

## Evaluation of genetic parameters of different rapeseed traits using diallel analysis

Mohammad Amin Norouzi<sup>1</sup>, Leila Ahangar<sup>\*2</sup>, Kamal Peygamzadeh<sup>3</sup>, Hossein Sabouri<sup>4</sup>,  
Sayad Javad Sajadi<sup>5</sup>

1,2,4,5. Plant Production Department, College of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad, Iran. 3. Horticulture Crop Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran.

(Received: July 15, 2021 - Accepted: December 4, 2021)

### ABSTRACT

Bilateral diallel crosses of eight rapeseed genotypes were used to graphically analyze and estimate of genetic parameters for agronomic and physiological characteristics. F1 along with their parents (64 genotypes) were planted in a randomized complete block design with three replications at Gorgan Agriculture Research Station, in 2019-2020. The results of analysis of variance showed that a and b components were significant for all traits. The results of the Jinks-Hayman test indicated that hypothesis of the genetic analysis were satisfied for pod length, number of pod per lateral branches, number of pods per plant and 1000-grain weight traits. Analysis revealed significant values for D and H1 estimation for all traits, which indicated the existence of both additive and non-additive effects on genetic control of these traits. While the proportion of non-additive variance was higher than the additive effects for all traits, which was in agreement with high mean levels of the degree of dominance. The positive and significant sign of F confirmed that there are much more dominant alleles than recessive alleles in parents, regardless of whether they have a negative or positive effect. Based on Hayman graphical analysis, 1000-grain weight was influenced by the dominance of genes. Narrow-sense inheritance levels were low for all traits, which could indicate a greater impact of environmental and non-additive effects on their genetic control. The results showed that selection-based methods were not very effective in canola yield improving and production of hybrids and exploiting the effects of gene dominance is necessary.

**Keywords:** Dominance, genetic effects, graphic analysis, Hayman, heritability.

### بررسی پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف کلزا با استفاده از تجزیه دای آل

محمد امین نوروزی<sup>۱</sup>، لیلا آهانگر<sup>\*۲</sup>، کمال پیغام زاده<sup>۳</sup>، حسین صبوری<sup>۴</sup> و سید جواد سجادی<sup>۵</sup>

۱ و ۲ و ۴ و ۵ - به ترتیب دانش آموخته، استادیار، دانشیار و استادیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، ۳ - استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان.

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۴/۲۴ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۹/۱۳)

### چکیده

به منظور تجزیه و تحلیل گرافیکی و برآورد پارامترهای ژنتیکی برای خصوصیات زراعی و فیزیولوژیکی، از تلاقی دای آل دو طرفه در هشت ژنوتیپ کلزا استفاده شد. بذور F<sub>1</sub> به همراه والدین (۶۴ ژنوتیپ) در قالب طرح بلوک کامل تصادفی، در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که جزء a و b برای تمامی صفات معنی دار شد. نتایج آزمون مقدماتی دلالت بر برقراری فرضیات مدل جینکز و همین تنها برای صفات طول خورجین، تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته و وزن هزار دانه بود. برآورد معنی دار مقادیر D و H<sub>1</sub> برای تمامی صفات، دلالت بر وجود اثر توام افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفات داشت، در حالی که سهم واریانس غیرافزایشی برای تمامی صفات، بیشتر از اثرات افزایشی بود که با مقادیر بالای میانگین درجه غالبیت مطابقت داشت. مقادیر مثبت و معنی دار جزء F، بیانگر این است که آل‌های غالب، صرف نظر از مثبت یا منفی بودن، فراوانی بیشتری در بین والدین دارند. تحلیل گرافیکی همین نشان داد که صفت وزن هزار دانه، تحت تاثیر فوق غالبیت ژن‌ها قرار داشت. وراثت پذیری خصوصی تمامی صفات پایین بود که می‌تواند نشان‌دهنده تاثیر بیشتر اثرات محیطی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی آن‌ها باشد. نتایج نشان داد که برای بهبود عملکرد در کلزا، روش‌های مبتنی بر گزینش چندان موثر نیست و باید از طریق تولید هیبرید و بهره‌برداری از اثرات غالبیت ژن‌ها اقدام نمود. واژه‌های کلیدی: اثرات ژنی، تجزیه گرافیکی، غالبیت، وراثت پذیری، همین.

## مقدمه

کلزا (*Brassica napus L.*) به دلیل میزان بالای اسید چرب غیراشباع و پروتئین به عنوان یکی از سالم‌ترین روغن‌های خوراکی در بین گیاهان روغنی در سطح دنیا مطرح است که کشت آن در کشورهای مختلفی مانند کانادا، استرالیا، چین و ایران گسترش پیدا کرده است، به طوری که سهم اختصاص یافته ایران در تولید دانه‌های روغنی کلزا برابر با ۲۹۰ هزار تن از ۷۰ میلیون تن تولید جهانی در سال ۲۰۱۹ می‌باشد (Farhangfar *et al.*, 2019; FAOSTAT, 2019). کلزا گیاهی خودگشن، با حدود ۳۰ درصد دگرگشتی است که با توجه به اهمیت کلزا، توسعه و بهبود تنوع ژنتیکی به منظور افزایش عملکرد دانه آن ضروری است (Ashish *et al.*, 2019). شناسایی و درک ساختار ژنتیکی والدین، یکی از مهم‌ترین مراحل توسعه ارقام گیاهی است که تفاوت ژنتیکی میان والدین را می‌توان در فراوانی مقدار ژن‌ها و نقش اثرات ژنی در یک محیط معین نسبت داد. اغلب صفات مهم زراعی کلزا کمی هستند که به وسیله تعداد زیادی ژن کنترل می‌شوند و به شدت تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند؛ از این رو درک ماهیت ژنتیکی آن‌ها دشوار است. بنابراین شناخت ویژگی‌های ژنتیکی و نحوه توارث صفات مهم کلزا، یکی از مبانی تصمیم‌گیری در مورد اجرای روش‌های مختلف به‌نژادی است و با شناسایی این ویژگی‌ها می‌توان بهترین روش‌ها را برگزید و نتایج به‌نژادی را تا حدودی پیش‌بینی نمود (Jamshidmoghaddam *et al.*, 2018). نتایج حاصل از به‌کارگیری روش‌های مختلف ژنتیک کمی مانند تلاقی‌های دای‌آلل، اطلاعات کاملی را درباره ارزش اصلاحی و توانایی ژنتیکی والدین در استفاده از برنامه‌های به‌نژادی فراهم می‌کند. طرح‌های ژنتیکی دای‌آلل، یکی از معمول‌ترین روش‌های برآورد پارامترهای ژنتیکی است که مبانی تجزیه ژنتیکی در دو روش گریفینگ و هیمن-جینکز ارائه می‌شود. از طرح تلاقی دای‌آلل به‌طور گسترده‌ای برای تجزیه و تحلیل اثرات قابلیت ترکیب‌پذیری ژنوتیپ‌های کلزا و ارائه اطلاعات مربوط به مکانیسم‌های ژنتیکی کنترل عملکرد دانه و سایر صفات استفاده شده است (Xing

*et al.*, 2014; Ishaq *et al.*, 2017; Gul *et al.*, 2019). شناخت پارامترهای کنترل‌کننده ژنتیکی صفات مانند وراثت‌پذیری، میانگین درجه غالبیت و نقش عمل ژن-ها، در انتخاب روش‌های اصلاح ژنتیکی حائز اهمیت می‌باشد. در تجزیه تحلیل هیمن و جینکز می‌توان شمار گروه‌های ژنی، میانگین درجه غالبیت، همبستگی بین میانگین والدها و وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی را به دست آورد (Jinks & Hayman, 1953; Abdi & Fotokian, 2018). در مطالعه‌ای بر روی هشت ژنوتیپ مختلف کلزا در قالب طرح ژنتیکی دای‌آلل گزارش شد که اثر افزایشی و غیرافزایشی به‌طور مشترک در کنترل ژنتیکی صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه و تعداد شاخه فرعی نقش دارند، درحالی‌که درصد روغن و تعداد دانه در خورجین، با اثر افزایشی و زمان رسیدن و تعداد خورجین در بوته، با اثر غیرافزایشی کنترل می‌شوند. اثر غیرافزایشی عملکرد دانه از نوع فوق غالبیت است و افزایش صفت، با آلل‌های غالب کنترل می‌شود. همچنین وراثت‌پذیری خصوصی بالایی برای صفات تعداد دانه در خورجین و وزن هزار دانه برآورد شد (Mohammadi *et al.*, 2011). در پژوهشی بر روی کلزا تحت شرایط نرمال و تنش خشکی، مقادیر بالایی از واریانس افزایشی برای صفات روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول خورجین، وزن هزار دانه و میزان روغن دانه در هر دو محیط و برای صفات عملکرد دانه و تعداد خورجین در بوته سهم بالایی از اثر غالبیت ژن‌ها گزارش شد. همچنین بیشترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برای صفت وزن هزار دانه (۰/۹۲) و کمترین آن برای صفت عملکرد دانه (۰/۴۹) تحت شرایط تنش مشاهده شد (Jamshidmoghaddam *et al.*, 2018). در مطالعه انجام شده بر روی خردل وحشی (*Brassica juncea*)، اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌ها به‌طور همزمان برای صفات ارتفاع گیاه، تعداد شاخه اصلی در هر بوته، تعداد شاخه‌های فرعی در هر بوته، تعداد کل خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و وزن هزار دانه معنی‌دار بود، درحالی‌که برای صفت عملکرد دانه، تنها

تراکم پایین (۱۶۰ بوته در هر کرت و ۳۳ بوته در متر مربع) کشت شدند. مرکز تحقیقات شهرستان گرگان دارای میانگین دراز مدت بارندگی سالانه تقریباً ۴۸۷ میلی‌متر، دامنه نوسانات دمایی سالانه ۱۰ درجه سانتی‌گراد، ارتفاع ۵/۵ متر از سطح دریا و میانگین دمای سالانه تقریباً ۱۸ درجه سانتی‌گراد در عرض جغرافیایی ۳۶ درجه، ۵۳ دقیقه و ۲۴ ثانیه شمالی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه، ۲۴ دقیقه و ۵۱ ثانیه شرقی قرار دارد.

در انتهای دوره رشد کلزا، صفات فنولوژیک (تعداد روز از تاریخ سبز شدن تا پایان گلدهی)، مورفولوژیک (ارتفاع گیاه (سانتی‌متر)، تعداد شاخه‌های فرعی، ارتفاع خورجین‌بندی (سانتی‌متر) و طول خورجین (سانتی‌متر) و صفات عملکرد و اجزای مرتبط با آن (تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته، وزن هزار دانه (گرم) و عملکرد دانه (کیلوگرم/هکتار) اندازه‌گیری و ثبت شدند.

آزمون نرمال بودن داده‌ها به روش کولموگروف-اسمیرنوف و تجزیه واریانس داده‌ها به روش طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرم افزار SAS V.9.4 انجام شد. به منظور برقراری فرضیات همین، ابتدا واریانس ردیف ( $V_r$ ) و کوواریانس هر ردیف با والد غیر مشترک ( $W_r$ ) محاسبه و سپس از تجزیه واریانس  $W_r - V_r$  استفاده شد. همچنین وجود اثرات متقابل ژنی و تفسیر آن از طریق محاسبه ضریب رگرسیون  $W_r$  روی  $V_r$  انجام شد. در صورتی که شیب خط رگرسیون، تفاوت معنی‌داری با یک ( $\beta=1$ ) نداشته باشد ولی برای صفات مورد مطالعه با صفر تفاوت معنی‌دار داشته باشند، فرضیات همین برقرار می‌باشد و امکان برآورد پارامترهای ژنتیکی از جمله قابلیت توارث امکان‌پذیر می‌باشد. برای تجزیه دای‌الل و تجزیه گرافیکی از نرم افزار AGD-R (V. 5) (Rodriguez et al., 2015) استفاده شد.

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ساده (جدول ۱) برای نه صفت مورد بررسی نشان داد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود

اثرات غیرافزایشی ژن‌ها تاثیرگذار بود. میانگین درجه غالبیت برای صفات تعداد شاخه فرعی در بوته، تعداد بذر در خورجین، وزن هزار دانه و عملکرد دانه، حاکی از وجود اثر فوق غالبیت بود. همچنین نسبت ژن‌های دارای اثرات مثبت و منفی در والدین برای همه صفات به جز عملکرد دانه، نزدیک یا برابر با مقدار آماری (۰/۲۵) برآورد شد (Chaurasiya et al., 2018). ارزیابی انجام شده روی نه ژنوتیپ کلزا در قالب یک طرح نیمه دای‌الل، بیانگر اهمیت هر دو اثر افزایشی-غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی صفات فنولوژیک شامل تعداد روز تا گلدهی و رسیدگی، عملکرد و اجزای آن بود. برآورد میانگین درجه غالبیت، حاکی از وجود عمل فوق غالبیت برای کلیه صفات به جز تعداد روز تا گلدهی و رسیدگی گیاه و طول خورجین در بوته بود. بنابراین برای افزایش و بهبود این صفات می‌توان از پدیده هتروزیس بهره برد (Farshadfar et al., 2011).

با توجه به اهمیت کلزا، هدف از انجام پژوهش حاضر، برآورد عمل ژن‌ها، وراثت‌پذیری، نحوه توارث و سایر پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات فنولوژیک، مورفولوژیک، عملکرد و اجزای آن در کلزا، به منظور تعیین بهترین روش اصلاحی جهت تولید ترکیب‌های مناسب و تعیین بهترین والد‌ها در برنامه‌های به‌نژادی این گیاه می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

در این پژوهش، هشت ژنوتیپ کلزای پاییزه (SPN-202، SPN-204، SPN-206، SPN-207، SPN-217، SPN-225، SPN-227 و SPN-182) به‌عنوان والدین تلاقی‌ها انتخاب شدند. پس از کاشت ژنوتیپ‌ها در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان، تلاقی‌ها به صورت دای‌الل کامل انجام شد. مواد ژنتیکی بدست آمده (۵۶ نتاج  $F_1$  به همراه هشت والد)، در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در چهار ردیف چهار متری (مساحت هر کرت ۴/۸۰ متر) با فاصله بین ردیف ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بوته روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر با

صفات طول خورجین، تعداد کل خورجین در بوته و وزن هزار دانه معنی‌دار بود؛ بنابراین هتروزیس را می‌توان در این صفات ملاحظه کرد. آماره b2 برای همه صفات معنی‌دار ( $P < 0.01$ ) شد؛ بنابراین توزیع آلل‌های غالب- مغلوب برای این صفات نامتقارن است. آماره b3 که برابر با ترکیب پذیری خصوصی در تجزیه گریفینگ است (Singh & Chaudhary, 2007)، در سطح یک درصد معنی‌دار بود.

برآورد پارامترهای ژنتیکی و شاخص‌های آماری، حاکی از معنی‌دار شدن واریانس افزایشی (D) و همچنین واریانس‌های غالبیت H1 و H2 ( $P < 0.01$ ) برای صفات طول خورجین، تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته و وزن هزار دانه بود (جدول ۴) که بیانگر نقش همزمان اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل این صفات می‌باشد؛ درحالی‌که نقش اثرات غیرافزایشی ژن‌ها در صفات مورد مطالعه، بیشتر از اثر افزایشی ژن‌ها می‌باشد. نتایج دیگری از یک بررسی دای آلل  $10 \times 10$  بر روی گیاه خردل (*Brassica juncea* L) نیز نشان داد که اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها به‌طور مشترک در توارث صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا شروع خورجین‌بندی، ارتفاع گیاه، طول خورجین و تعداد کل شاخه‌های هر بوته دخالت دارند، اما سهم اثرات غیرافزایشی برای صفات تعداد روز تا شروع خورجین‌بندی، ارتفاع گیاه، طول خورجین و تعداد کل خورجین در بوته بیشتر بود (Shrimali et al., 2017).

مقدار برآورد شده آماره F (میانگین کوواریانس اثر افزایشی و غالبیت) در صفات مورد بررسی در سطح یک درصد معنی‌دار بود. این به معنی عدم تساوی فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین است. از سویی، علامت این پارامتر برای تمامی صفات مورد مطالعه مثبت بود؛ بنابراین نتیجه‌گیری می‌شود که آلل‌های غالب صرف نظر از مثبت یا منفی بودن در بین والدین فراوانی بیشتری دارند.

( $P < 0.01$ )؛ بنابراین انجام تجزیه‌ها و برآورد خصوصیات ژنتیکی به روش دای‌الل امکان‌پذیر بود. ضریب تغییرات (C.V) برای صفات از ۱/۶۵ تا ۱۰/۳۱ متفاوت بود که نشان‌دهنده وجود دقت کافی در اجرای پژوهش می‌باشد.

برای بررسی برقراری فرضیات دای‌الل هیمن، در ابتدا آزمون مقایسه میانگین مربعات  $W_T - V_T$  انجام شد (جدول ۲) که تنها برای صفات تعداد روز از تاریخ سبز شدن تا پایان گلدهی، طول خورجین، تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته و وزن هزار دانه معنی‌دار نشد. از سویی، تجزیه دای‌الل هیمن زمانی معتبر و از استنباط درستی برخوردار است که ضریب رگرسیون  $W_T$  روی  $V_T$  به ترتیب واجد و فاقد اختلاف معنی‌دار با صفر و یک باشد؛ بنابراین در آزمون ضریب رگرسیون برای هیچ یک از صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌دار از یک مشاهده نشد. اما برای آزمون تفاوت معنی‌دار از صفر، تنها برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته، وزن هزار دانه و طول خورجین معنی‌داری مشاهده شد. بنابراین برقراری فرضیات هیمن- جینکز برای تجزیه دای‌الل که عدم وجود اثر متقابل غیر آلی کنترل‌کننده صفات در والدین مورد تلاقی است، تنها برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته، طول خورجین و وزن هزار دانه تایید شد. بنابراین می‌توان تجزیه و تحلیل پارامترهای ژنتیکی و گرافیکی دای‌الل را به‌طور کامل برای این صفات انجام داد.

نتایج تجزیه واریانس هیمن برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته، طول خورجین و وزن هزار دانه در جدول ۳ آمده است. در این جدول، پارامترهای a و b که برآوردی از ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی می‌باشند و به ترتیب دلالت بر تنوع ناشی از عمل ژن‌ها با اثرهای افزایشی و غالبیت دارند، برای تمام صفات مورد مطالعه در سطح یک درصد معنی‌دار بودند. شاخص b1 که مقایسه بین میانگین دورگ‌های  $F_1$  و متوسط والدین را تعیین می‌کند و نشان‌دهنده غالبیت یکطرفه می‌باشد، برای

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات فنولوژیک، مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد کلزا.

Table 1. Variance analysis of phenological and morphological traits, yield and yield components of rapeseed.

S.O.V	df	Days to Flower Termination from Emergence Date	Plant Height (CM)	No. Lateral Branches	Podding Height (CM)	Pod Length (CM)	No. Pod per Lateral Branches	No. Pods per Plant	1000 Grain Weight (gr.)	Yield (kg/ha)
Replication	2	133.85 **	677.83 **	0.72 <sup>ns</sup>	549.35 **	10.29 **	2866.68**	3200.67**	0.03 <sup>ns</sup>	99781.84*
Genotypes	63	88.43 **	844.23 **	4.22 **	884.67 **	7.33**	25563.3**	25548.2 **	1.22**	419469.47 **
C.V	-	1.81	1.65	10.31	2.49	7.23	8.99	6.34	6.54	6.39
R <sup>2</sup>	-	0.88	0.98	0.87	0.98	0.92	0.97	0.97	0.89	0.89
Error	126	5.91	7.24	0.29	4.60	0.32	344.28.4	337.27	0.07	25002.70

ns, \* and \*\*: Non-significant and significant at 5% and 1% of probability levels, respectively. درصد. به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

جدول ۲- بررسی فرضیات دای الی به روش هیمن برای صفات فنولوژیک، مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های کلزا.

Table 2. Evaluation of diallel hypothesis using Hayman method of phenological and morphological traits, yield and its components in rapeseed genotypes.

Parameters	Days to Flower Termination from Emergence Date	Plant Height (CM)	No. Lateral Branches	Podding Height (CM)	Pod Length (CM)	No. Pod per Lateral Branches	No. Pods per Plant	1000 Grain Weight (gr.)	Yield (kg/ha)
b (Wr, Vr) ± sb	0.522±0.504	0.497±0.222	0.70±0.34	0.209±0.368	0.843±0.317	0.88±0.24	0.802±0.255	1.082±0.158	0.780±0.330
H <sub>0</sub> : β = 0	1.037 <sup>ns</sup>	2.235 <sup>ns</sup>	2.062 <sup>ns</sup>	0.569 <sup>ns</sup>	2.663*	3.636*	3.13*	6.828**	2.361 <sup>ns</sup>
H <sub>0</sub> : β = 1	0.948 <sup>ns</sup>	2.261 <sup>ns</sup>	0.872 <sup>ns</sup>	2.151 <sup>ns</sup>	0.496 <sup>ns</sup>	0.48 <sup>ns</sup>	0.773 <sup>ns</sup>	-0.519 <sup>ns</sup>	0.667 <sup>ns</sup>
Vr	30046.65**	737655.10**	3.84**	146074.16**	6.17*	96826228.30 <sup>ns</sup>	96752860.5 *	0.32**	82708639468 **
Wr	7362.90**	226662.04**	4.24**	38522.08**	1.87**	63727375.5*	40467612.1 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	23073154401 **
Wr+Vr	63291.12**	1650905.52**	14.28**	245153.50**	11.45**	290745132.3*	221501254.5 <sup>ns</sup>	0.44**	146375598763 **
Wr-Vr	8838.07 <sup>ns</sup>	199286.21**	1.75**	130029.93**	4.03 <sup>ns</sup>	28943983.6 <sup>ns</sup>	53415299.6 <sup>ns</sup>	0.24 <sup>ns</sup>	70744123996**

ns, \* and \*\*: Non-significant and significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

ns, \* and \*\*: Non-significant and significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

بود که بیانگر سهم اثرات محیطی در بروز صفات مذکور است. جزء  $h^2$  که شامل مجموع انحراف غالبیت بر روی تمام مکان‌های ژنی در فاز هتروزیگوت در تمام تلاقی‌ها است، تنها در صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی و تعداد کل خورجین در بوته معنی‌دار بود که نشان‌دهنده جهت دار بودن غالبیت برای این صفات می‌باشد.

در مطالعه‌ای دیگر بر روی هفت ژنوتیپ خردل (*Brassica juncea* L.)، مقادیر مثبت و معنی‌داری از آماره F برای صفات تعداد روز تا گلدهی، وزن هزار دانه، ارتفاع گیاه، تعداد خورجین در بوته گزارش شد (Kumar *et al.*, 2017) که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت. پارامتر واریانس محیطی E برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته و وزن هزار دانه در سطح یک درصد معنی‌داری

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های کلزا بر اساس روش هیمن

Table 3. Variance analysis of phonological and morphological traits, yield and its components in rapeseed genotypes based on Hayman method.

S.O.V	df	Pod Length (CM)	No. Pod per Lateral Branches	No. Pods per Plant	1000 Grain Weight (gr.)
a	7	14.42**	51320.9**	52992.04**	1.26**
b	28	4.99**	21609.5**	21702.7**	1.21**
b1	1	3.40**	988.5 <sup>ns</sup>	2993.18*	0.86**
b2	7	5.96**	33104.2**	35488.12**	1.94**
b3	20	4.73**	18617.4**	19236.63**	0.97**

ns, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

ns, \* and \*\*: Non-significant and significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

جدول ۴- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد در کلزا با استفاده از روش هیمن - جینکز.

Table 4. Estimation of genetic parameters of phonological and morphological traits, yield and its components in Rapeseed using Hayman- Jinks method.

Genetic parameters	Pod Length (CM)	No. Pod per Lateral Branches	No. Pods per Plant	Grain Weight (gr.) 1000
D	3.26**	18175.7**	17904.9**	9.78**
H1	3.93**	22309.9**	21937.59**	8.68**
H2	2.68*	14135.4**	13963.71**	6.05**
F	3.39**	22107.3**	21525.8**	6.8**
E	0.32	135.5**	252.36**	4.13**
h2	0.35	84.9**	429.95**	1.27
$\sqrt{(H_1/D)}$	1.10	1.1	1.1	1.43
$H_2/4H_1$	0.17	0.158	0.159	0.15
$h2/H2$	0.13	0.006	0.03	0.2
$R[Yr, (Wr+Vr)]$	0.84	0.67	0.52	0.93
$h^2b$	0.79	0.97	0.95	0.74
$h^2n$	0.36	0.36	0.37	0.15

\* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

\* and \*\*: Significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

میانگین درجه غالبیت برای صفت عملکرد دانه و اجزای عملکرد، بیش از یک گزارش شد که نشان‌دهنده نقش اثرات فوق غالبیت ژن‌ها می‌باشد (Jamshidmoghaddam *et al.*, 2018)؛ نتایج به دست آمده با نتایج این تحقیق که در بررسی‌های ژنتیکی نقش اثرات غیرافزایشی ژن‌ها را مهم‌تر می‌داند، مطابقت داشت.

میانگین درجه غالبیت برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی، تعداد کل خورجین در بوته و طول خورجین حدود یک برآورد شد که غالبیت کامل برای ژن‌های کنترل‌کننده صفات را نشان می‌دهد ولی برای صفت وزن هزار دانه بیشتر از یک بود (۱/۴۳) که مبین وجود فوق غالبیت می‌باشد (جدول ۳). در مطالعه‌ای بر روی کلزا تحت شرایط تنش خشکی و عدم تنش،

ژن‌ها حاکم است.

موقعیت  $V_r$  و  $W_r$  بر روی خط رگرسیون، حاکی از سهم نسبی ژن‌های غالب و مغلوب در والدین می‌باشد. والدینی که ژن‌های غالب بیشتری دارند، دارای نقاطی نزدیک به مبدا مختصات می‌باشند؛ والدینی که ژن‌های مغلوب بیشتری دارند، دارای نقاطی دور از مبدا مختصات هستند و والدینی که فراوانی ژن‌های غالب و مغلوب در آن‌ها برابر است، در وسط قرار می‌گیرند. (Sadeghi, 2014). بنابراین پراکنش والدها در اطراف خط رگرسیون برای چهار خصوصیت مورد بررسی نشان داد که به دلیل نزدیک بودن به مبدا مختصات، والدین شماره دو و هفت برای صفت طول خورجین، والد شماره شش برای تعداد خورجین در شاخه فرعی و تعداد کل خورجین در بوته و والدین شماره دو و چهار برای صفت وزن هزار دانه بیشترین آلل مغلوب دارا بودند (شکل ۱). درحالی‌که بیشترین آلل مغلوب برای صفت طول خورجین در والدین شماره هشت و چهار، تعداد کل خورجین و خورجین در شاخه فرعی در والد شماره یک، و صفت وزن هزار دانه در والد شماره سه مشاهده شد؛ سایر والدین دارای مقادیر مساوی از آلل‌های غالب و مغلوب بودند. بنابراین با توجه به توزیع والدین، چنانچه صفتی در حالت مغلوب مورد توجه و اهمیت باشد، از والدینی با حداکثر آلل مغلوب در انتقال این صفت استفاده می‌شود و بالعکس ارقام با آلل‌های غالب، نقش بسیار مهمی در کنترل صفات دارای غالبیت مطلوب دارند.

### نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج به‌دست آمده، صفات فنولوژیک و مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد، توسط آثار توام افزایشی و غیرافزایشی کنترل می‌شوند، اما مقادیر بالای متوسط درجه غالبیت، بیانگر سهم بالای اثرات غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد. از سویی مقادیر کم وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات مورد بررسی به‌خصوص وزن هزار دانه نیز تایید کننده این است که قسمت اعظم تنوع ژنتیکی صفات مورد مطالعه را واریانس غیرافزایشی (غالبیت یا اپیستازی) تشکیل می‌دهد که این امر، علت اصلی بالا بودن

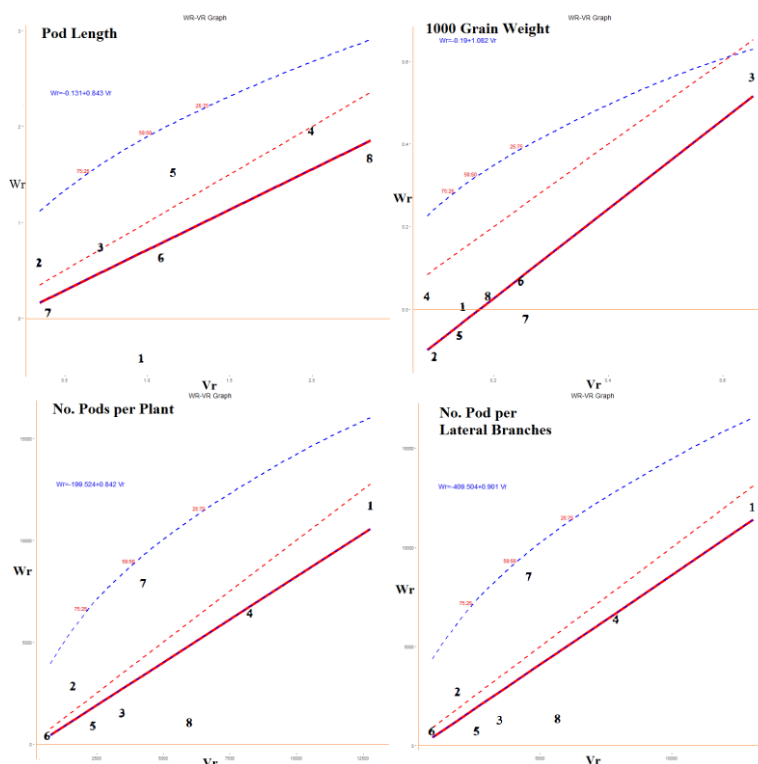
مقدار شاخص  $H_2/4H_1$  (تقارن فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب) از حدود  $0/17$  برای طول خورجین تا  $0/15$  برای وزن هزار دانه متغییر بود. کمتر بودن این شاخص از  $0/25$ ، نشان‌دهنده عدم تقارن فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در تمامی مکان‌های ژنی در والدین برای صفات مورد بررسی است. جزء  $h^2/H_2$  برای هیچ یک از صفات نزدیک به واحد نبود که این امر حاکی از آن است که حداقل یک ژن یا یک گروه ژنی غالب در کنترل این صفات دخالت نداشته است. همبستگی بین مقدار والدینی ( $Y_r$ ) و ردیف والدین غالبیت ( $W_r+V_r$ ) برای هر چهار صفت مورد ارزیابی، مثبت بود که مبین آن است که افزایش صفات مذکور با آلل‌های مغلوب کنترل می‌شوند.

میزان وراثت‌پذیری عمومی ( $h^2b$ ) از  $0/74$  برای وزن هزار دانه تا  $0/97$  برای تعداد خورجین در شاخه فرعی متغییر بود. این میزان نسبتاً بالا، بیانگر نقش نسبتاً بالای واریانس ژنتیکی در کنترل ژنتیکی صفات مورد بررسی است. همچنین میزان وراثت‌پذیری خصوصی ( $h^2n$ ) که مبین سهم واریانس افزایشی در کنترل صفات است، از  $0/15$  برای وزن هزار دانه تا  $0/37$  برای صفت کل خورجین در بوته متغییر بود.

Jinks & Hayman (1953) بیان کردند که در غیاب اپیستازی و توزیع مستقل ژن‌ها در بین والدین، نمودار رگرسیونی-کوواریانس والد نتاج ( $W_r$ ) و واریانس ( $V_r$ ) و نحوه پراکنش والدها در اطراف این خط، ابزار مناسبی را جهت ارزیابی روابط ژنتیکی در میان والدین و نحوه عمل ژن‌ها ارائه می‌دهد. خط رگرسیون در صفت وزن هزار دانه، محور  $W_r$  را در بخش منفی قطع کرد که نشان‌دهنده وجود اثر فوق غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفات می‌باشد (شکل ۱). در صفات تعداد کل خورجین در بوته و تعداد خورجین در شاخه فرعی، خط رگرسیون محور  $W_r$  را در مبدا مختصات قطع کرد که بیانگر غالبیت کامل برای این صفات می‌باشد. نتایج تحلیل گرافیکی عمل ژن با نتایج پارامتر میانگین درجه غالبیت برای صفت مذکور مطابقت داشت، اما برای صفت طول خورجین خط رگرسیون محور  $W_r$  را در بخش مثبت قطع نمود که بیان کننده این است که در ارتباط با این صفات اثر غلبه نسبی

دو در صفات وزن هزار دانه و طول خورجین و برای والد شماره شش در صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی و تعداد کل خورجین در بوته، مبین وفور اثرات ژنی غالب بود. همچنین حضور اثرات ژنی مغلوب برای صفات تعداد خورجین در شاخه فرعی و تعداد کل خورجین در بوته در والد شماره یک، نسبت به سایر والدین بیشتر بود؛ بنابراین والدین شماره یک، دو و شش می‌توانند بهترین والدها در جهت کنترل صفات نامبرده باشند.

میزان وراثت‌پذیری عمومی این صفات می‌باشد. بنابراین برتری اثرات غیرافزایشی در کنترل صفات فوق، سبب افزایش قدرت دورگ‌ها ( $F_1$ ) و در نتیجه به تعویق انداختن انتخاب به نسل‌های بعد می‌شود که در راستای استفاده از این نوع عمل ژن می‌توان از دورگه-گیری و انتخاب دوره‌ای جهت تجمع ژن‌های مطلوب استفاده نمود. این نتیجه توسط محققین دیگر (Mohammadi *et al.*, 2011; Quahir *et al.*, 2017; Gul *et al.*, 2019) نیز گزارش شده است. پراکنش والدین در امتداد طول خط رگرسیون برای والد شماره



شکل ۱- خط رگرسیون  $W_r$  بر روی  $V_r$  و پراکنش والدین در اطراف خط رگرسیون. (والدین: ۱- SPN-202 ۲- SPN-204 ۳- SPN-206 ۴- SPN-207 ۵- SPN-217 ۶- SPN-225 ۷- SPN-227 ۸- SPN-182).

Figure 1.  $W_r$  on  $V_r$  regression line and distribution of parents around the regression line. (Parents: 1- SPN-202 2- SPN-204 3- SPN-206 4- SPN-207 5- SPN-217 6- SPN-225 7- SPN-227 8- SPN-182).

به‌منظور تامین امکانات برای اجرای این پژوهش تشکر و قدردانی می‌شود.

### سپاسگزاری

از همکاری بی‌بدیغ مسئولین مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان



## REFERENCES

1. Abdi, H. & Fotokian, M.H. (2018). Graphical analysis of grain yield and its components in some bread wheat cultivars by diallel -Hayman method. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 48(4), 913-922. (In Persian)
2. Ashish, A. Chauhan, M. P., Verma, S. P. & Mishra, S. (2019). Assessing gene action for yield and its contributing traits in indian mustard (*Brassica juncea L.*) under timely and late sown conditions. *Journal of AgriSearch*, 6, 50-53.
3. Chaurasiya, J. P., Singh, M., Yadav, R. K., Singh, L. & Yadav, H. C. (2018). Genetic analysis for estimates components of genetic variance in Indian mustard (*Brassica juncea L.*) Czern & Coss). *The Pharma Innovation Journal*, 7(2), 104-7.
4. FAOSTAT .Food and Agriculture Organization of the United Nations . 2019. Database - crops production. Available at: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> (Accessed December 22, 2020).
5. Farhangfar, S., Bannayan, M., Khazaei, H. R. & Mousavi Baygi, M. (2017). Evaluating canola yield under arid and climate change conditions. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 15(2), 355-367. (In Persian)
6. Farshadfar, E. A., Karuni, M., Pourdard, S., Zarei, L. & Jamshid Moghaddam, M. (2011). Genetic analysis of a number of physiological, phenological and morphological traits of rapeseed (*Brassica napus L.*) genotypes using diallel method. *Iranian Journal of Crop Sciences* , 42 (3), 627-647. (In Persian)
7. Gul, S., Uddin, R., Ullah Khan, N., Ullah Khan, Sh., Ali, S., Ali, N., Sayyar khan, M., Ibrahim, M., Goher, R., Saeed, M. & Hussain, D. (2019). Heterotic response and combining ability analysis in f1 diallel populations of (*Brassica napus l.*) *Pakistan Journal of Botany*, 51(6), 2129-2141.
8. Hayman, B. I. (1954). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10, 235-244
9. Ishaq, M., Razi, R. & Khan, S. A. (2017). Exploring genotypic variations for improved oil content and healthy fatty acids composition in rapeseed (*Brassica napus L.*). *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 97(6), 1924-1930.
10. Jamshidmoghaddam, M. Farshadfar, E. A. & Najafi, A. (2018). Genetic analysis of agronomic and physiological characteristics in rapeseed (*Brassica napus L.*) under drought stress and non-stress conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*, 34(1), 15-36. (In Persian)
11. Jinks, J. L. & Hayman, B. I. (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics*, 43, 223-234.
12. Khahani, B., Bihamta, M. R. & Naserian, B. (2018). Estimation of general and specific combining abilities of morphological traits and grain yield in bread wheat. *Journal of Crop Breeding*, 10(25), 53-62. (In Persian)
13. Kumar, R., Singh, M. & Tomar, A. (2017). Genetic analysis for estimates components of genetic variance in indian mustard (*Brassica juncea L.*) Czern and Coss). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 6(1), 352-355.
14. Mohammadi, V., Arabnejad, A., Zeynali, H., Hosseinzade, A. & Oghan, H. A. (2011). Gene action and combining ability of important agronomic traits in rapeseed (*Brassica napus L.*). *Iranian Journal of Field Crop Science*, 42(1), 41-51. (In Persian)
15. Quahir, S., Hafsa, N. & Khan, N. (2017). Genetic analysis for yield and yield components in rapeseed. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 4(4), 376-384.
16. Rodríguez, F., Alvarado, G., Pacheco, Á., Crossa, J. & Burgueño, J. (2015). AGD-R (Analysis of genetic designs with R for Windows) version 4.0. *International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT)*.
17. Sadeghi, F. (2014). Evaluation of genetic structure of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum L.*) using diallel method. *Journal of Crop Breeding*, 6(13), 101-113. (In Persian)
18. Shrimali, T. M., Chauhan R. M. & Gami, R. A. (2017). Components of genetic variation and graphical analysis (Wr-Vr) in indian mustard (*Brassica juncea L. Czern & Coss.*). *International Journal of Current Microbiology and Applied*, 6(2), 535-545.
19. Singh, R. K. & Chaudhary, B. D. (2007). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis* (3th ed.). Kalyani Publishers.
20. Xing, N., Fan, C. & Zhou, Y. (2014). Parental selection of hybrid breeding based on maternal and paternal inheritance of traits in rapeseed (*Brassica napus L.*). *Plos One*, 9(7), 1-9.
- Zhao, Y., Li, Z., Liu, G., Jiang, Y., Peter Maurer, H., Würschum, T., Mock, H. P., Matros, A., Ebmeyer, E., Schachschneider, R., Kazman, E., Schacht, J., Gowda, M., Longin, C. F. H. & Reif, J. C. (2015). Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(51), 15624-15629