‌منظور مقایسه مقدماتی عملکرد لاین‌های امیدبخش بهاره کلزا، آزمایشی با ۲۱ ژنوتیپ بهاره (شامل ارقام شاهد دلگان و RGS003) (جدول ۱) در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (عراقی محله) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در طی سال زراعی (۱۴۰۰–۱۳۹۹) (جدول ۲) کشت شدند. هر تیمار آزمایشی (ژنوتیپ‌ها) با استفاده از کارنده وینتر اشتایگر در چهار خط کشت به طول پنج متر با فاصله بین ردیف ۲۵ سانتی‌متر (مساحت هر کرت ۵ متر مربع) در هفته آخر آبان ماه کشت شدند. تراکم بوته در واحد سطح حدود ۶۰ بوته در متر مربع بود و این تراکم با توزین وزن بذر و نیز عمل تنک ایجاد شد. عملیات کاشت (شامل تهیه زمین، مقدار و زمان مصرف عناصر غذایی پایه (کودهای فسفر، پتاسیم، اوره و گوگرد همراه با باکتری تیوباسیلیوس) مبتنی بر نتایج آزمون خاک، مصرف علف‌کش‌های پیش رویشی، ضدعفونی بذور و غیره) و داشت (شامل تنک و واکاری، مبارزه با آفات اول مانند کک‌های نباتی، مبارزه با علف‌های هرز نازک برگ و پهن برگ، مبارزه با بیماری‌های مانند ساق سیاه، مصرف سرک کود نیتروژن و غیره) بر اساس دستورالعمل کشت کلزا در استان گلستان (Payghamzadeh *et al.*, 2024) انجام شد.


[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

در مطالعه کنونی، صفات فنولوژیکی [تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک]؛ صفات زراعی [ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد شاخه‌های جانبی، ارتفاع شاخه‌بندی (سانتی‌متر)، طول ساقه اصلی (سانتی‌متر)، طول خورجین (سانتی‌متر)؛ عملکرد و اجزای آن [تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های جانبی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه (گرم)، عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)] و صفات کیفی [درصد روغن، عملکرد روغن (کیلوگرم در هکتار)، مقدار گلوکوزینولات در دانه (میکرومول بر گرم دانه)، درصد ترکیب اسیدهای چرب (اروسیک اسید، لینولنیک اسید، لینوئلیک اسید، اولوئیک اسید، استئاریک اسید، پالمیتوئلیک اسید، پالمیتیک اسید)] مورد اندازه‌گیری قرار گرفت. ابتدا وضعیت نرمال بودن داده‌ها با استفاده از آزمون کولموگروف–اسمیرنوف با نرم‌افزار SASver. 9.4 (SAS, 2017) مورد بررسی قرار گرفت. سپس به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس همه صفات اندازه‌گیری شده، از شاخص SIIG (Zali *et al*., 2015, 2016) استفاده شد. نحوه محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) به‌شرح ذیل می‌باشد:

**تشکیل ماتریس داده‌ها:**

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و تعداد صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت رابطه (۱) تشکیل می‌شود.

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

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

**تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال**

از رابطه زیر برای نرمال کردن داده‌ها استفاده می‌شود:

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

ماتریس R به‌صورت رابطه (۳) تعریف می‌شود:

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

**پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌ال و ژنوتیپ ضعیف**

در این مرحله برای هر صفت بـه‌طور جداگانه، بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

**محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایـده‌آل و ژنوتیپ ضعیف:**

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایـده‌آل و فاصله از ژنوتیپ ضعیف به‌ترتیب از روابط (۴ و ۵) محاسبه می‌شوند:

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

$$d_i^-=\sum_{j=1}^{m}\left(r_{ij}-r_j^-\right)^2 \qquad i=1,\dots,n \qquad (۵)$$

در این روابط $r_{ij}$ مقدار نرمال شده صفت iام $(i = 1, 2, \dots n)$ در رابطه با ژنوتیپ jام $(j = 1, 2, \dots m)$ است. $r_j^+$ و $r_j^-$ به‌ترتیب مقدار نرمال‌شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر صفت iام $(i = 1, 2, \dots n)$ همچنین $d_i^+$ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و $d_i^-$ فاصله از ژنوتیپ ضعیف است.

**محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل**

در آخرین مرحله شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه (۶) محاسبه می‌شود:

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

مقدار SIIG بین صفر و یک تغییر می‌کند و هرچه گزینه مـوردنظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود (Zali *et al*., 2015, 2016). به‌عبارت دیگر می‌توان از شاخص‌های منفی و مثبت بـه‌شکل ترکیبی در این روش استفاده کرد. براساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیکترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است کـه 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 (Zali *et al*., 2015, 2016). بـه‌طـور خلاصه، ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هریک از صفات به‌دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هریک از صفات حاصل می‌شود. بـه‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، به‌عنوان مقدار ضعیف درنظر گرفته می‌شود. همچنین در مورد روز تا رسیدگی، مقدار ایده‌آل برابر کمترین تعداد روز تا رسیدگی برای ژنوتیپ‌ها و مقـدار ضعیف برابر بـا بیشترین مقدار روز تا رسیدگی برای ژنوتیپ‌ها است.

در ادامه به‌منظور بررسی و درک روابط پیچیده بین صفات و شناسایی عوامل پنهانی از تجزیه به عامل‌ها استفاده شد. برای استخراج عامل‌ها از روش مؤلفه‌های اصلی و برای دوران عامل‌ها از روش چرخش واریماکس استفاده گردید. برای تعیین تعداد عامل‌های مناسب، آن تعداد از عامل‌ها که دارای ریشه بزرگ‌تر از یک بودند انتخاب و برای ماتریس ضرایب عامل‌ها به‌کار رفتند. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا صرف‌نظر از علامت آن‌ها معنی‌دار در نظر گرفته شدند.

## نتایج و بحث

### شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG):

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ صفات تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک مانند ارتفاع بوته، ارتفاع شاخه‌بندی، طول ساقه اصلی، طول خورجین، تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های جانبی، تعداد خورجین در بوته، وزن هزار



[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

دانه، درصد روغن، عملکرد دانه و روغن، مقدار گلوکوزینولات در دانه، اروسیک اسید، لینولنیک اسید، لینولئیک اسید، اولوئیک اسید، استئاریک اسید، پالمیتولئیک اسید و پالمیتیک اسید با یکدیگر اختلاف آماری معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد داشتند (جدول ۳)، که این موضوع نشان دهنده پتانسیل بالقوه ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌باشد (El-Refaey *et al.*, 2015; Mustafa *et al.*, 2021). شاخص SIIG برای دو صفت مهم عملکرد دانه و عملکرد روغن برمبنای ۲۱ صفت (بدون دخالت عملکرد دانه و عملکرد روغن به‌ترتیب برای محاسبه SIIG برای دو صفت مهم فوق) روز تا شروع گلدهی، رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های فرعی، ارتفاع شاخه‌بندی، طول ساقه اصلی، طول خورجین، تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه، اروسیک اسید، لینولنیک اسید، لینولئیک اسید، اولوئیک اسید، پالمیتولئیک اسید، پالمیتیک اسید و گلوکوزینولات محاسبه شد (جدول ۴ و ۵). در محاسبه شاخص SIIG فرض بر این می‌باشد که ژنوتیپ‌هایی با بیشترین ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های فرعی، ارتفاع شاخه‌بندی، طول ساقه اصلی، طول خورجین، تعداد خورجین در ساقه اصلی، تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین، وزن هزار دانه، لینولنیک اسید، لینولئیک اسید، اولوئیک اسید، پالمیتولئیک اسید، پالمیتیک اسید و کمترین میزان ارتفاع شاخه‌بندی، روز تا شروع گلدهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، اروسیک اسید و گلوکوزینولات ایده‌آل می‌باشند. در واقع با استفاده از شاخص SIIG، صفات مذکور ادغام شده و به‌صورت یک شاخص واحد در آمده و در نتیجه می‌توان انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد. از آنجایی‌که که میزان تغییرات شاخص SIIG بین صفر و یک متغیر می‌باشد، هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک نزدیک باشد آن ژنوتیپ از نظر بیشتر صفات مورد بررسی از وضعیت مطلوب‌تری برخوردار می‌باشد و هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیک باشد، ژنوتیپ مورد بررسی از نظر بیشتر صفات از وضعیت مطلوبی برخوردار نیست. در واقع شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) یک مدل گزینش‌گر بوده و به‌منظور انتخاب ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ(ها) از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌کار می‌رود و با استفاده از این شاخص اصلاح‌گر تصمیم نهایی را در انتخاب بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه می‌گیرد (Zali *et al.*, 2015, 2016). به‌علاوه، به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌هایی که هم از نظر صفات زراعی و هم عملکرد دانه و عملکرد روغن در وضعیت مطلوبی باشند، از نمودار دوبعدی نیز (شکل‌های ۱ و ۲) استفاده شد. بر اساس شاخص SIIG بر اساس عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های G20، G12، G16، G1، G7، G10 و G11 با داشتن عملکرد دانه بیشتر از میانگین (۳۲۵۸/۶۷، ۳۱۴۰/۶۷، ۲۹۴۱/۳۳، ۲۷۶۳/۳۳، ۲۷۱۲/۶۷، ۲۵۷۵/۳۳ و ۲۵۴۸ کیلوگرم در هکتار) و مقدار SIIG بیشتر (به‌ترتیب ۰/۶۲۱، ۰/۵۸۴، ۰/۶۷۳، ۰/۶۳۳، ۰/۵۹۱، ۰/۷۲۸ و ۰/۶۷۳) جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر تولید عملکرد دانه بودند (جدول ۴ و شکل ۱). از طرفی ژنوتیپ‌های G21 و G13 نیز با عملکرد دانه کمتر از میانگین (۱۹۱۶/۶۷ و ۲۱۴۱/۳۳ کیلوگرم در هکتار) با مقدار SIIG کمتر (به‌ترتیب ۰/۳۵۳ و ۰/۴۵۸) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد بررسی بودند (جدول ۴ و شکل ۱). همچنین، بررسی شاخص SIIG برای عملکرد روغن نیز نشان داد که ژنوتیپ‌های G20، G12، G16، G7، G1، G10 و G11 با داشتن عملکرد روغن بیشتر از میانگین (۱۲۱۸/۲۸، ۱۲۰۱/۴۲، ۱۱۰۹/۵۴، ۱۱۰۲/۲۷، ۱۰۵۶/۴۵، ۹۸۷/۴۰ و ۹۶۱/۲۷ کیلوگرم در هکتار) و با داشتن SIIG بیشتر (به‌ترتیب ۰/۶۲۲، ۰/۵۸۴، ۰/۶۷۳، ۰/۵۸۹، ۰/۶۳۳، ۰/۷۲۷ و ۰/۶۷۲) جزو ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ تولید عملکرد روغن بودند (جدول ۵ و شکل ۲). همچنین، ژنوتیپ‌های G21 و G13 با مقدار عملکرد روغن کمتر از میانگین (۷۵۹/۳۴ و ۸۰۱/۸۸ کیلوگرم در هکتار) و شاخص SIIG کمتر (به‌ترتیب ۰/۳۵۲ و ۰/۴۵۸) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد بررسی بودند (جدول ۵ و شکل ۲). قلی‌زاده و همکاران (Gholizadeh *et al.*, 2021) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام صفات زراعی در آفتابگردان استفاده نمودند و بیان داشتند که شاخص SIIG یک روش ترکیبی جدید و کارا در انتخاب مؤثرتر ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشد. زالی و همکاران (Zali *et al.*, 2016) نیز از شاخص SIIG به‌منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری کلزا استفاده کردند و بیان نمودند که شاخص SIIG روشی مناسب به‌منظور ادغام صفات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و همچنین سایر روش‌های تجزیه پایداری می‌باشد. در تحقیقی دیگر عبدالهی حصار و همکاران (Abdollahi Hesar *et al.*, 2020) صفات زراعی مختلف کلزا را با استفاده از شاخص SIIG ادغام نموده و گزارش کردند که شاخص SIIG با ادغام صفات مختلف، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را مؤثرتر انجام می‌دهد. شاخص SIIG به‌منظور انتخاب ارقام و لاین‌های پایدار از نظر آماره‌های مختلف پایداری در گندم دوروم (Najafi Mirak *et al.*, 2018a; b) نیز مورد استفاده قرار گرفته است.


[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

جدول ۱- شماره، نام و شجره ژنوتیپ‌های کلزا مورد بررسی

Table 1. Code, name and pedigree of the tested rapeseed genotypes.

| شجره<br>Pedigree | نام<br>Name | نوع رقم<br>Cultivar type | تیپ رشد<br>Growth habit | منشاء<br>Origin | شماره<br>No. |
|---|---|---|---|---|---|
| Rameh 97-10 | SRL-99-1 | آزاد گرده افشان<br>Open pollinated | تیپ بهاره<br>Spring type | ایران<br>Iran | G1 |
| Ogh-Beh-10 | SRL-99-2 | | | | G2 |
| Zabol-6 | SRL-99-3 | | | | G3 |
| Ogh-Beh-9 | SRL-99-4 | | | | G4 |
| Dalgan | Dalgan | | | | G5 |
| Ogh-Beh-11 | SRL-99-5 | | | | G6 |
| Zabol-9 | SRL-99-6 | | | | G7 |
| Ogh-Beh-2 | SRL-99-7 | | | | G8 |
| Ogh-Beh-7 | SRL-99-8 | | | | G9 |
| RGS003 | RGS003 | | | | G10 |
| Rameh 97-11 (RGS003* Okapi) | SRL-99-9 | | | | G11 |
| Ogh-Beh-5 (RGS003* SLM046) | SRL-99-10 | | | | G12 |
| Ogh-Beh-6 | SRL-99-11 | | | | G13 |
| Ogh-Beh-4 | SRL-99-12 | | | | G14 |
| Rameh 97-1 | SRL-99-13 | | | | G15 |
| Rameh 97-2 | SRL-99-14 | | | | G16 |
| Ogh-Beh-3 | SRL-99-15 | | | | G17 |
| Rameh 97-9 | SRL-99-16 | | | | G18 |
| Zabol-8 | SRL-99-17 | | | | G19 |
| Ogh-Beh-8 | SRL-99-18 | | | | G20 |
| LH98-Rameeh | SRL-99-19 | | | | G21 |

جدول ۲- خصوصیات اقلیمی محیط‌های موردمطالعه در این تحقیق

Table 2. Agro-climatic characteristics of environments studied in this research

| میانگین بارندگی سالانه (میلی‌متر)<br>Average annual rainfall (mm) | عرض جغرافیایی<br>Latitude (N) | طول جغرافیایی<br>Longitude (E) | ارتفاع از سطح دریا (متر)<br>Altitude above sea level (m) | مکان<br>Location |
|---|---|---|---|---|
| 460 | 36º 55´ | 54º 20´ | 155 | گرگان (Gorgan) |

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات کمی و کیفی مورد بررسی در ۲۱ ژنوتیپ کلزا

Table 3. Analysis of variance of assessed quantitative and qualitative traits in 21 oilseed rape genotypes

| ضریب تغییرات (٪)<br>Coefficient Variation (%) | خطا (Erorr) | تیمار (ژنوتیپ‌ها)<br>Treatment (Genotypes) | تکرار<br>Replication | منابع تغییرات<br>Source of variation | |
|---|---|---|---|---|---|
| - | 13.90 | 20 | 2 | درجه آزادی (Degree of freedom) | |
| 1.25 | 13.90 | 84.16 ** | 11.19 ns | روز تا شروع گلدهی<br>Days to flowering | میانگین مربعات صفات<br>Traits mean square |
| 0.67 | 1.23 | 7.37 ** | 5.06 ns | روز تا رسیدگی فیزیولوژیک<br>Days to physiological maturity | |
| 1.96 | 6.26 | 211.04 ** | 16.10 ns | ارتفاع بوته<br>Plant height | |
| 9.18 | 0.19 | 0.18 ns | 0.17 ns | تعداد شاخه‌های جانبی<br>Number of lateral branches | |
| 7.05 | 5.37 | 208.15 ** | 1.59 ns | ارتفاع شاخه‌بندی<br>Branching height | |
| 10.22 | 25.48 | 75.79 ** | 53.64 ns | طول ساقه اصلی<br>Main stem length | |
| 10.17 | 0.59 | 2.02 ** | 0.28 ns | طول خورجین<br>Pod length | |
| 4.74 | 4.76 | 76.68 ** | 3.86 ns | تعداد خورجین در ساقه اصلی<br>Number of pods per main stem | |
| 2.37 | 21.36 | 2005.66 ** | 1.05 ns | تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی<br>Number of pods per lateral branches | |
| 2.07 | 24.99 | 2218.81 ** | 1.45 ns | تعداد خورجین در بوته<br>Number of pods per plant | |
| 9.20 | 4.05 | 4.38 ns | 11.13 ns | تعداد دانه در خورجین<br>Number of grain per pods | |
| 8.26 | 0.09 | 0.50 ** | 0.09 ns | وزن هزار دانه<br>Thusand grain weight | |
| 5.68 | 203364.78 | 460473.78 ** | 11457.71 ns | عملکرد دانه<br>Grain yield | |
| 2.50 | 0.91 | 3.45 ** | 0.0001 ns | درصد روغن<br>Oil percent | |
| 6.34 | 36979602 | 689109318 ** | 17884077 ns | عملکرد روغن<br>Oil yield | |
| 3.02 | 0.06 | 20.12 ** | 0.002 ns | گلوکوزینولات دانه<br>Grain lucosinulate | |
| 4.92 | 0.13 | 443.53 ** | 0.09 ns | اروسیک اسید<br>Erucic acid | |
| 3.45 | 3.52 | 612.24 ** | 3.73 ns | اولئیک اسید<br>Oleic acid | |
| 6.40 | 0.34 | 12.43 ** | 0.16 ns | لینولنیک اسید<br>Linolenic acid | |
| 5.66 | 0.93 | 7.85 ** | 0.22 ns | لینولئیک اسید<br>Linoleic acid | |
| 10.67 | 0.04 | 0.63 ** | 0.02 ns | استئاریک اسید<br>Stearic acid | |
| 17.61 | 0.0004 | 0.008 ** | 0.00001 ns | پالمیتوئیک اسید<br>Palmitoleic acid | |
| 10.17 | 0.25 | 1.27 ** | 0.03 ns | پالمیتیک اسید<br>Palmitic acid | |

ns: بیانگر عدم اختلاف آماری معنی‌دار؛ * و ** به‌ترتیب بیانگر وجود اختلاف آماری ۵ و ۱ درصد می‌باشد.

ns: non-significant, * and ** significant at the 5% and 1% probability level, respectively.



[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

جدول ۴- شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل کلزا برمبنای همه صفات مورد مطالعه و فواصل از ژنوتیپ مطلوب ($d^+$)، ژنوتیپ نامطلوب ($d^-$) برای عملکرد دانه

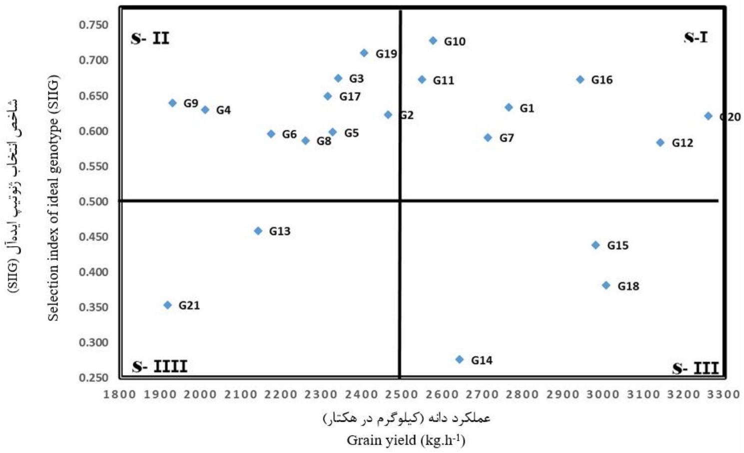
Table 4. Selection index of ideal rapeseed genotype based on all studied traits and distance from ideal genotype ($d^+$), non-ideal genotype ($d^-$) and seed yield

| عملکرد دانه<br>seed yield ($kg ha^{-1}$) | شاخص SIIG<br>SIIG index | $d^-$ | $d^+$ | نام ژنوتیپ<br>Genotypes name |
|---|---|---|---|---|
| 2763.33 | 0.633 | 0.622 | 0.360 | G1 |
| 2464.67 | 0.623 | 0.613 | 0.371 | G2 |
| 2340.67 | 0.675 | 0.642 | 0.309 | G3 |
| 2010.67 | 0.630 | 0.607 | 0.356 | G4 |
| 2327.33 | 0.598 | 0.599 | 0.402 | G5 |
| 2173.33 | 0.596 | 0.586 | 0.397 | G6 |
| 2712.67 | 0.591 | 0.584 | 0.404 | G7 |
| 2260.00 | 0.586 | 0.573 | 0.404 | G8 |
| 1929.33 | 0.640 | 0.628 | 0.353 | G9 |
| 2575.33 | 0.728 | 0.668 | 0.250 | G10 |
| 2548.00 | 0.673 | 0.631 | 0.307 | G11 |
| 3140.67 | 0.584 | 0.587 | 0.418 | G12 |
| 2141.33 | 0.458 | 0.371 | 0.438 | G13 |
| 2642.00 | 0.276 | 0.247 | 0.648 | G14 |
| 2980.00 | 0.438 | 0.442 | 0.566 | G15 |
| 2941.33 | 0.673 | 0.603 | 0.293 | G16 |
| 2314.67 | 0.650 | 0.586 | 0.316 | G17 |
| 3006.00 | 0.381 | 0.332 | 0.540 | G18 |
| 2405.33 | 0.711 | 0.635 | 0.259 | G19 |
| 3258.67 | 0.621 | 0.620 | 0.378 | G20 |
| 1916.67 | 0.353 | 0.323 | 0.592 | G21 |
| 2516.762 | 0.577 | | میانگین | Mean |

جدول ۵- شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل کلزا بر مبنای همه صفات مورد مطالعه و فواصل از ژنوتیپ مطلوب ($d^+$)، ژنوتیپ نامطلوب ($d^-$) برای عملکرد روغن

Table 5. Selection index of ideal rapeseed genotype based on all studied traits and distance from ideal genotype ($d^+$), non-ideal genotype ($d^-$) and seed yield

| عملکرد روغن<br>seed yield ($kg ha^{-1}$) | شاخص SIIG<br>SIIG index | $d^-$ | $d^+$ | نام ژنوتیپ<br>Genotypes name |
|---|---|---|---|---|
| 1056.45 | 0.633 | 0.622 | 0.361 | G1 |
| 945.62 | 0.622 | 0.612 | 0.372 | G2 |
| 887.21 | 0.674 | 0.642 | 0.310 | G3 |
| 750.04 | 0.630 | 0.607 | 0.356 | G4 |
| 844.12 | 0.599 | 0.600 | 0.401 | G5 |
| 871.55 | 0.594 | 0.586 | 0.400 | G6 |
| 1102.27 | 0.589 | 0.581 | 0.406 | G7 |
| 882.73 | 0.585 | 0.573 | 0.406 | G8 |
| 726.95 | 0.639 | 0.628 | 0.354 | G9 |
| 987.40 | 0.727 | 0.668 | 0.251 | G10 |
| 961.27 | 0.672 | 0.631 | 0.307 | G11 |
| 1201.42 | 0.584 | 0.586 | 0.418 | G12 |
| 801.88 | 0.458 | 0.371 | 0.439 | G13 |
| 1008.54 | 0.275 | 0.247 | 0.649 | G14 |
| 1131.30 | 0.438 | 0.442 | 0.567 | G15 |
| 1109.54 | 0.673 | 0.603 | 0.293 | G16 |
| 883.48 | 0.648 | 0.586 | 0.317 | G17 |
| 1175.09 | 0.379 | 0.330 | 0.540 | G18 |
| 874.22 | 0.712 | 0.636 | 0.258 | G19 |
| 1218.28 | 0.622 | 0.621 | 0.378 | G20 |
| 759.34 | 0.352 | 0.323 | 0.595 | G21 |
| 960.89 | 0.576 | میانگین | | Mean |

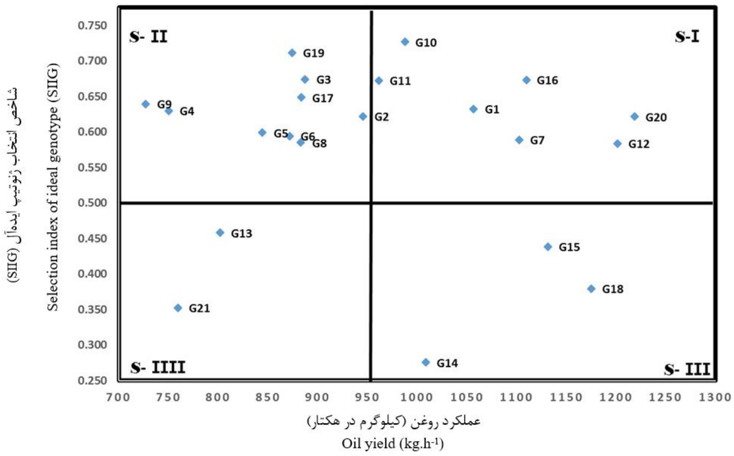



شکل ۱- نمودار دوبعدی پراکنش ۲۱ ژنوتیپ کلزا بر اساس عملکرد دانه و روش SIIG

Figure 1. Two-dimensional graph of distribution of 21 rapeseed genotypes based on seed yield and SIIG method



[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]




شکل ۲- نمودار دوبعدی پراکنش ۲۱ ژنوتیپ کلزا بر اساس عملکرد روغن و روش SIIG
Figure 2. Two-dimensional graph of distribution of 21 rapeseed genotypes based on seed yield and SIIG method

**تجزیه به عامل‌ها**

در این مطالعه ۲۳ صفت اندازه‌گیری شده، برای تجزیه به عامل‌ها مورد استفاده قرار گرفتند. لازم به یادآوری است که مقادیر KMO (Kaiser Meyer Olkin) به‌دست آمده و نیز معنی‌دار بودن آزمون اسفریسیتی بارتلت، بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای انجام تجزیه به عامل‌ها و کفایت مدل تجزیه به عامل‌ها بود. در این تحقیق، پس از انجام تجزیه به عامل‌ها هفت عامل مجموعاً توانستند ۸۲/۱۳ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمایند (جدول ۶). سهم عامل‌های اول تا هفتم به ترتیب برابر ۲۰/۸۶، ۱۵/۹۹، ۱۳/۹۹، ۱۰/۶۵، ۸/۸۰، ۶/۲۷ و ۵/۵۷ درصد برآورد گردید (جدول ۶).

عامل اول که بیشترین میزان از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود (۲۰/۸۶ درصد)، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای اسیدهای چرب از جمله اروسیک اسید و لینولنیک اسید و نیز ضریب بزرگ و منفی بری اسید چرب اولوئیک اسید می‌باشد بطوریکه این فاکتورها را می‌توان عامل کیفی روغن نامگذاری نمود. این ضرایب نشانگر آن است که انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس افزایش عامل اول می‌تواند منجر به افزایش کیفیت روغن در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گردد. ارقام اصلاح شده کلزا دارای روغن با کیفیت بالا که دارای اسیدهای چرب اشباع کم و اسیدهای چرب غیر اشباع بالا و حاوی کلسترول کم به عنوان سالم‌ترین روغن خوراکی در بین گیاهان دانه روغنی محسوب می‌شود (Ahmadzadeh *et al.*, 2009; SA *et al.*, 2006). بر این اساس یکی از مهمترین برنامه‌های به‌نژادی کلزا به افزایش کیفیت روغن که به‌وسیله ترکیب اسیدهای چرب آن تعیین می‌گردد معطوف شده است (Ahmadzadeh *et al.*, 2009; Tanhuanpää & Schulman, 2002). انتخاب ژنوتیپ‌های که دارای نسبت‌های کمتری از اسیدهای چرب غیراشباع به اسیدهای چرب اشباع می‌باشند نقش بسزایی در سلامت جامعه خواهند داشت (Ahmadzadeh *et al.*, 2009).
عامل دوم که ۱۵/۹۹ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضریب بزرگ و مثبت برای صفت تعداد شاخه‌های جانبی و ضریب بزرگ و منفی برای ارتفاع شاخه‌بندی است به‌طوریکه این عامل را می‌توان به عنوان عامل مورفولوژیکی نام‌گذاری کرد (جدول ۶). این نتایج نشان می‌دهد که با افزایش تعداد شاخه‌های جانبی ارتفاع شاخه‌بندی از قسمت‌های پایین‌تر تشکیل می‌گردد و برعکس. در کلزا هرچه تعداد شاخه‌های جانبی بیشتر باشد و ارتفاع شاخه‌بندی از حداقل ارتفاع ۲۰ تا ۲۵ سانتی‌متری از سطح خاک تشکیل گردد در نحوه توزیع اجزای عملکرد در سرتاسر گیاه بسیار مؤثر بوده و بدن طریق از خوابیدگی بوته در مراحل مختلف به‌ویژه در اثر طوفان‌های سیل آسا ممانعت می‌گردد.

عامل سوم که ۱۳/۹۹ درصد از تغییرات را توجیح کرد، دارای ضرایب بزرگ و مثبتی برای تعداد روز تا شروع گلدهی، ارتفاع بوته، طول ساقه اصلی و تعداد خورجین در ساقه اصلی می‌باشد. این عامل به‌عنوان عامل موثر بر خصوصیات رویشی و مقاصد فیزیولوژیک گیاه نامگذاری شد (جدول ۶). ارتباط مثبت طول دوره گلدهی با ارتفاع بوته، طول ساقه اصلی و تعداد خورجین در بوته نشان‌گر آن است که با افزایش طول دوره گلدهی، وزن دانه کلزا افزایش می‌یابد. با تأخیر در شروع گلدهی کلزا زمان بیشتری برای رشد طول ساقه اصلی و نهایتاً ارتفاع گیاه به‌دست می‌آید. با افزایش طول ساقه اصلی پتانسیل تولید خورجین‌های بیشتری بر روی ساقه اصلی فراهم می‌شود که این موضوع به‌نوبه خود منجر به افزایش عملکرد دانه خواهد شد.

عامل چهارم که ۱۰/۶۵ درصد از تغییرات را توجیح کرد، دارای ضرایب بزرگ و مثبتی برای صفات مهمی از جمله تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، عملکرد دانه و عملکرد روغن می‌باشد. این عامل به‌عنوان عامل موثر بر عملکرد اقتصادی گیاه نامگذاری شد (جدول ۶). ارتباط مثبت تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته با عملکرد دانه و نیز ارتباط این صفات با عملکرد دانه نشان‌گر آن است که با افزایش تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته عملکرد دانه افزایش می‌یابد و با افزایش عملکرد دانه عملکرد روغن نیز افزایش می‌یابد. با توجه به عادت رشدی گیاه کلزا که به‌صورت رشد نامحدود است و درصد بالای خورجین‌هایی که بر روی شاخه‌های فرعی تشکیل می‌گردد، ارتباط مثبت تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی با عملکرد دانه دور از انتظار نیست. مجیدی و همکاران (Majidi *et al.*, 2016)


[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

در آزمایش خود ارتباط مثبتی را بین تعداد شاخه‌های فرعی و عملکرد دانه در کلزا مشاهده کردند که موافق با نتایج پژوهش حاضر بود.

در این پژوهش، ارتباط مثبتی بین تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه نیز مشاهده شد (جدول ۶). تعداد خورجین در بوته از عوامل موثر بر عملکرد دانه در کلزا محسوب می‌شود و به عواملی از قبیل واریته، خاک مناسب و شرایط محیطی بستگی دارد. افزایش تعداد خورجین در بوته می‌تواند منجر به افزایش تعداد دانه‌های تشکیل شده در بوته و در نتیجه افزایش عملکرد گردد. صباغ‌نیا و همکاران (Sabaghnia *et al.*, 2010) در آزمایش خود همبستگی مثبتی را بین تعداد خورجین در بوته با عملکرد دانه مشاهده کردند. روستاباغی و همکاران (Roostabaghi *et al.*, 2013) نیز همبستگی مثبت و بسیار قوی را تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه گزارش دادند و بیان کردند که در گزینش ژنوتیپ‌های کلزا می‌توان گزینش را برمبنای صفت تعداد خورجین در بوته انجام داد. همچنین نتایج نشان داد که بین عملکرد دانه و عملکرد روغن ارتباط مثبتی وجود داشت (جدول ۶). صفت عملکرد دانه از جمله مهمترین صفات کلزا محسوب می‌شود، بنابراین گزینش بر اساس این صفت ممکن است راه مطمئن و سریعی برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد روغن باشد.

جدول ۶- ضرایب عاملی در تجزیه به عامل‌ها به‌روش مؤلفه‌های اصلی و دوران واریماکس در کلزا

Table 6. Factor coefficients in factor analysis using principal components and varimax rotation in rapeseed

| صفات Traits | عامل اول Factor1 | عامل دوم Factor2 | عامل سوم Factor3 | عامل چهارم Factor4 | عامل پنجم Factor5 | عامل ششم Factor6 | عامل هفتم Factor7 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| شروع گلدهی flower Initiation | -0.429 | -0.013 | 0.449 | 0.358 | 0.363 | -0.120 | 0.205 |
| رسیدگی فیزیولوژیک Physiological maturity | 0.049 | 0.112 | -0.035 | 0.323 | 0.210 | -0.309 | 0.751 |
| ارتفاع بوته Plant height | -0.128 | 0.004 | 0.712 | 0.247 | -0.128 | -0.120 | 0.493 |
| شاخه‌های جانبی Lateral branch | -0.423 | 0.442 | 0.173 | 0.005 | -0.300 | -0.186 | -0.170 |
| ارتفاع شاخه‌بندی Branching height | -0.035 | -0.507 | 0.393 | 0.225 | -0.019 | 0.059 | 0.478 |
| طول ساقه اصلی Main stem length | 0.098 | 0.046 | 0.846 | 0.169 | 0.124 | -0.058 | -0.125 |
| طول خورجین Pod length | -0.050 | 0.027 | -0.489 | -0.147 | -0.160 | 0.556 | 0.097 |
| خورجین ساقه اصلی Pod per main stem | 0.173 | 0.227 | 0.718 | -0.010 | 0.065 | -0.129 | 0.351 |
| خورجین شاخه‌های فرعی Pod per lateral branches | -0.013 | 0.007 | 0.006 | 0.950 | -0.020 | 0.076 | 0.134 |
| خورجین در بوته Pod per plant | 0.019 | 0.005 | 0.138 | 0.948 | -0.007 | 0.049 | 0.192 |
| دانه در خورجین Grain per pod | -0.193 | 0.518 | 0.271 | 0.275 | -0.012 | 0.659 | 0.072 |
| وزن هزار دانه Thousand grain weight | 0.076 | 0.206 | 0.153 | -0.001 | -0.008 | 0.202 | 0.762 |
| عملکرد دانه (Grain yield) | 0.107 | -0.018 | 0.187 | 0.942 | 0.033 | 0.020 | 0.113 |
| درصد روغن (Oil percent) | 0.160 | 0.129 | -0.187 | 0.001 | -0.309 | 0.692 | 0.122 |
| عملکرد روغن (Oil yield) | 0.128 | 0.006 | 0.158 | 0.931 | -0.019 | 0.139 | 0.133 |
| اروسیک اسید Erucic acid (C22:1) | 0.965 | -0.011 | 0.050 | -0.001 | -0.119 | -0.010 | 0.014 |
| لینولنیک اسید Linolenic acid (C18:3) | 0.792 | 0.012 | 0.092 | 0.406 | 0.212 | 0.091 | 0.090 |
| لینولئیک اسید Linoleic acid (C18:2) | -0.510 | 0.065 | -0.189 | 0.353 | 0.662 | -0.095 | -0.117 |
| اولوئیک اسید Oleic acid (C18:1) | -0.971 | 0.022 | -0.042 | -0.069 | 0.016 | -0.001 | 0.000 |
| پالمیتولئیک اسید (C16:1) Palmitoleic acid | 0.209 | -0.113 | 0.159 | 0.034 | 0.843 | -0.061 | 0.258 |
| پالمیتیک اسید Palmitic acid (C16:0) | -0.049 | 0.008 | 0.094 | -0.081 | 0.900 | -0.035 | -0.062 |
| گلوکوزینولات دانه Grain Glucosinolate | 0.096 | -0.145 | -0.113 | 0.145 | 0.189 | 0.878 | -0.213 |
| مقادیر ویژه Initial Eigenvalues | 4.59 | 4.59 | 3.08 | 2.34 | 1.93 | 1.38 | 1.22 |
| مقدار ویژه (درصد) % of Variance | 3.34 | 2.69 | 2.67 | 2.55 | 2.48 | 2.27 | 2.09 |
| درصد تجمعی Cumulative % | 20.86 | 15.99 | 13.99 | 10.65 | 8.80 | 6.27 | 5.57 |


[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

عامل پنجم که ۸/۸۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود (۲۰/۸۶ درصد)، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای اسیدهای چرب از جمله لینولئیک اسید، پالمیتولئیک اسید و پالمیتیک اسید می‌باشد، به‌طوریکه مشابه فاکتورهای دخیل در عامل اول، این فاکتورها را نیز می‌توان عوامل مؤثر بر کیفیت روغن نام‌گذاری نمود. این ضرایب نشانگر آن است که انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس افزایش عامل پنجم می‌تواند منجر به افزایش کیفیت روغن‌های مفید (با کمترین مقدار اسید اروسیک و گلوکوزینولات دانه) در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گردد. مقادیر پایین‌تر اسید اروسیک و گلوکوزینولات دانه و مقادیر بالای اسیدهای چرب ضروری به‌ویژه لینولئیک اسید در روغن استحصالی منجر به افزایش کیفیت رژیم غذایی انسان و در نتیجه افزایش سطح سلامت جامعه خواهد شد.

عامل ششم که ۶/۲۷ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول خورجین، تعداد دانه در خورجین، درصد روغن و گلوکوزینولات می‌باشد به‌طوریکه که این عامل تحت عنوان عامل مؤثر بر عملکرد کمی و کیفی روغن نام‌گذاری شدند (جدول ۶). وجود همبستگی مثبت بین صفات فوق نشان می‌دهد هرچند خورجین‌های طویل‌تر تعداد دانه‌های بیشتری با درصد روغن بیشتر تشکیل می‌دهند اما همبستگی مثبت این صفات با مقدار گلوکوزینولات دانه بدین‌معنی است که گزینش ژنوتیپ‌ها بر این اساس منجر به تولید دانه‌هایی با گلوکوزینولات بیشتر خواهد شد.

عامل هفتم که ۵/۵۷ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و وزن هزار دانه می‌باشد که این عامل را می‌توان به‌عنوان عامل مؤثر بر فنولوژی و خصوصیات رسیدگی نام‌گذاری کرد (جدول ۶). رابطه مثبت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک با وزن هزار دانه بیانگر افزایش وزن هزار دانه با افزایش طول دوره رسیدگی فیزیولوژیک می‌باشد. به‌نظر می‌رسد با افزایش طول دوره رسیدگی فیزیولوژیک مواد فتوسنتزی از منابع مختلف مانند برگ‌ها و سایر اندام‌های سبز به مخازن فعال که دانه‌ها می‌باشد انتقال و در آنجا تجمع یافته و منجر به افزایش ماده خشک دانه می‌گردند. علت افزایش وزن هزاردانه را به عواملی از قبیل ژنتیک گیاه، افزایش میزان تقسیم و رشد سلول‌ها، شدت فتوسنتز و انتقال مواد فتوسنتزی نسبت داده‌اند (Safari & Mehrabi, 2016). انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس این عامل منجر به بذرهایی بزرگتر با وزن بیشتر می‌شود، به‌طوریکه این موضوع در صنعت تولید بذور ارقام تجاری به‌منظور تولید بذور با قوه نامه و بنیه بذر بیشتر برای دستیابی به سطح سبز مطلوب و استقرار بوته خوب حائز اهمیت ویژه‌ای است.

رامئه و همکاران (Ramea *et al.*, 2002) با مطالعه ۱۵ صفت کمی و کیفی در ۳۶ رقم کلزا گزارش کردند که چهار عامل تحت عناوین عامل فنولوژیکی، اجزای عملکرد، عامل کیفی نامطلوب و عامل کیفی مطلوب ۷۵ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیح کردند. در مطالعه‌ای دیگر احمدزاده و همکاران (Ahmadzadeh *et al.*, 2009) ۲۴ صفت کمی و کیفی را در ۲۰ ژنوتیپ مورد بررسی قرار دادند و گزارش کردند که صفات مورد بررسی در چهار عامل تحت عناوین پارامترهای فنولوژیکی، اجزای عملکرد، عملکرد دانه و روغن و عامل خصوصیات خورجین ۶۷/۵۰ درصد از تغییرات کل داده‌ها را تبیین کردند.

گزینش ژنوتیپ‌های اصلاح شده با عملکرد دانه و روغن بالا نقش مؤثری در توسعه کشت و افزایش تولید کلزا دارد. از طرفی عملکرد دانه و روغن، صفت کمی پیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. از آنجایی‌که این صفت به‌شدت تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد، لذا از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار هستند. با توجه به وراثت‌پذیری پایین عملکرد می‌توان از صفاتی که رابطه بالایی با آن دارند، در انتخاب بهتر ژنوتیپ‌های مطلوب بهره‌برداری کرد. عملکرد دانه و روغن از اثر تجمعی اجزای متشکله آن می‌باشد. شناسایی این اجزا و رابطه آن‌ها با عملکرد در گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد مناسب حائز اهمیت است. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان‌دهنده ارتباط مثبت صفات تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته با عملکرد دانه و رابطه هر سه صفت مذکور با عملکرد روغن بود. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای صفات تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا می‌شود، در نتیجه ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالاتر منجر به انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد روغن بیشتر می‌شود. بنابراین، صفات تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته به‌عنوان صفات مناسب جهت گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا و صفت عملکرد دانه به‌عنوان صفت مناسب برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد روغن بیشتر در کلزا به‌شمار می‌روند. در توافق با پژوهش حاضر سایر محققان نیز ارتباط مثبتی را بین صفات تعداد خورجین در شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته عملکرد دانه و نیز عملکرد دانه با عملکرد روغن را گزارش کرده‌اند و آن‌ها گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه و روغن را از طریق صفات مذکور موثر دانسته‌اند (Roostabaghi *et al.*, 2013; Sabaghnia *et al.*, 2010).

## سپاسگزاری

این اثر بروندادی از اجرای پروژه تحت عنوان "بررسی مقدماتی عملکرد دانه لاین های پیشرفته بهاره کلزا" با شماره مصوب"۹۹۱۲۴۹-۱۵۶-۰۳-۰۳-۰۴" می‌باشد. بدین‌وسیله از مسئولان مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان و مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر برای تهیه مواد ژنتیکی و امکانات لازم برای اجرای این پروژه صمیمانه تقدیر و تشکر می‌گردد.


[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

## References

Abdollahi Hesar, A., Sofalian, O., Alizadeh, B., Asgharii, A., & Zali, M. (2020). Evaluation of some autumn rapeseed genotypes based on morphological traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, *12*(34), 151-159. [In Persian]

Ahmadzadeh, M., Sami Zade Lahiji, H., Ahmadi, M. R., & Talesh Sasani, S. (2009). Study of rapeseed quantitative and qualitative characters variation through factor analysis. *Agriculture*, *11*(1), 1-12. [In Persian]

Ali, N., Javidfar, F., Elmira, J. Y., & Mirza, M. Y. (2003). Relationship among yield components and selection criteria for yield improvement in winter rapeseed (*Brassica napus* L.). *Pakistan Journal of Botany*, *35*(2), 167–174.

Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G. H., Nasserghadimi, F., Khademhamzeh, H. R., & Gholizadeh, A. (2021). Analysis of genotype× environment interaction for seed yield in winter rapeseed cultivars and lines using multivariate method of additive main effects and multiplicative interaction. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, *11*(1), 95-108. [In Persian]

Alizadeh, B., Yazdandust H, M., Rezaei Zad, A., Azizinia, S., Khiyavi, M., Shirani Rad, A. H., … Shariati, F. (2019). Nima, new winter oilseed rape variety for cultivation in the cold and moderately cold regions of Iran. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*, *8*(1), 61-76. [In Persian]

El-Refaey, R. A., El-Seidy, E. H., El-Gammaal, A. A., & Ashry, H. M. (2015). *Breeding studies on some rapeseed varieties under different environments*. *19*(September), 497–522.

FAOSTAT. (2023). *Food and Agriculture Organization Crop Production Statistics: World sorghum production and utilization*.

Ghanbari, S., Nooshkam, A., Fakheri, B. A., & Mahdinezhad, N. (2019). Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, *11*(29), 85-92. [In Persian]

Gholizadeh, A., & Dehghani, H. (2016). Graphic analysis of trait relations of Iranian bread wheat germplasm under non-saline and saline conditions using the biplot method. *Genetika*, *48*(2), 473–486 https://doi.org/10.2298/GENSR1602473G

Gholizadeh, A., Ghaffari, M., & Shariati, F. (2021). Use of selection index of ideal genotype (SIIG) in order to select new high yielding sunflower hybrids with desirable agronomic characteristics. *Journal of Crop Breeding*, *13*(38), 116-123. [In Persian]

Gholizadeh, A., Khodadadi, M., & Sharifi-Zagheh, A. (2022). Modeling the final fruit yield of coriander (Coriandrum sativum L.) using multiple linear regression and artificial neural network models. *Archives of Agronomy and Soil Science*, *68*(10), 1398–1412.

Hegewald, H., Wensch-Dorendorf, M., Sieling, K., & Christen, O. (2018). Impacts of break crops and crop rotations on oilseed rape productivity: A review. *European Journal of Agronomy*, 101, 63–77. https://doi.org/10.1016/j.eja.2018.08.003

Kanwal, N., Ali, F., Ali, Q., & Sadaqat, H. A. (2019). Phenotypic tendency of achene yield and oil contents in sunflower hybrids. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science*, *69*(8), 690–705.

Leilah, A., & Al-Khateeb, S. (2005). Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. *Journal of Arid Environment*, *61*, 483–496.

Majidi, M. M., Jafarzadeh, G. M., Rashidi, F., & Mirlohi, A. (2016). Relationship of different traits in rapeseed (*Brassica napus* L.) cultivars under normal and drought conditions. *Journal of Crop Breeding*, *8*(17), 55-65. [In Persian]

Masood, S. A., Rehman, H., Yasin, M. I., Ahmad, S., Ali, S. S. Q., Ali, Q., & Ali, Q. (2019). Genotypic association studies of yield traits and their inheritance pattern in oilseed rape (*Brassica napus* L.): A review. *International Journal of Botany Studies*, *4*(3), 157–165.

Mustafa, M., Iqbal, M., Ishaq, R., Shahbaz, Z., Imran4, A., & Aftab, M. (2021). Genetic analysis of yield and yield related attributes in *Brassica napus*. *Pure and Applied Biology*, *3*(4), 175–187.

Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018a). Assessment of non-parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). *Iranian Journal of Crop Sciences*, *20*(2), 126-138. [In Persian]

Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018b). Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, *8*(2), 79-96. [In Persian]

Norouzi, M. A., Ahangar, L., Paygamzadeh, K., Sabouri, H., & Sajjadi, S. J. (2021). Heritability and Gene Action of Different Traits in Spring Oilseed Rape using Diallel Analysis. *Journal of Crop Breeding*, *13*(39), 166-178. [In Persian]

Payghamzadeh, K., Faraji, A., Gholizadeh, A., Kiani, A., Mohammad Zadeh, J., Razaghi, M. H., … Kia, S. (2024). *Handbook of canola production management in Golestan province. Publication of agricultural education - Office of Educational and Extension Media of Agricultural Education and Extension Institute*, pp: 38. [In Persian]



[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]

Payghamzadeha, K., & Amiri Oghan, H. (2023). Estimation of genetic parameters of some important agronomical traits in oilseed rape by Griffing's diallel method. *Journal of Crop Breeding*, *15*(46), 11-21. [In Persian]

Ramazani, S. H. R. (2016). Surveying the relations among traits affecting seed yield in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of Crop Science and Biotechnology*, *19,* 303–309.

Ramea, V., Rezayi, G., & Saeedi, A. (2002). Factor analysis for rapeseed quantitative and qualitative properties. *The Abstracts of the 7th Congress of Iranian Agronomy and Plant Breeding Sciences, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj.*, 379. [In Persian]

Roostabaghi, B., Dehghan, H., Alizadeh, B., & Sabaghnia, N. (2013). Study of diversity and evaluation of relationships between yield and yield components of rapeseed via multivariate methods. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, *2*(6), 53-63. [In Persian]

SA, M.-M., Zeynali, H., & Hosseinzadeh, A. (2006). Evaluation of genetic correlation of oil percent with some important quantitative and qualitative traits in rapeseed (*Brassica napus*) by multivariate analysis methods. *Journal of Agriculture*, *37*(1), 177-186. [In Persian]

Sabaghnia, N., Dehghani, H., Alizadeh, B., & Mohghaddam, M. (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*, (2), 356–370.

Safari, S., & Mehrabi, A. A. (2016). Genetic relationships of rapeseed cultivars revealed by RAPD markers. *Journal of Crop Breeding*, 8(19), 170-177. [In Persian]

SAS. (2017). *Step-by-Step Programming with Base SAS® 9.4, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.* SAS Institute.

Tahir, A., Muzaffar, S., Tahir, S., Saif, R., Sattar, S., Imran, A., & Zafar, M. M. (2018). A review on heterosis and combining ability analysis of seed yield and oil contents in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Nature and Science*, *16*(12), 46–55.

Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H., & Rajaie, M. (2018). Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, *8*(2), 209-225. [In Persian]

Tanhuanpää, P., & Schulman, A. (2002). Mapping of genes affecting linolenic acid content in *Brassica rapa* ssp. oleifera. *Molecular Breeding*, *10,* 51–62.

Zali, H., & Barati, A. (2020). Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, *12*(34), 93-104. [In Persian]

Zali, H., Hasanloo, T., Sofalian, O., Asgharii, A., & Enayati Shariatpanahi, M. (2019). Identifying drought tolerant canola genotypes using selection index of ideal genotype. *Journal of Crop Breeding*, *11*(29), 117-126. [In Persian]

Zali, H., Hassanloo, T., Sofalian, O., Asghari, A., & Zeinalabedini, M. (2016). Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, *8*(20), 77-90. [In Persian]

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A., & Hoseini, S. M. (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. *Biological Forum*, *7*(2), 703.



[ DOI: 10.61186/jcb.17.1.37 ]