دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

ارزیابی تنوع ژنتیکی و تفکیک متجاوز عملکرد و اجزای عملکرد لاین‌های F_6 حاصل از تلاقی KO37×CAN1066 بزرک (*Linum usitatissimum* L.)

زهرا حسین‌زاده[۱]، علی‌اکبر محمدی میریک[۲] و اصغر رحیمی[۳]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی‌عصر (عج) رفسنجان
۲- استادیار گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی‌عصر (عج) رفسنجان، (نویسنده مسوول: aa.mohammadi@vru.ac.ir)
۳- دانشیار گروه ژنتیک و تولید گیاهی ، دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی‌عصر (عج) رفسنجان

تاریخ دریافت: ۹۵/۱۱/۲۶ تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۲/۲۳
صفحه: ۱۷۵ تا ۱۸۳

چکیده

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و میزان تفکیک متجاوز در لاین‌های F_6 بزرک حاصل از تلاقی KO37× CAN1066، تعداد ۸۲٤ لاین اصلاحی حاصل از انتخاب در ۱۰٦ لاین F_5 در قالب طرح آگمنت به‌همراه پنج شاهد مورد ارزیابی قرار گرفتند. میانگین لاین‌ها در هر فامیل F_5 محاسبه و تنوع بین آنها ارزیابی شد. بررسی ضرایب تغییرات ژنوتیپی نشان داد که بیشترین و کمترین مقدار این ضرایب به‌ترتیب مربوط به صفات وزن دانه در کپسول (۵۳/۳۹ درصد) و تعداد روز تا رسیدگی (۲/۷۱ درصد) بود. لاین‌های اصلاحی مورد مطالعه از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی تنوع بالایی نشان دادند به‌طوری‌که عملکرد دانه در بوته در آنها دارای میانگین ۰/۲۷۰ گرم در بوته و بین دامنه ۰/۱۲٦ تا ۰/٤۸۰ گرم در بوته در فامیل‌های F_5 متغیر بود و والدین KO37 و CAN1066 برای این صفت به‌ترتیب دارای میانگین عملکرد دانه ۰/٤۹۰ و ۰/۱۵۸ گرم در بوته بودند. تعداد انشعاب در بوته بیشترین وراثت‌پذیری عمومی (۹۷/۰۳ درصد) و عملکرد دانه در واحد سطح کمترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی (۳٤/ ٦٤ درصد) را دارا بود. وراثت‌پذیری عملکرد دانه در بوته ۸۳/۳۳ درصد بود. بیشترین میزان تفکیک متجاوز مثبت در تعداد کپسول در بوته (۲۸/۰۸ درصد) مشاهده شد. همچنین ۲٦/٤۳ و ٦/٦۱ درصد فامیل‌ها به‌ترتیب برای تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد انشعاب در بوته تفکیک متجاوز مثبت نشان دادند. عملکرد دانه در بوته و سایر اجزای عملکرد سود ژنتیکی بالایی داشتند، به‌طوری‌که سود ژنتیکی عملکرد دانه در بوته، تعداد کپسول در بوته و تعداد انشعاب در بوته نیز به‌ترتیب برابر با ۸۵/۱۸، ۷۷/۹۹ و ٦۸/۱۰ درصد بود. میزان هتروزیس نسبت به والد برتر (KO37) از ۲/٤٦ تا ۳/٦ درصد برای تعداد انشعاب در بوته، از ۱٤/۳۵ تا ۱۸/۵ برای تعداد کپسول در بوته و از ۰/۰۳۹ تا ۰/۰٤۱ برای وزن دانه در کپسول متغیر بود. باعنایت به‌وجود تنوع ژنتیکی زیاد مشاهده‌شده در نتاج حاصل از این تلاقی امکان انتخاب لاین‌های برتر جهت ارزیابی به‌منظور معرفی رقم اصلاحی فراهم گردیده است.

واژه‌های کلیدی: بزرک، ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی،تفکیک متجاوز، وراثت‌پذیری

مقدمه

باتوجه به رشد بی‌رویه جمعیت، نیاز به مواد غذایی روزبه‌روز در حال افزایش است و کشاورزی تنها ابزاری است که با استفاده از سایر علوم قادر است نیازهای غذایی مورد نیاز این جمعیت عظیم را فراهم نماید. این امر دانشمندان و محققان کشاورزی را وادار نموده است که به‌دنبال روش‌های نوین و مؤثر برای افزایش تولید مواد غذایی باشند که در این رابطه افزایش منابع تولید و بهبود پتاسیل ژنتیکی ارقام گیاهی حائز اهمیت می‌باشند. در میان محصولات غذایی، روغن‌ها باتوجه به بازار وسیع مصرف و اهمیت فوق‌العاده غذایی از اولویت خاصی برخوردارند. دانه‌های روغنی دارای مقدار قابل توجهی پروتئین، هیدرات کربن، ویتامین و مواد معدنی می‌باشند و کنجاله آنها نیز نقش مهمی در رفع سوء تغذیه و تأمین کالری مورد نیاز توده‌های انسانی و دام‌ها دارد (۱۵). تعداد ۴۰ گیاه دانه روغنی دارای اهمیت می‌باشند که مهمترین آنها شامل سویا، آفتابگردان، بادام زمینی، کلزا، بزرک و کرچک می‌باشند (۱). بزرک[1] گیاهی است چندمنظوره که در مناطق گرم و خشک تا معتدله رشد می‌کند (۶). برای بزرک دو منشأ شامل آسیای جنوب‌شرقی، (مربوط به بزرک دانه کوچک) آفریقای شمالی و مدیترانه (مربوط به بزرک دانه بزرگ) در نظر گرفته شده است و شواهدی مبنی بر اینکه حدود ۵۰۰۰ تا ۵۵۰۰ سال قبل از میلاد، گونه زراعی بزرک در دامنه‌های کوه‌های کردستان رشد می‌کرده است، وجود دارد. درحال حاضر نیز در برخی از نقاط ایران محصولات قابل توجهی از آن حاصل می‌شود، مهم‌ترین مناطق کاشت آن در کشور آذربایجان غربی، اصفهان، خوزستان، قزوین، فارس، کرمان، لرستان و مازندران می‌باشد (۹). کشورهای تولیدکننده بزرک شامل کانادا، چین، هندوستان، ایالات متحده و روسیه می‌باشند و کانادا به‌عنوان بزرگترین تولیدکننده و صادرکننده بزرک در سطح جهان است به‌طوری که در کانادا در سال ۲۰۰۹ تولید دانه بزرک از ۶۳۱۰۰۰ هکتار سطح زیر کشت این گیاه ۷۰۶۰۰۰ تن گزارش شده است (۱۹) دانه‌های بزرک محتوی چندین اسید چرب غیراشباع بوده که برای تغذیه انسان لازم است روغن این گیاه به‌منظور جلوگیری از پوسیدگی چوب و دیوارهای بتونی در اثر شرایط جوی مورد استفاده قرار می‌گیرد و الیاف بزرک جایگزین خوبی برای الیاف ژوت بوده که جهت تولید کفپوش به‌کار می‌روند (۶). یکی از این ترکیبات، اسیدهای چرب غیراشباع چندگانه

1- Linseed

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

به‌ویژه اسید چرب امگا۳ و اسید چرب امگا۶ است. این اسیدهای چرب برای بدن ضروری بوده و باعث پیشگیری و بهبود بیماری‌های قلبی، ورم مفاصل، التهاب، بیماری‌های دستگاه ایمنی و سرطان می‌گردد (۶). کنجاله و کاه این گیاه نیز دارای ۳۷-۳۵ درصد پروتئین دارد که از آن می‌توان به‌عنوان مکمل پروتئین در غذای نشخوارکنندگان استفاده کرد و نیز به‌عنوان فیبر گیاهی در صنایع کاغذسازی، به‌ویژه کاغذهای محکم و بادوام مدنظر می‌باشد و قابلیت استفاده دارد (۶،۱۶). پیشرفت در به‌نژادی که غالبا با خالص‌سازی و انتخاب توده‌های بومی انجام می‌گیرد سبب افزایش یکنواختی و کاهش تنوع ژنتیکی داخل ژنوتیپ توده‌های بومی نسبت به توده اولیه می‌شود (۲). هیبریداسیون یکی از ابزارهای متداول اصلاح‌نباتات و روش‌های اصلاحی است که برای ایجاد تنوع ژنتیکی حاصل از نوترکیبی ژنی با استفاده از تلاقی والدینی که از لحاظ ژنتیکی متفاوتند، عمل می‌کند. تشخیص ترکیب‌پذیری با هتروزیس عملکرد بالا مهمترین مرحله در پیشرفت محصولات هیبرید است. به‌طور کلی، والدین با یک توانایی ترکیب‌پذیری عمومی بالاتر و یک فاصله ژنتیکی دورتر می‌توانند یک هیبرید با تظاهر عملکرد بهتر را تولید کنند. مقدار هتروزیس در ارقام هیبرید بستگی کامل به انتخاب والدین آنها دارد. در پی تلاقی، نسل‌های درحال تفکیک کشت گردیده و پس از رسیدن به خلوص لاین‌های خالص انتخاب می‌گردد و در مرحله بعدی ژنوتیپ‌های با ویژگی‌های مطلوب شناسایی و مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. ژنوتیپ‌هایی که برتری آن‌ها به اثبات برسد، به‌عنوان یک رقم جدید تکثیر می‌شوند (۱۲). کومار و همکاران (۸) تنوع ژنتیکی قابل‌ملاحظه‌ای در ژنوتیپ‌های بزرک برای تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی گزارش کردند به‌طوری که این صفت در دامنه ۷۱ تا ۹۹/۲۳ روز مشاهده شد و متوسط تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برابر با ۸۴/۷۱ روز بود. در مطالعه ردی و همکاران (۱۳) نیز میزان تنوع از نظر انشعاب در بوته در ژنوتیپ‌های بزرک در دامنه ۲/۳۳ تا ۵ گزارش شده است. در بزرک نیز به‌منظور ایجاد تنوع ژنتیکی[1] مصنوعی و تولید ژنوتیپ‌های حاصل از نوترکیبی در دو مجموعه ژنی تلاقی والدین و تولید لاین‌های نوترکیب می‌توان استفاده نمود. به‌همین‌منظور در این مطالعه به همین منظور دو ژنوتیپ داخلی و خارجی تلاقی و لاین‌های نوترکیب حاصل گردید و میزان تنوع به‌دست آمده برای صفات مختلف مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی‌عصر (عج) رفسنجان انجام شد. در این پژوهش لاین اصلاحی KO37 که یک لاین داخلی حاصل از انتخاب در توده‌ی بومی کردستان و دارای پتانسیل تولید دانه بالا ولی ارتفاع بوته کوتاه و لاین اصلاحی CAN106 که یک لاین خارجی با کیفیت روغن خوراکی است قبلا با هم تلاقی داده شده بودند و در نسل F_4 تعدادی تک‌بوته انتخاب‌شده و بذور هر بوته (F_5) در سال بعد در یک ردیف جداگانه کشت گردیدند. پس از آن از هر ردیف در این سال تعدادی بوته انتخاب و بذرهای آنها جداگانه برداشت شد. در سال بعد لاین‌های اصلاحی مربوط به هر بوته F_5 به‌عنوان فامیل‌های F_6 در نظر گرفته شد و کلیه لاین‌های اصلاحی شامل ۸۲۴ لاین در ۱۰۶ فامیل F_5 با استفاده از طرح آگمنت همراه با پنج ژنوتیپ شاهد در پنج بلوک آزمایشی مورد ارزیابی قرار گرفت. پس از تهیه بستر و عملیات آماده‌سازی زمین، ردیف‌ها به‌صورت جوی و پشته ایجاد و بذور با فاصله یک سانتی‌متر در روی ردیف و در عمق ۳-۲ سانتی‌متری خاک قرار داده شد و فاصله ردیف‌ها ۲۵ سانتی‌متر بود. پس از عملیات کشت بلافاصله آبیاری انجام شد، آبیاری بعدی باتوجه به شرایط آب و هوایی، خاک و نیاز گیاه در فواصل ۸-۷ روز انجام شد. به‌منظور تأمین عناصر مورد نیاز گیاه، کود اوره به‌میزان ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار در ۳ مرحله، قبل از کاشت، به‌ساقه‌رفتن و قبل از گلدهی اضافه شد. کنترل علف‌های هرز و سایر عملیات داشت به‌صورت دستی انجام شد. در طول فصل رشد و انتهای آن صفات مختلف اندازه‌گیری شد و برداشت نهایی در اوایل تیرماه صورت گرفت. در هنگام برداشت، ۱۰ بوته از ردیف‌های میانی در هرکرت آزمایشی به‌عنوان نمونه اصلی انتخاب و همچنین کلیه گیاهان در هر پلات آزمایشی پس از حذف حاشیه برداشت گردید. آنالیز داده‌های آماری حاصل از اندازه‌گیری صفات مختلف با استفاده از نرم‌افزار SAS (9.1) و MINITAB (version14) انجام شد.

فرمول‌های مورد نیاز برای محاسبه آماره‌ها به شرح زیر می‌باشد:

$$\text{وراثت‌پذیری عمومی} = \frac{\text{واریانس ژنتیکی}}{\text{واریانس فنوتیپی}} \times ۱۰۰$$

$$\text{ضریب تغییرات ژنتیکی} = \frac{\sqrt{\text{واریانس ژنتیکی}}}{\text{میانگین}} \times ۱۰۰$$

$$\text{ضریب تغییرات فنوتیپی} = \frac{\sqrt{\text{واریانس فنوتیپی}}}{\text{میانگین}} \times ۱۰۰$$

$$\text{سود ژنتیکی} = \text{وراثت‌پذیری عمومی} \times \text{جذر واریانس فنوتیپی} \times ۲/۰۶$$

$$\text{پیشرفت ژنتیکی} = \frac{\text{سود ژنتیکی}}{\text{میانگین}} \times ۱۰۰$$

1- Genetic variation

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی مربوط به صفات مورد بررسی در فامیل‌های F_5 (هر فامیل شامل ۸ لاین) حاصل از تلاقی KO37 و CAN1066 شامل میانگین، حداقل، حداکثر (دامنه تغییرات) در جدول ۱ آورده شده است. در کلیه صفات مورد ارزیابی تفاوت بالایی در بین مواد آزمایشی وجود داشت. جهت تعیین میزان تنوع موجود برای صفات ضرایب تغییرات ژنوتیپی[1] و فنوتیپی[2] محاسبه گردید. بالاترین ضرایب تغییرات ژنتیکی را صفات وزن دانه در کپسول، عملکرد دانه در بوته به‌ترتیب با میزان ۵۳/۳۹ و ۴۵/۳۶ درصد به خود اختصاص دادند (جدول ۲). در یک جمعیت هر چه تنوع موجود برای هر صفت بیشتر باشد انتخاب در آنها از دقت بالاتری برخورد خواهد بود (۴). در مطالعه‌ای دیگر به‌منظور بررسی مطالعه تنوع ژنتیکی صفات زراعی در برخی از فامیل‌های F_3 بزرک بیشترین و کمترین ضریب تغییرات در صفات عملکرد دانه در واحد سطح و روز تا گلدهی کامل گزارش شد (۵). همچنین در مطالعه انورحمیدی (۳) بیشترین و کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی به‌ترتیب در صفات تعداد دانه در کپسول (۹۳/۱۶) و عملکرد دانه در بوته (۳۴/۶۶) گزارش شده است. ضریب تغییرات ژنتیکی صفات نشان داد که میزان تنوع ژنتیکی حاصل از تلاقی برای صفات مختلف متفاوت بود و در بعضی صفات میزان تنوع زیاد و در بعضی صفات میزان تنوع متوسط یا کمی حاصل شد. کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی به صفت تعداد روز تا رسیدگی (۲/۷۱) و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (۵/۸۳) اختصاص داشت (جدول ۲). در مطالعه‌ای دیگر هم تنوع پایین برای تعداد روز تا رسیدگی در بزرک گزارش شده است (۱۰). از طرفی تفاوت جزئی بین ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی برای صفاتی همچون وزن دانه در کپسول و تعداد انشعاب در بوته نشان‌دهنده نقش بیشتر ژنوتیپ و تأثیر کمتر محیط در بروز این صفات است (جدول ۲). براساس نتایج ارائه‌شده در جدول ۲ بیشترین وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفات تعداد انشعاب در بوته (h^2=۹۷/۰۳) و وزن دانه در کپسول (h^2=۹۳/۳۳) بود و کمترین وراثت‌پذیری[3] برای عملکرد دانه در واحد سطح (h^2=۶۴/۳۴)، تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (h^2=۷۰/۹۴) و تعداد روز تا رسیدگی (h^2=۷۶/۰۰) مشاهده شد. وارثت‌پذیری عمومی عملکرد دانه در بوته در این آزمایش برابر با ۸۳/۳۳ درصد برآورد گردید. کمتربودن مقدار قابلیت توارث‌پذیری عملکرد دانه نسبت به تعدادی صفات در اغلب بررسی‌ها حاکی از این موضوع است که اثرات محیطی بخش زیادی از تغییرات فنوتیپی این صفت را به‌وجود می‌آورند، درنتیجه انتخاب لاین‌های برتر فقط براساس عملکرد دانه نمی‌تواند چندان موثر باشد. وراثت‌پذیری سایر صفات در جدول ۲ آمده است. ازطرف‌دیگر مقدار کم وراثت‌پذیری در برخی صفات بیانگر نقش کم اثرات ژنتیکی در بروز آن و یا انعطاف‌پذیری فنوتیپی آن صفت می‌باشد. باتوجه به اینکه وراثت‌پذیری وزن دانه در کپسول و انشعاب در بوته نسبت به عملکرد دانه در بوته بالاتر بود؛ لذا انتخاب لاین‌های اصلاحی برمبنای تعداد انشعاب در بوته، وزن دانه در کپسول می‌تواند با افزایش تعداد دانه‌ها و همچنین افزایش تعداد کپسول در بوته با استفاده از افزایش تعداد انشعاب اصلی و فرعی در بوته، در نهایت افزایش عملکرد دانه را به‌دنبال داشته باشد. به‌نژادگران علاقمند به شناسایی ویژگی‌هایی غیر از عملکرد هستند که بتوانند از آنها به‌عنوان معیار انتخاب والدین و یا در انتخاب تک بوته در نسل‌های در حال تفکیک استفاده کنند. براساس پژوهش‌های گذشته انتخاب بر اساس اجزای عملکرد پیشرفت ژنتیکی[4] بیشتری را نسبت به انتخاب بر اساس خود عملکرد در افزایش عملکرد دانه داشته است. بیشترین و کمترین سود و بازده ژنتیکی[5] نیز مربوط به صفات وزن دانه در کپسول (۱۰۷/۰۴) و تعداد روز تا رسیدگی (۰/۰۴) بود. عملکرد دانه در بوته و سایر اجزای عملکرد نیز سود ژنتیکی بالایی نشان دادند که سود ژنتیکی عملکرد دانه در بوته، تعداد کپسول در بوته و تعداد انشعاب در بوته نیز به‌ترتیب برابر با ۸۵/۱۸، ۷۷/۹۹ و ۶۸/۱۰ بود.

1- Coefficient of genotypic variation
2- Coefficient of phenotypic variation
3- Heritability
4- Genetic advance
5- Genetic gain

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

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

Table 1- Descriptive statistics for studied traits in F_5 families derived from KO37 × CAN1066 cross

صفات	حداقل	حداکثر	میانگین	دامنه تغییرات
تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی	۵۳/۷۶	۷۶/۰۰	۶۱/۴۸	۲۷
تعداد روز تا رسیدگی	۹۱/۸۱	۱۰۹/۷۱	۱۰۰/۱۵	۲۴
تعداد انشعاب در بوته	۱/۰۰	۳/۴۷	۱/۹۹	۴/۵۰
تعداد کپسول در بوته	۱/۵۹	۲۰/۶۰	۷/۸۹	۱۹/۰۱
وزن دانه در کپسول (gr)	۰/۰۱۷	۰/۰۴۰	۰/۰۳۱	۰/۰۳۱
عملکرد دانه در بوته (gr)	۰/۱۲۶	۰/۴۸۰	۰/۲۷۰	۰/۲۷۰
عملکرد دانه در واحد سطح (Kg/ ha^{-1})	۱۹۹/۸۰	۱۲۵۶/۰۰	۶۹۵/۲۸	۱۵۴۵/۱۶

جدول ۲- واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی، پیشرفت ژنتیکی، سودژنتیکی، ،وراثت‌پذیری عمومی و تفکیک متجاوز در۱۰۶ فامیل F_5 حاصل از تلاقی KO37 و CAN1066

Table 2. Phenotypic and genotypic variance, coefficient of variation, genetic advance, genetic gain, heritability and transgressive segregation in 106 F_5 families derived from KO37 × CAN1066 cross

صفات	واریانس فنوتیپی	واریانس ژنتیکی	ضریب تغییرات فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنتیکی	پیشرفت ژنتیکی	سود ژنتیکی	قابلیت توارث عمومی (٪)	تفکیک متجاوز نسبت به والد $P1^*$ (٪)	تفکیک متجاوز نسبت به والدP2 (٪)
تعدادروز تا ۵۰ درصد گلدهی	۱۸/۱۷	۱۲/۸۹	۶/۹۳	۵/۸۳	۶/۲۲	۱۰/۱۲	۷۰/۹۴	۲۶/۴۳	۷/۵۴
تعداد روز تا رسیدگی	۹/۷۰	۷/۴۲	۳/۱۰	۲/۷۱	۴/۸۵	۰/۰۴	۷۶/۰۰	۱/۸۸	۱۴/۵۱
تعداد انشعاب در بوته	۰/۴۶	۰/۴۳	۳۴/۰۸	۳۲/۹۵	۱/۳۵	۶۸/۱۰	۹۷/۰۳	۶/۶۱	۴۱/۷۱
تعداد کپسول در بوته	۱۱/۸۸	۹/۶۶	۴۳/۶۸	۳۹/۳۹	۵/۶۸	۷۱/۹۹	۸۱/۳۱	۲۸/۰۸	۱/۴۰
وزن دانه در کپسول(gr)	۰/۰۰۰۳۰	۰/۰۰۰۲۸	۵۵/۸۷	۵۳/۳۹	۰/۰۳۳	۱۰۶/۰۴	۹۳/۳۳	۰	۹/۴۰
عملکرد دانه در بوته(gr)	۰/۰۱۸	۰/۰۱۵	۴۹/۶۹	۴۵/۳۶	۰/۲۳۰	۸۵/۱۸	۸۳/۳۳	۰	۵/۵۷
عملکرد دانه در واحد سطح(Kg/ ha^{-1})	۴۲۲۴۷/۶۷	۶۵۶۴۵/۵۶	۳۶/۸۵	۲۹/۵۶	۸۵/۹۹	۱۲/۳۲	۶۴/۳۴	۱/۸۸	۲/۸۴

P_1: KO37

P_2: CAN1066

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

در شکل ۱ توزیع فنوتیپی صفات مورد بررسی نشان داده شده است. با تعیین موقعیت والدین در این توزیع نیز بروز تفکیک متجاوز و تعداد لاین‌هایی که نسبت به والدین تفکیک نشان داده‌اند، مشخص می‌گردد. میانگین صفت تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی در فامیل‌های حاصل از تلاقی از ۵۳/۷۶ تا ۷۶ روز متغیر بود و در دو ژنوتیپ والدی KO37 و CAN1066 نیز مقدار آن به‌ترتیب برابر با ۵۷/۲ و ۶۹ روز بود. به‌طور میانگین از نظر روز تا ۵۰ درصد گلدهی، ۶۶/۰۳ درصد فامیل‌ها حد واسط میانگین دو والد و حدود ۷/۵۴ درصد از آنها هم میانگین بیشتر از ژنوتیپ والد CAN1066 داشتند که نشان‌دهنده دوره رشد طولانی‌تر می‌باشد و ۲۶/۴۳ درصد فامیل‌ها میانگینی کمتر از ژنوتیپ KO37 داشتند (شکل ۱). وجود تنوع ژنتیکی از نظر تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی در ژنوتیپ‌های بزرک در مطالعات پال و همکاران (۱۱) با میانگین ۹۳/۲۳ روز و دامنه تغییرات ۸۸ تا ۹۸ روز و ردی و همکاران (۱۲) با میانگین۷۶/۸ روز و در دامنه ۶۳/۵ تا ۸۹ روز گزارش شده است.

از نظرتعداد روز تا رسیدگی میانگین این صفت در فامیل‌ها از ۹۱/۰۸ تا ۱۰۹/۷۱ روز متغیر بود. همچنین میانگین این صفت در ژنوتیپ والدی KO37 برابر با ۹۳/۷۵روز و در والد CAN1066 برابر با ۱۰۴/۲۵ روز بود (شکل ۱). در بین فامیل‌ها ۸۳/۹۶ درصد دارای میانگین حد واسط دو والد بودند و ۱/۸۸ درصد زودرس‌تر و دارای میانگین کمتر از والد KO37 بودند و ۱۴/۱۵ درصد هم میانگین بیشتر از ژنوتیپ CAN1066 را نشان دادند (شکل۱). وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های بزرک برای این صفت در مطالعات پال و همکاران (۱۱) با میانگین تعداد روز تا رسیدگی ۱۳۸/۲ روز و دامنه تغییرات ۱۲۵/۶۷ تا ۱۵۶/۳۲ روز گزارش شده است.

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

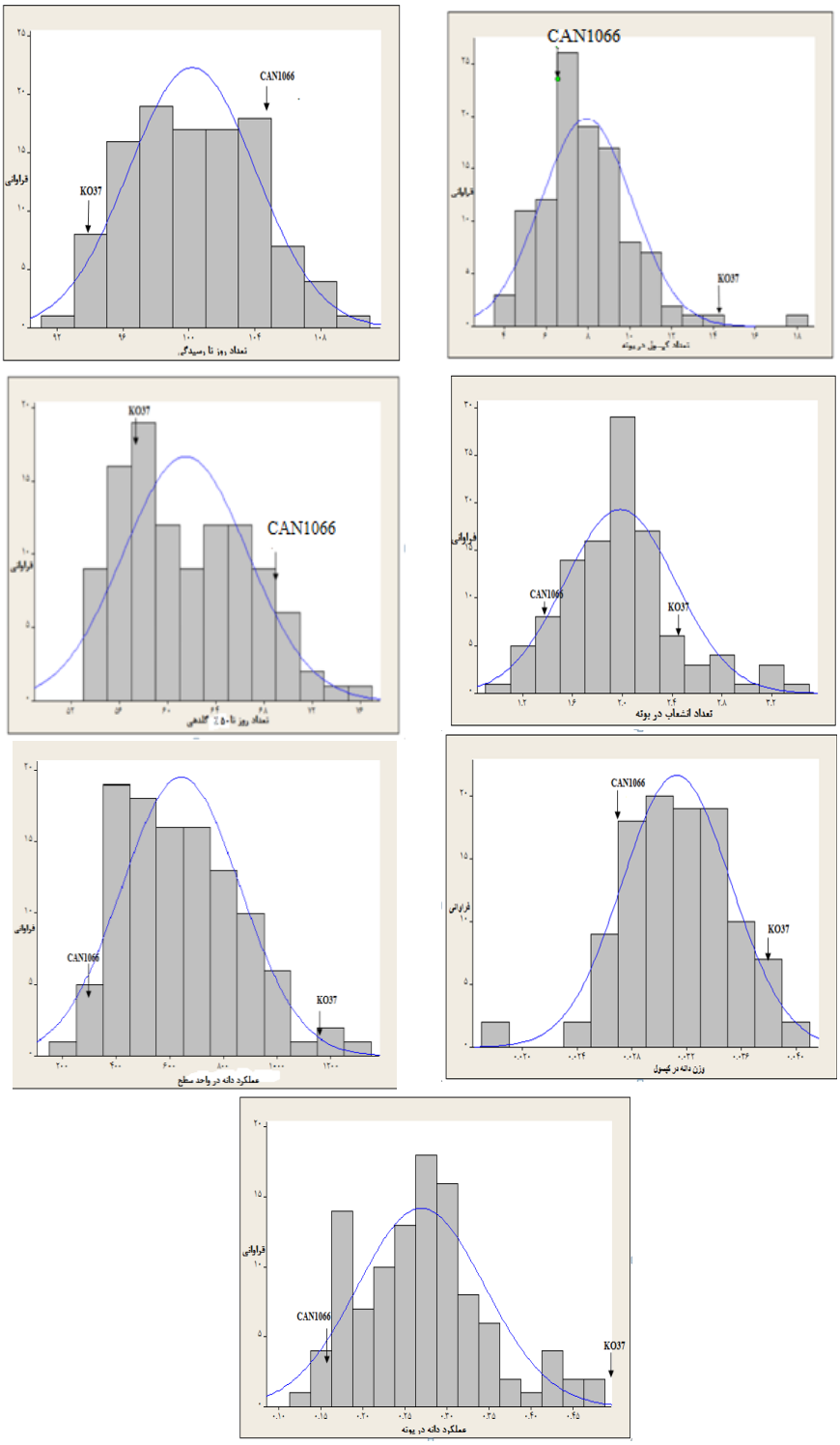
دامنه تغییرات تعداد کپسول در بوته در میانگین لاین‌های F_6 از ۴/۵۰ تا۱۸/۶۰ کپسول در بوته متغیر بود. در این راستا میانگین تعداد کپسول در بوته در بین والدین نیز اختلاف معنی‌داری نشان داد به‌گونه‌ای که والد KO37 دارای میانگین ۱۴/۳۵ و والد CAN1066 دارای میانگین ۶/۵۰ کپسول در بوته بود. ۱/۴ درصد از لاین‌ها دارای تعداد کپسول در بوته بیشتر از والد KO37 بودند و در این صفت۷۱/۵۳ درصد از لاین‌ها هم میانگین حد واسط والدین را دارا بودند و ۲۸/۰۷ درصد از لاین‌های دارای میانگین تعداد کپسول در بوته کمتر از CAN1066 بودند (شکل ۱). پولادساز (۱۳) در بررسی تنوع ژنتیکی صفات مختلف در لاین‌های حاصل از توده‌های بومی برای صفت تعداد کپسول در بوته تنوع بالایی در بین توده‌ها گزارش کرد. به‌طوری که تعداد کپسول در بوته آنها بین ۸/۹ (مربوط به سمیرم) تا ۴۸/۵ (مربوط به اهواز) تغییرات داشت.

میانگین وزن دانه درکپسول در والدهایKO37 و CAN1066 به‌ترتیب برابر با ۰/۰۳۹ و ۰/۰۲۷ گرم بود (شکل۲). میزان این صفت در لاین‌های حاصل از تلاقی بین ۰/۰۱۷ و ۰/۰۳۸ گرم متغیر بود که حاکی از تنوع بالا بین لاین‌ها از نظر صفت وزن دانه در کپسول بود. میانگین حدود ۹۰/۵۰ درصد لاین‌های مورد مطالعه از نظر وزن دانه در کپسول بینابین مقادیر این صفت در والدین قرار داشتند و ۹/۴۶ درصد از آنها هم دارای میانگین کمتر از والدین CAN1066 بودند و هیچ‌کدام از لاین‌ها هم میانگینی بیشتر از والد KO37 را نشان ندادند (شکل ۱).

عملکرد دانه در بزرک از مهم‌ترین صفات زراعی و اقتصادی گیاه است و یکی از اهداف اصلی آزمایش‌های به‌زراعی و به‌نژادی مربوط به این گیاه افزایش عملکرد دانه است. میانگین این صفت در لاین‌ها از ۰/۱۲۶ تا ۰/۴۸۰ گرم در بوته متغیر بود. دو والدKO37 و CAN106 برای این صفت به‌ترتیب دارای عملکرد برابر با ۰/۴۹۰ و ۰/۱۵۸گرم در بوته بودند (جدول ۲). همچنین میانگین این صفت در فامیل‌های مورد بررسی نیز از ۰/۰۴۷ تا ۱/۴۴ گرم در بوته متغیر بود در این صفت هیچ‌کدام از فامیل‌ها داری میانگینی بیشتر از والد KO37 نبودند ولی ۵/۵۷ درصد از میانگین لاین‌ها دارای میانگین کمتر از والد CAN1066 بودند و ۹۴/۴۳ درصد از این میانگین‌ها بینابین میانگین دو والد بود (شکل ۱). در پژوهش دیگری در گیاه بزرک، متوسط عملکرد دانه در بوته برابر با ۶/۷ گرم و با دامنه تغییرات ۴/۶ تا ۷/۸ گرم در بوته گزارش گردیده است (۴). همچنین در یک مطالعه خندان و همکاران (۷) در گیاه بزرک متوسط عملکرد دانه در بوته را برابر با ۱/۹ و میزان تغییرات آن را بین ۰/۱۳ تا ۹/۸۱ گرم گزارش کردند. وجود تنوع ژنتیکی در صفت عملکرد دانه در واحد سطح برای دو والد KO37 و CAN1066 به‌ترتیب برابر با ۱۱۵۱ و ۳۱۶/۲۴ کیلوگرم در هکتار بود (شکل ۱). میانگین لاین‌ها نیز در دامنه ۱۹۹/۸ تا ۱۲۵۶ کیلوگرم در هکتار قرار داشت و ۱/۸۸ درصد لاین‌ها میانگین بیشتر از والد KO37 و ۲/۸۴ درصد میانگین کمتر از والد CAN1066 بود. و ۹۵/۲۸ درصد از لاین‌ها هم برای این صفت، حدواسط والدین بودند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]



شکل ۱- فراوانی لاین‌های اصلاحی حاصل از تلاقی CAN1066 ×KO37 از نظر تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد انشعاب در بوته، تعداد کپسول در بوته، وزن دانه در کپسول، عملکرد دانه در بوته و عملکرد دانه در واحد سطح

Figure 1. The frequency distribution of breeding families derived from KO37 × CAN1066 cross for, days to 50% flowering, days to maturity, branches/plant and capsules/plant, seed weight/capsule, seed yield/ plant and seed yield / unit area

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

به‌طور کلی نتایج این مطالعه نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی از نظر صفات زراعی و اقتصادی در بین لاین‌های حاصل از تلاقی مورد بررسی در این تحقیق وجود دارد. لذا بسته به هدف برنامه‌های اصلاحی، جمعیت مورد مطالعه زمینه ژنتیکی مناسبی را جهت انتخاب لاین‌های اصلاحی برتر فراهم می‌کند. تفکیک متجاوز معنی‌دار در جهت مثبت، بیشتر در اجزای عملکرد مانند تعداد انشعاب در بوته و وزن دانه در کپسول دیده می‌شود و از آن می‌توان جهت انتخاب لاین‌های برتر استفاده نمود. وراثت‌پذیری عمومی عملکرد دانه در واحد سطح نسبت به بقیه صفات متوسط بود و انتخاب مستقیم لاین‌هایی با عملکرد دانه بالا نمی‌تواند موثر باشد، اما باتوجه به وراثت‌پذیری بالا و نقش تأثیرگذار برخی از اجزای عملکرد بر عملکرد دانه می‌توان از آنها به‌عنوان شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد دانه استفاده کرد. در کل براساس نتایج حاصل از این آزمایش می‌توان به این نکته اشاره کرد که افزایش عملکرد دانه از طریق انتخاب غیرمستقیم صفات موثرتر بوده و از پیشرفت ژنتیکی بیشتری برخوردار بوده است که این موضوع را می‌توان به پلی‌ژنیک‌بودن عملکرد دانه نسبت داد. از بین صفات مختلف مورد بررسی، به‌نظر می‌رسد که مهم‌ترین اجزای افزایش‌دهنده عملکرد دانه این مطالعه، صفات تعداد انشعاب در بوته، وزن دانه در کپسول و تعداد کپسول در بوته می‌باشند. تفکیک متجاوز برای صفات زراعی مورد ارزیابی نشان داد که می‌توان از این جمعیت پایه و یا از نسل‌های پیشرفته حاصل از آن، در برنامه‌های اصلاحی آینده نظیر نقشه یابی، شناسایی QTLهای کنترل‌کننده صفات زراعی و افزایش عملکرد در بزرک بهره‌برداری نمود و همچنین امکان گزینش لاین‌های دارای بیشترین تعداد انشعاب در بوته، تعداد کپسول در بوته و عملکرد دانه به‌عنوان رقم اصلاح‌شده برای آزمایشات ناحیه‌ای امکان‌پذیر می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

منابع

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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]

Evaluation the Genetic Diversity and Transgressive Segregation for Yield and Yield Components of F_6 Linseed (*Linum usitatissimum* L.) Lines Derived from KO37 × CAN1066 Cross

Zahra Hosseinzadeh[1], Ali Akbar Mohammadi Mirik[2] and Asghar Rahim[3]

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

Received: February 14, 2017 Accepted: May 13, 2019

Abstract

In order to investigate the genetic variation and transgressive segregation of some agronomic traits in F_6 linseed breeding lines derived from KO37 × CAN1066 cross, 824 breeding lines (selected from 106 F_5 lines) evaluated using an augmented design along with five-control genotypes. The highest genotypic coefficient of variation (GCV) were observed for seed weight / capsule (53.39%), whereas, number of days to maturity showed very low GCV (2.71%). Overall, considerable variation was observed for studied traits among breeding lines. The average seed yield per plant of breeding lines was 0.270g with a range of 0.126 to 0.480 g among F_5 families, whereas seed yield /plant in KO37 and CAN1066 parent were 0.490 and 0.158 gr/plant, respectively. The highest broad sense heritability was obtained for number of branches/plant (97.03%) but, seed yield ha^{-1} had the lowest value (64.34%). Heritability of seed yield/plant was 83.33%. Number of capsule/plant showed the most positive transgressive segregation (28/08%). Also, considerable positive transgressive segregation was observed for days to 50% flowering (26/43%) and number of branches/plant (6.61%). The genetic gain for seed yield/plant, number of capsules/plant, number of branches/plant was 85.18, 77.99 and 68.10 %, respectively. The range of heterobeltiosis varied from 2.46 to 3.60, from14.35 to 18.50 and from 0.039 to 0.041 for number of branches/plant, number of capsules /plant and seed yield /plant, respectively. Because of high genetic variation in this population there is the possibility of selecting superior lines for evaluation and production of new varieties.

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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.29252/jcb.11.32.175]